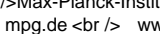




Zelluläre Abfallentsorgung mit Relevanz für neurodegenerative Krankheiten

Zelluläre Abfallentsorgung mit Relevanz für neurodegenerative Krankheiten Proteine - die Komponenten unseres Körpers, die den Großteil der Funktionen in unseren Zellen ausführen, steuern oder organisieren - sind aus Ketten von aneinandergereihten Aminosäuren aufgebaut. Entsprechend ihrer Funktion werden sie wie bei einem Origami in spezifische und komplexe dreidimensionale Strukturen gefaltet. Da Proteinfaltung und Erhaltung dieser Strukturen höchst störanfällig sind, können Proteine falsch gefaltet werden oder sogar Klumpen (Aggregate) bilden. Solch unerwünschter Proteinmüll kann in Zellen toxisch wirken und sogar zum Zelltod führen. Viele neurodegenerative Krankheiten sind dadurch charakterisiert, dass in neuronalen Zellen von entsprechenden Patienten falsch gefaltete Proteine oder Aggregate akkumulieren. Um neue Strategien für eine mögliche Prävention oder Heilung dieser Krankheiten entwickeln zu können, ist es notwendig, genau zu verstehen, wie Zellen ihren toxischen Müll entsorgen. Wissenschaftler aus dem Labor von Stefan Jentsch am Max-Planck Institut für Biochemie haben jetzt erfolgreich die Bäckerhefe eingesetzt, um neue Müllentsorgungswege zu entdecken. Kefeng Lu, ein Wissenschaftler der Arbeitsgruppe, hat eine neue Klasse von Helferproteinen (CUET Proteine) entdeckt, die in der Hefe und im Menschen vorkommen und zellulären Müll erkennen, der mit dem Proteinetikett Ubiquitin markiert ist. Diese neu entdeckten Helferproteine geleiten den zellulären Abfall durch einen bestimmten Transportweg namens Autophagozytose (wörtlich "sich selbst verdauen") zu den Lysosomen. Die Max-Planck-Forscher konnten auch zeigen, dass ein toxisches Protein, das der abnormalen Form des Proteins "Huntingtin" der Chorea Huntington-Patienten sehr ähnlich ist, durch den neu entdeckten Abbauweg effektiv entsorgt wird. Der Abbauweg ist für aggregat-bildende Proteine wie Huntingtin anscheinend hochspezifisch und scheint sogar effektiver als zuvor beschriebene Mechanismen zu sein. Da der neu gefundene Abbauweg auch in der Hefe aktiv ist, wollen die Forscher jetzt die experimentellen Möglichkeiten dieses Modellorganismus voll ausschöpfen, um den Mechanismus weiter zu untersuchen. Eine detaillierte Analyse ist entscheidend, um zu verstehen, wie Proteinverklumpungen zu Erkrankungen führen und um neue Konzepte zur Vorbeugung zu entwickeln. Originalpublikation: K. Lu, I. Psakhye and S. Jentsch: Autophagic clearance of polyQ proteins mediated by the conserved CUET protein family. Cell, July 17, 2014. DOI: 10.1016/j.cell.2014.05.048 Kontakt: Prof. Dr. Stefan Jentsch Molekulare Zellbiologie Max-Planck-Institut für Biochemie Am Klopferspitz 18 82152 Martinsried E-Mail: jentsch@biochem.mpg.de www.biochem.mpg.de/jentsch Anja Korschak Öffentlichkeitsarbeit Max-Planck-Institut für Biochemie Am Klopferspitz 18 82152 Martinsried Tel. +49 89 8578-2824 E-Mail: korschak@biochem.mpg.de www.biochem.mpg.de/news 

Pressekontakt

Max-Planck-Institut für Biochemie

82152 Martinsried

jentsch@biochem.mpg.de

Firmenkontakt

Max-Planck-Institut für Biochemie

82152 Martinsried

jentsch@biochem.mpg.de

Proteine sind die molekularen Bausteine und Motoren der Zelle und an fast allen Lebensprozessen beteiligt. Die Wissenschaftler am Max-Planck-Institut für Biochemie (MPIB) untersuchen die Struktur und Funktion von Proteinen von einzelnen Molekülen bis hin zu komplexen Organismen. Mit ungefähr 850 Mitarbeitern aus 45 verschiedenen Nationen ist das MPIB eines der größten Institute innerhalb der Max-Planck-Gesellschaft. In derzeit acht Abteilungen und rund 25 Forschungsgruppen tragen die Wissenschaftler zu den neuesten Erkenntnissen in den Bereichen Biochemie, Zellbiologie, Strukturbiologie, Biophysik und Molekularwissenschaft bei. Bei ihrer Arbeit werden sie von verschiedenen wissenschaftlichen, administrativen und technischen Serviceeinrichtungen unterstützt.