



Pressemitteilung

05. April 2005

Ein Aktivitätsatlas für Pflanzengene

*Ein Team von Wissenschaftlern aus drei Max-Planck-Instituten in Tübingen und Berlin hat eine detaillierte Aktivitätskarte für fast alle Gene der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) vorgelegt. In der renommierten Fachzeitschrift *Nature Genetics* beschreiben die Forscher die Aktivität fast aller Gene in verschiedenen Entwicklungsstadien der Pflanze und verschiedenen Organen wie Blüte oder Wurzel. Sie fanden heraus, dass die Ackerschmalwand für ihre natürliche Entwicklung bereits mehr als 90% ihrer Gene benötigt. Für die Reaktion auf Umwelteinflüsse wie Temperaturschwankungen oder Schädlingsbefall stehen ihr somit weniger als 10% ihrer Gene zur Verfügung. (*Nature Genetics Advance Online Publication*, 3. April 2005, doi:10.1038/ng1543).*

Mit der kompletten Entschlüsselung des Erbguts einer Vielzahl von Organismen ist die Genomforschung in ein neues Zeitalter eingetreten. War es zuvor oberstes Ziel, alle Gene eines Organismus zu finden, so erforschen Wissenschaftler heute vorrangig deren Funktion und das komplexe Zusammenspiel der Gene im Gesamtorganismus. Man kann das Erbgut mit einer riesigen Bibliothek vergleichen, in der die einzelnen Gene Bücher repräsentieren. Welchen Einfluss der Inhalt eines Buches tatsächlich hat, hängt davon ab, ob es auch gelesen wird. Genauso verhält es sich mit Genen: nur diejenigen, die von der Zellmaschinerie abgelesen werden, haben Einfluss auf das Schicksal der Zelle. Im Umkehrschluss bedeutet dies, dass man die Funktion von Genen zum Teil daraus ableiten kann, wo und wann sie im Organismus aktiv sind. So wird ein Gen, das ausschließlich in der Blüte eines Baumes aktiv ist, kaum zur Wurzelbildung beitragen können.

Ein wichtiger Schritt in der Erforschung globaler Genaktivität ist jetzt einem Team aus Wissenschaftlern des Max-Planck-Instituts (MPI) für Entwicklungsbiologie, des MPI für biologische Kybernetik, beide in Tübingen, und des MPI für molekulare Genetik in Berlin, gelungen. Die Forscher haben erstmalig eine detaillierte Aktivitätskarte für fast alle Gene der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) vorgelegt. Die Ackerschmalwand ist ein einjähriges, blühendes Kraut, das aufgrund seiner geringen Größe und kurzen Generationszeit eine Spitzenstellung unter den pflanzlichen Forschungsobjekten einnimmt. Die Forscher entnahmen 79 Gewebeproben aus z.B. Wurzel, Blatt und Blüten und zu verschiedenen Entwicklungszeitpunkten der Pflanze. Sie untersuchten die Proben mit Hilfe so genannter „Microarray“-Experimente. Diese moderne Methode erlaubt es, die Aktivität aller

Gene sehr präzise und in einem einzigen Schritt zu bestimmen. Die Wissenschaftler fanden so heraus, dass schon während des natürlichen Lebenszyklus der Pflanze vom Keimling bis zum trockenen Samen mehr als 90% aller Gene der Ackerschmalwand aktiviert werden. Nur ein kleiner Teil des Erbguts wird ausschließlich für die Antwort auf Schädlingsbefall oder die Anpassung an Hitze oder Kälte genutzt.

Viele Mechanismen der Genregulation sind in allen vielzelligen Organismen sehr ähnlich; die gewonnenen Ergebnisse haben daher nicht nur für die Forschung an der Ackerschmalwand große Bedeutung, sondern lassen sich auch auf andere Pflanzen übertragen.

Kontakt:

Dr. Jan U. Lohmann
Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie
Spemannstr. 37-39
D-72076 Tübingen
Tel.: 07071-601-1413/-1405
Fax: 07071-601-1412
Email: jlohmam@tuebingen.mpg.de