

Pressemitteilung

Technische Universität München

Dr. Katharina Baumeister

27.06.2022

<http://idw-online.de/de/news796313>

Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie, Tier / Land / Forst
überregional



Wichtige Grundlage für biomedizinische Forschung geschaffen - Charakterisierung des Proteoms der Labormaus

Proteine kontrollieren und organisieren fast jeden Aspekt des Lebens. Die Gesamtheit aller Proteine in einem Lebewesen, einem Gewebe oder einer Zelle ist das Proteom. Mittels Massenspektrometrie charakterisieren Forschende an der TUM School of Life Sciences das Proteom, also das Eiweiß-Komplement des Genoms, in wichtigen Modellorganismen. 2014 hat ein Team an der Professur für Proteomik und Bioanalytik erstmals das menschliche Proteom beschrieben, 2020 das von der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* und 2022 folgte nun das der gängigsten Labormaus.

Die Labormaus gehört zu den wichtigsten Versuchssystemen für die biomedizinische Forschung. Molekulare Referenzkarten solcher Modelle sind wertvolle Informationsinstrumente für Forschende. „Wir haben aus 41 gesunden Geweben der Maus einen quantitativen Entwurf des Proteoms und Phosphoproteoms, das sind zelluläre Ein- und Ausschalter von normalen Lebensvorgängen wie auch Krankheiten, erstellt“, sagt Bernhard Küster, Professor für Proteomik und Bioanalytik.

Proteome von Mensch, Tier und Pflanze haben viele Ähnlichkeiten

Anhand mehrerer Analyselinien zeigen die Forschenden in einer Nature Methods-Publikation nun auf, welche Erkenntnisse aus den Daten gewonnen werden können. Zum Beispiel liefern gewebe- und zelltypaufgelöste Profile in vivo die Expression von 17.000 Genen und tausenden von Isoformen, das sind Proteine welche aus demselben Gen entstehen, aber Unterschiede im Aufbau aufweisen.

Ferner konnten 50.000 Phosphorylierungsstellen gefunden werden. Dies sind bestimmte und besonders wichtige Bereiche von Proteinen, die Vorgänge in der Zelle regulieren. In anderen Worten, die Forschungsarbeit gibt Aufschluss darüber, wie viele der etwa 20.000 Gene der Maus als Proteine existieren, wo sie sich befinden, in welchen Mengen sie dort auftreten und wie aktiv sie dort sind.

Proteogenomische Vergleiche zwischen Maus, Mensch und der Modellpflanze *Arabidopsis* zeigen gemeinsame Mechanismen der Regulierung der Genexpression. Die daneben existierenden zahlreichen Unterschiede, erfüllen wahrscheinlich artspezifische Funktionen. „Wir können das Proteom der Maus zum Beispiel nutzen, indem wir phänotypische Daten zu über 400 Medikamenten und ihre Auswirkungen auf die Proteome von 66 Zelllinien des dukalen Adenokarzinoms der Bauchspeicheldrüse (PDAC) überprüfen, um molekulare Biomarker für die Wirksamkeit oder Resistenz gegenüber Krebsmedikamenten zu identifizieren“, sagt Dr. Piero Giansanti, Erstautor der Studie.

Protein-Katalog frei zugänglich

Der einzigartige Atlas ergänzt andere molekulare Ressourcen für die Maus. Diese Informationen sind frei in den online Datenbanken ProteomicsDB und PACiFIC abrufbar.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Prof. Dr. Bernhard Küster
Technische Universität München
Lehrstuhl für Proteomik und Bioanalytik
TUM School of Life Sciences
kuster[at]tum.de

Originalpublikation:

Giansanti, P., Samaras, P., Bian, Y. et al.: Mass spectrometry-based draft of the mouse proteome. Nat Methods (2022).
doi.org/10.1038/s41592-022-01526-y

URL zur Pressemitteilung: <https://www.proteomicsdb.org/>

URL zur Pressemitteilung: http://pacific.proteomics.wzw.tum.de:5001/master_pacifichome/

URL zur Pressemitteilung: [https://www.wzw.tum.de/index.php?id=185&L;=o&tx_ttnews%5Btt_news%5D=2871&cHash;b7386a2872f4bad2d55dcc3f199803d5](https://www.wzw.tum.de/index.php?id=185&L;=o&tx_ttnews%5Btt_news%5D=2871&cHash=b7386a2872f4bad2d55dcc3f199803d5)

Anhang Gaphical Abstract <http://idw-online.de/de/attachment92595>