

Facebook und Twitter bei Pflanzen

Forscher/innen der ÖAW entdeckten mit den Methoden der Social-Media-Analyse bisher unbekannte Angriffsziele von Krankheitserregern in Pflanzen. Darüber berichten sie nun im Fachjournal „Nature Communications“.

Wie gleichen sich Proteine in den Zellen einer Blütenpflanze und soziale Netzwerke auf Twitter und Facebook? Und was haben sie mit Pathogenen, die Pflanzen oder Menschen krank machen, gemeinsam? Shahid Mukhtar und seine Kolleg/innen an der University of Alabama at Birmingham haben sich mit diesen Fragen in einer Gemeinschaftsstudie mit Youssef Belkhadir vom GMI – Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) beschäftigt. Die Forscher/innen haben bisher unbekannte Protein-Ziele von Pflanzen-Pathogenen in der Blütenpflanze Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) identifiziert. Dabei haben sie auch einige Methoden angewendet, die bei der Analyse von sozialen Netzwerken im Einsatz sind. Ihr neuer Ansatz könnte laut den Wissenschaftler/innen dabei helfen, andere Interaktionen zwischen biologischen Arten zu analysieren, um neue Angriffspunkte für Krankheitserreger zu entdecken.

Netzwerke in Social Media und Biologie

In sozialen Netzwerken kann man die Verbindungen zwischen Followern oder Freunden etwa auf Twitter und Facebook aufzeichnen: Wenige Menschen haben eine sehr große Anzahl von Verbindungen, manche haben viele, und die meisten haben nur sehr wenige Verbindungen. Eine Karte dieser Verbindungen sieht aus wie ein Flugstreckenplan. Diese Pläne zeigen zentrale Knotenpunkte und Engstellen. Sie können aber auch darstellen, wer die Personen sind, die Informationen am besten streuen. In der Biologie kann die Analyse der Netzwerkarchitektur eines Ökosystems oder von Makromolekülen in den Zellen helfen, neue Komponenten in diesen komplexen Systemen zu finden.

Eines dieser Netzwerke existiert auf der Oberfläche von Pflanzenzellen zwischen den Rezeptoren, die zur Entdeckung und Bekämpfung von Angriffen und Bedrohungen aus der Umwelt dienen. Dies betrifft vor allem Krankheitserreger. Wenn Pathogene eine Pflanze angreifen, injizieren sie spezielle Proteine in die Pflanze, die man Effektoren nennt. Dadurch ermöglichen sie die Infektion und ändern den Metabolismus der Pflanze zum Nutzen des Krankheitserregers. In einer nun in „Nature Communications“ publizierten Studie zeigten die Forscher/innen, wie mit Netzwerk-Biologie bisher unbekannte Rezeptoren entdeckt werden können, die von Effektoren angegriffen werden.

Angriffsziele von Pathogenen identifiziert

Das Team untersuchte zuerst die Interaktionen zwischen allen Proteinen in der Zelle. Dabei zeigte sich, dass nur 6,5 Prozent der großen Knotenpunkte bereits bekannte Ziele der Angreifer waren. Daher sind die Knotenpunkte schlecht geeignet, um neue Ziele zu finden. Statt auf Knotenpunkte fokussierten sich die Wissenschaftler/innen auf Informationsverbreiter durch die Verwendung einer Methode namens „k-shell decomposition“, die den neuesten Analysemethoden von sozialen Netzwerken ähnelt. Im Gegensatz zu den Knotenpunkten waren 33 Prozent der besten Informationsverbreiter Effektorziele.

Dann untersuchten sie mit dieser Methode das Rezeptoren-Netzwerk, um dort neue Effektorziele zu

finden. Von den mehr als 500 Proteinen des Rezeptorennetzwerkes sind 35 als Informationsverbreiter bekannt. 20 dieser Proteine wurden auf ihre Interaktionen mit unterschiedlichen Pathogen-Effektoren untersucht. Dabei fanden sie acht direkte Effektorziele, sieben davon waren bisher noch nicht als Effektorziele bekannt. Eine wesentliche Entdeckung dabei war, dass sich bei allen sieben eine Auswirkung auf das Pathogenen-Wachstum zeigte, wenn die Proteine mutiert wurden.

Dieser netzwerkzentrierte Zugang zur Identifizierung bisher unbekannter Angriffsziele von Pathogenen, so die Forscher/innen, habe ein vielversprechendes Potenzial, auch zur Analyse anderer Interaktions-Netzwerke, wie z.B. der Protein-Protein-Interaktion beim Menschen. Man könnte neue Pathogen-Andockstellen finden und damit auch das Design von gezielten therapeutischen Strategien unterstützen.

Publikation:

„Network biology discovers pathogen contact points in host protein-protein interactomes“, Ahmed H, Howton TC, Sun Y, Weinberger N, Beklhadir Y, Mukhtar MS, Nature Communications, 2018
DOI: [10.1038/s41467-018-04632-8](https://doi.org/10.1038/s41467-018-04632-8)