



Pressemitteilung, 28. Januar 2013

Anja Konschak
Öffentlichkeitsarbeit

Tel: +49 (0) 89 8578-2824
Fax: +49 (0) 89 8578-2943
konschak@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de

Was Chromosomen im Innersten zusammenhält

Max-Planck-Forscher klären Struktur von DNA-Verpackungsproteinen auf

Damit die Erbinformation während der Zellteilung passgenau auf die beiden Tochterzellen verteilt werden kann, müssen die DNA-Fäden geordnet und eng verpackt vorliegen. Am Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried bei München haben Wissenschaftler jetzt den Aufbau eines ringförmigen Proteinkomplexes (SMC-Kleisin) entschlüsselt, der für Ordnung bei diesem Verpackungsvorgang sorgt. Gemeinsam mit ihren Kooperationspartnern des Korea Advanced Institute of Science and Technology untersuchten sie die Proteine in Bakterien und fanden dabei strukturelle Ähnlichkeiten mit dem menschlichen Komplex. Die Ergebnisse wurden jetzt im Fachjournal *Nature Structural & Molecular Biology* veröffentlicht.

In jeder Zelle müssen etwa zwei Meter DNA in einem Zellkern untergebracht werden, der nur einen Durchmesser von wenigen Tausendstel Millimetern hat. Die DNA ist darin in einzelnen Chromosomen organisiert, die als sehr lange Fäden vorliegen. Werden sie bei der Teilung der Zelle nicht gleichmäßig auf die Tochterzellen aufgeteilt, können Krebs oder Erbdefekte wie zum Beispiel Trisomie 21 entstehen. Um daher für einen sicheren Transport der DNA bei der Zellteilung zu sorgen, müssen die langen und verknäulten DNA-Fäden dicht verpackt werden.

Dieser Schritt ist bisher nur in groben Ansätzen verstanden. Eine Schlüsselrolle spielen hierbei die SMC-Kleisin-Proteinkomplexe, die aus zwei Proteinarmen (SMC) und einem Bindeglied (Kleisin) bestehen. Die Arme legen sich wie ein Ring um die DNA und können so verdoppelte Chromosomen oder zwei entfernte Teile desselben Chromosoms miteinander verknüpfen.

Von Bakterien lernen

Diese Methode der DNA-Verpackung nutzen auch einfache Organismen wie Bakterien. Wissenschaftler um Gruppenleiter Stephan Gruber konnten jetzt in Zusammenarbeit mit ihren Kollegen aus Südkorea den Aufbau eines Vorläufers der menschlichen SMC-Kleisin-Komplexe aus dem Bakterium *Bacillus subtilis* aufklären. Sie konnten zeigen, dass der bakterielle SMC-Kleisin-Komplex zwei Arme aus identischen SMC-Proteinen besitzt, die einen Ring bilden. Die Arme unterscheiden sich in ihrer Funktion erst durch die verschiedenen Enden des Kleisin-Proteins, mit dem sie verknüpft sind.

Auch im Menschen ist die DNA-Verpackungsmaschinerie ähnlich organisiert. „Wir vermuten, dass dieser asymmetrische Aufbau eine wichtige Rolle beim Öffnen und Schließen des Rings um die DNA spielt“, erklärt Frank Bürmann, Doktorand in der Gruppe „Chromosomale Organisation und Dynamik“. Die Wissenschaftler fanden zudem heraus, wie die Enden des



Kleisins zwischen korrekten und falschen Bindungsstellen auf einem Armpaar unterscheiden können.

Der Zusammenhalt von Chromosomen ist auch bei der Fortpflanzung von entscheidender Bedeutung. In menschlichen Eizellen muss er über Jahrzehnte bestehen bleiben, damit die Reifeteilung der Eizelle fehlerfrei erfolgen kann. Versagt der Zusammenhalt, ist dies eine wahrscheinliche Ursache für Altersunfruchtbarkeit oder das Auftreten von Erbdefekten wie Trisomie 21. „Die Aufklärung der Struktur der SMC-Kleisin Proteinkomplexe ist ein wichtiger Meilenstein, um die komplizierte Organisation der Chromosomen zu verstehen“, sagt Stephan Gruber. [VS]

Originalpublikation

F. Bürmann, H.-C. Shin, J. Basquin, Y.-M. Soh, V. Gimenez-Oya, Y.-G. Kim, B.-H. Oh and S. Gruber: An Asymmetric SMC-Kleisin Bridge in Prokaryotic Condensin, *Nature Structural & Molecular Biology*, January 27, 2013.

Kontakt

Dr. Stephan Gruber
Chromosomale Organisation und Dynamik
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
E-Mail: sgruber@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de/gruber

Anja Konschak
Öffentlichkeitsarbeit
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Tel.: +49 (0) 89 8578-2824
E-Mail: konschak@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de