

Press release**Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn****Dr. Andreas Archut**

06/08/2011

<http://idw-online.de/en/news427260>Research results
Biology
transregional, national**Urpflanze mit verrückter genetischer Bürokratie**

„Je oller, je doller“ – diese Beschreibung trifft durchaus auf die genetische Ausstattung eines der ältesten überlebenden Vertreter der Gefäßpflanzen zu: Selaginella, der Moosfarn. Botaniker der Universität Bonn staunten nicht schlecht, als sie das Erbgut der Moosfarn-Mitochondrien komplett entschlüsselt hatten: Die DNA der „Zellkraftwerke“ besteht aus nur noch 20 Genen – bisheriger Minusrekord im Pflanzenreich. In diesen 20 Genen gibt es allerdings über 2000 fehlerhafte Stellen, die bei jedem Kopiervorgang aufs Neue korrigiert werden müssen.

Für jede dieser fehlerhaften Positionen leistet sich die Pflanze einen eigenen Korrektor, einen so genannten RNA-Editor – insgesamt so viele wie nirgends sonst bisher im Pflanzenreich. Die Studie erscheint in der Zeitschrift „Genome Biology and Evolution“ (doi:10.1093/gbe/evr027).

Der Moosfarn *Selaginella moellendorffii* ist ein Überlebender aus uralten Zeiten. Damals, im Karbon, vor etwa 350 Millionen Jahren, bildeten hochgewachsene Verwandte von *Selaginella* zusammen mit Baumfarne dichte Wälder. Die Gewächse konnten nur deshalb bis zu 40 Meter hoch wachsen, weil sie erstmals über Leitbündel verfügten, die Nährstoffe und Wasser bis ganz nach oben transportierten. Aus diesen ersten Gefäßpflanzen haben sich später die Samenpflanzen entwickelt, die heute auf der Erde vorherrschen.

Selaginella, die älteste überlebende Entwicklungslinie der Gefäßpflanzen, hat in nahezu unveränderter Form mehrere hundert Millionen Jahre überdauert. Ein Blick in das Erbgut dieser „pflanzlichen Fossilien“ erlaubt Forschern Einblicke in die Evolution vor 300-400 Millionen Jahren. Professor Volker Knoop und seine Mitarbeiter Julia Hecht und Felix Grewe vom Institut für Zelluläre und Molekulare Botanik der Universität Bonn haben einen ganz besonderen Teil des Moosfarn-Genoms entschlüsselt: das Erbgut der so genannten Mitochondrien.

Nur 20 Gene für ein Zellkraftwerk

Mitochondrien sind für den Stoffwechsel von Pflanzen und Tieren lebensnotwendig. Weil Mitochondrien energiereiche Verbindungen produzieren, werden sie oft auch als „Zellkraftwerke“ bezeichnet. Mitochondrien sind - neben dem Zellkern und den Chloroplasten - Zellbestandteile, die über eine eigene DNA verfügen. Weil pflanzliche Mitochondrien normalerweise ca. 60 Gene haben, waren die Bonner Botaniker erstaunt, als sie feststellten, dass das Mitochondriengenom von *Selaginella moellendorffii* aus gerade einmal 20 Genen besteht.

Doch die eigentliche Überraschung ergab sich für die Bonner Forscher aus dem Vergleich von DNA und RNA. Die RNA ist gewissermaßen eine mobile Kopie des DNA-Originals und wird am Ort der Proteinbildung als Bauplan benötigt. Der Vergleich zeigte, dass die Mitochondrien-DNA an 2100 Stellen Fehler hatte, die die RNA-Kopie nicht aufwies. Beim Kopieren musste also korrigiert worden sein. „Wir haben es hier mit einem sehr komplexen, aber sehr effizienten Korrekturmechanismus zu tun – in einer extremen Form, wie wir es bisher noch nie gesehen haben“, erläutert Professor Knoop. Für jede einzelne fehlerhafte Position gibt es vermutlich eigene Editorproteine, die den falschen Code auf der DNA in einen richtigen auf der RNA korrigieren.

Vergammelte Gen-Bibliothek, verrückte Gen-Bürokratie

Man kann sich die Mitochondrien-DNA von Selaginella wie eine uralte, vergammelte Bibliothek vorstellen: Viele Bücher sind so alt, dass die Schrift nicht mehr korrekt lesbar ist. Darum werden Abschriften in lesbarer Form hergestellt. Für jedes einzelnes Buch gibt es einen eigenen Korrektor. Nur er kennt die korrekte Schreibweise des einen Buches. Nun ist es aber so, dass die Bauanleitung des Korrektors selbst wieder in einem Buch einer ganz anderen Bibliothek steckt – und dieses Buch ist auch nicht vor Fehlern gefeit.

Auf die molekulare Ebene übertragen heißt das: Der Code des Editorproteins, das eine fehlerhafte Stelle der Mitochondrien-DNA korrigiert, steht auf der DNA im Zellkern. „Das ist natürlich eine ganz besondere Herausforderung, wie die beiden seit mehr als eine Milliarde Jahren koexistierenden Genome miteinander im Gespräch bleiben. Es sieht aus wie eine verrückte genetische Bürokratie, ein überreguliertes, selbst erhaltendes System von kafkaesken Ausmaß“, wundert sich Volker Knoop.

Was hat die Pflanze davon?

Ein großer Aufwand, den die Pflanze betreibt. Die Frage lautet: Was hat Selaginella von einem so übertriebenen RNA-Editing? Gibt es einen bestimmten Nutzen oder handelt sich eher um ein Überbleibsel der Evolution als die „niederen“ Moose sich zu den ersten Gefäßpflanzen entwickelten? Die Chancen, dass die Bonner Forscher diese Fragen bald beantworten können, stehen so gut wie nie. Denn ein internationales Forscherkonsortium hat jüngst das komplette Kerngenom von Selaginella moellendorffii entschlüsselt und die Ergebnisse in der Fachzeitschrift „Science“ veröffentlicht. Ein detaillierter Vergleich zwischen Mitochondrien- und Kern-DNA könnte ein interessantes „Gespräch“ enthüllen.

Kontakt:

Professor Dr. Volker Knoop
Institut für Zelluläre und Molekulare Botanik
Telefon.: 0228/73-6466
E-Mail: volker.knoop@uni-bonn.de

Dipl.-Biol. Felix Grewe
Telefon: 0228/73-5507
E-Mail: mail@felixgrewe.de



Labordetail.
Foto: Volker Lannert/Uni Bonn



Professor Dr. Volker Knoop im Labor.
Foto: Volker Lannert/Uni Bonn