

3. März 2021

## Neue Erkenntnisse zum Replikations- und Transkriptionskomplex von Coronaviren

*Ergebnisse im renommierten Journal Science Advances erschienen*

Hamburg. In einer Studie des Heinrich-Pette-Instituts, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) wurde mittels eines massenspektrometrischen Ansatzes der Replikations- und Transkriptionskomplex (RTC) von Coronaviren näher charakterisiert. Im Mittelpunkt der Untersuchungen standen dabei die regulatorischen Proteine nsp7 und nsp8 und deren unterschiedliche Komplexbildung in verschiedenen Alpha- und Betacoronaviren. Die Studien-Ergebnisse sind nun im renommierten Journal *Science Advances* erschienen.

Die beiden nicht strukturellen Coronavirus-Proteine nsp7 und nsp8 interagieren mit der RNA-abhängigen RNA-Polymerase und anderen Enzymen im Replikations- und Transkriptionskomplex und regulieren diese. Die strukturelle Plastizität des nsp7+8-Komplexes in verschiedenen Coronaviren wird jedoch noch diskutiert.

Basierend auf Methoden der nativen Massenspektrometrie sowie komplementären biophysikalischen Techniken präsentiert das Forschungsteam um HPI-Nachwuchsgruppenleiterin Dr. Charlotte Uetrecht in der aktuellen Publikation nun die spezifischen Merkmale der nsp7+8-Komplex-Stöchiometrie und -Topologie. Analysiert wurden nsp7+8-Komplexe aus insgesamt sieben unterschiedlichen Coronaviren der Gattungen Alpha- und Betacoronavirus, einschließlich SARS-CoV-2.

Die Ergebnisse zeigen, dass sich die nsp7+8-Komplexe der unterschiedlichen Coronaviren in drei Gruppen einteilen lassen: „Sie bilden entweder Heterotrimere, Heterotetramere oder beides und weisen unterschiedliche Topologien auf. Darüber hinaus werden selbst bei hohen Proteinkonzentrationen hauptsächlich Heterotetramere für SARS-CoV-2 nsp7+8 beobachtet“, erklärt Dr. Charlotte Uetrecht.

Durch den Vergleich der verschiedenen Strukturen, konnte das Forschungsteam zudem die Aminosäuren identifizieren, welche die Zuordnung in diese drei Gruppen festlegen.

„Zusammenfassend zeigen unsere Ergebnisse die charakteristische Verteilung der nsp7+8-Komplexe in repräsentativen Alpha- und Betacoronaviren. Mit Hilfe unserer Daten sowie der Sequenz- und Strukturanalysen können wir ein Modell vorschlagen, das die Zusammensetzung der unterschiedlichen nsp7+8 Strukturen erklärt. Diese Erkenntnisse helfen uns dabei, die genaue Funktion und Rolle von nsp7 und nsp8 im RTC von Coronaviren besser zu verstehen“, ergänzt Erstautor Dr. Boris Krichel.

Die Studie ist in Kooperation des HPI mit Forschenden der Universität Gießen, dem European XFEL, dem EMBL Hamburg sowie der ETH Zürich entstanden.

Die Ergebnisse wurden im Journal *Science Advances* veröffentlicht:

Krichel B, Bylapudi G, Schmidt C, Blanchet C, Schubert R, Brings L, Koehler M, Zenobi R, Svergun D, Lorenzen K, Madhugiri R, Ziebuhr J, Uetrecht C (2021). **Hallmarks of Alpha- and Betacoronavirus non- structural protein 7+8 complexes**. *Science Advances*. 2021 March 3.

### Pressekontakt

Dr. Franziska Ahnert, HPI  
Tel.: 040/48051-108  
Fax: 040/48051-103  
[presse@leibniz-hpi.de](mailto:presse@leibniz-hpi.de)

### Ansprechpartner

Dr. Charlotte Uetrecht, HPI  
[charlotte.uetrecht@leibniz-hpi.de](mailto:charlotte.uetrecht@leibniz-hpi.de)

Dr. Boris Krichel, HPI  
[boris.krichel@hpi-leibniz.de](mailto:boris.krichel@hpi-leibniz.de)

### Veröffentlichung

**Hallmarks of Alpha- and Betacoronavirus non-structural protein 7+8 complexes**

Sci Adv. 2021 March 3

*Rückfragen:*

Dr. Charlotte Uetrecht:

[Charlotte.uetrecht@leibniz-hpi.de](mailto:Charlotte.uetrecht@leibniz-hpi.de)

Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie,  
Hamburg

Dr. Boris Krichel

[Boris.krichel@leibniz-hpi.de](mailto:Boris.krichel@leibniz-hpi.de)

Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie,  
Hamburg

Lead **652** Zeichen mit Leerzeichen

Resttext **1.941 + 1.356** Zeichen mit Leerzeichen

Download der Pressemitteilung als PDF unter: [https://www.hpi-hamburg.de/de/aktuelles/presse/einzelansicht/archive/2021/article/neue-erkenntnisse-zum-replikations-und-transkriptionskomplex-von-coronaviren/?tx\\_ttnews%5Bmonth%5D=03&cHash=295c7e74f5b35801373b05132d8174fb](https://www.hpi-hamburg.de/de/aktuelles/presse/einzelansicht/archive/2021/article/neue-erkenntnisse-zum-replikations-und-transkriptionskomplex-von-coronaviren/?tx_ttnews%5Bmonth%5D=03&cHash=295c7e74f5b35801373b05132d8174fb)

### **Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie**

Das Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) erforscht humanpathogene Viren mit dem Ziel virusbedingte Erkrankungen zu verstehen und neue Therapieansätze zu entwickeln.

Auf Basis experimenteller Grundlagenforschung sollen neue Ansatzpunkte für verbesserte Verfahren zur Behandlung von Viruserkrankungen wie AIDS, Grippe und Hepatitis, aber auch von neuauftretenden viralen Infektionen entwickelt werden. Mit seinen Forschungsschwerpunkten deckt das HPI die weltweit bedeutendsten viralen Infektionserreger ab.

1948 gegründet, geht die Institutsentstehung auf den Mäzen Philipp F. Reemtsma sowie auf den Neurologen Heinrich Pette zurück. Als Stiftung bürgerlichen Rechts ist das HPI eine gemeinnützige und selbstständige Forschungseinrichtung, die seit 1995 der Leibniz-Gemeinschaft (WGL) angehört. Das Institut wird anteilig durch das Bundesministerium für Gesundheit (BMG) und die gemeinsame Forschungsförderung der Länder, vertreten durch die Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung und Bezirke (BWFGB) der Freien und Hansestadt Hamburg, finanziert. Zudem wird ein großer Anteil mit wettbewerblichen Verfahren eingeworben.

Das HPI ist Mitglied im Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF).

Weitere Informationen: [www.hpi-hamburg.de](http://www.hpi-hamburg.de)