



Pressemitteilung

Proteine mit verschiedener Evolutionsgeschichte erweisen sich als funktionsgleich

Wissenschaftler der Universität Tübingen entdecken Beispiel einer konvergenten Evolution bei Mitochondrien von Pilzen und parasitischen Einzellern

Dr. Karl Guido Rijkhoek
Leiter

Janna Eberhardt
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

www.uni-tuebingen.de/aktuell

Tübingen, den 21.06.2018

Mitochondrien sind lebenswichtige Organellen der Zellen mit Zellkern, der sogenannten eukaryotischen Zellen, aus denen Pilze, Pflanzen und Tiere wie auch der Mensch aufgebaut sind. Sie werden auch als Kraftwerke bezeichnet, da sie dem Organismus die aus dem Nahrungsabbau freiwerdende Energie bereitstellen. Sie haben jedoch eine Vielzahl an weiteren Funktionen, die die Arbeitsgruppe von Professor Doron Rapaport vom Interfakultären Institut für Biochemie der Universität Tübingen erforscht. Fast alle mitochondrialen Proteine sind im Zellkern kodiert und müssen nach der Herstellung im Cytosol in die Mitochondrien importiert werden. Aus Pilzen ist ein Proteinkomplex in der äußeren Mitochondrienmembran bekannt, der das Zusammenfügen von Proteinen in der Außenmembran bewerkstelligt. Bisher war jedoch unklar, welche Proteine diese Aufgabe in anderen eukaryotischen Zellen übernehmen. In einer neuen Studie haben die Tübinger Wissenschaftler den entsprechenden Proteinkomplex in einem parasitischen Einzeller entdeckt und sind dabei auf ein Beispiel konvergenter Evolution gestoßen. Davon sprechen Wissenschaftler, wenn Merkmale, Moleküle oder Organe verschiedener Arten sehr ähnlich sind, sich jedoch in der Stammesgeschichte unabhängig voneinander ausgebildet haben. Die Studie wird in der Fachzeitschrift *eLife* veröffentlicht.

Die Tübinger Forscher verwendeten bei ihren Experimenten Hefepilze und Trypanosomen, das sind tierische Einzeller, die als Parasiten in Wirbeltieren und als Krankheitserreger zum Beispiel der Schlafkrankheit beim Menschen bekannt sind. Dass sich der Proteinkomplex Mim1/Mim2 aus Hefe und pATOM36 aus Trypanosomen entsprechen, bewiesen die Forscher durch wechselseitigen Tausch: „Diese Proteinkomplexe ähneln sich weder in ihrer Zusammensetzung aus verschiedenen Aminosäurebausteinen noch in deren räumlicher Anordnung“, berichtet Rapaport. „Doch kann pATOM36 fast alle Funktionen wiederherstellen, die Hefezel-

len ohne Mim1/2 fehlen.“ In Zusammenarbeit mit der Gruppe von Professor André Schneider von der Universität Bern konnte gezeigt werden, dass dies auch umgekehrt funktioniert: Wenn bei Trypanosomen pATOM36 fehlt, kann es der Mim1/Mim2-Komplex ersetzen. Die Studienergebnisse legen außerdem nahe, dass keine weiteren Proteine zu diesem Transportkomplex in der äußeren Mitochondrienmembran gehören.

„Mim und pATOM36 sind die Produkte einer konvergenten Evolution. Sie entstanden erst, nachdem sich die Vorfahren der Pilze und Trypanosomen in verschiedene Entwicklungslinien aufgeteilt hatten“, sagt Rapaport. Nun sei der Weg für weitere Vergleichsstudien eröffnet, um die gemeinsamen Grundstrukturen und die Funktion der beiden Proteinkomplexe zu erfassen, die sich über verschiedene Wege, aber mit gleichem Ergebnis herausgebildet haben. Die nächste größere Herausforderung ist die Identifikation des Proteinkomplexes, der diese Funktion in höheren Organismen – vor allem beim Menschen – übernimmt.

Publikation:

Daniela Vitali, Sandro Käser, Antonia Kolb, Kai S Dimmer, Andre Schneider, Doron Rapaport: Independent evolution of functionally exchangeable mitochondrial outer membrane import complexes. *eLife*, 2018;7:e34488. DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.34488>

Weiterer Artikel zur Bedeutung der Forschungsergebnisse: <https://elifesciences.org/articles/38209>

Kontakt:

Prof. Dr. Doron Rapaport
Universität Tübingen
Interfakultäres Institut für Biochemie
Telefon +49 7071 29-74184
[doron.rapaport\[at\]uni-tuebingen.de](mailto:doron.rapaport[at]uni-tuebingen.de)