

Saarländische Forscher beschreiben Protein-Komplex, der bei Fehlfunktion zu Krankheiten führen kann

Ob beim Stoffwechsel, der Blutgerinnung oder im Immunsystem: Überall spielen Proteine als Transportvehikel, Boten- oder Abwehrstoffe eine zentrale Rolle, damit die Abläufe im menschlichen Körper richtig funktionieren. Arbeitet ein Protein außerhalb einer Zelle nicht korrekt, können zum Beispiel neurologische Krankheiten die Folge sein.

Saarländische Biowissenschaftler haben nun gemeinsam mit Kollegen des Max-Planck-Instituts für Biochemie im bayerischen Martinsried ein Protein genau beschrieben, das bei Fehlfunktion solch schwerwiegende Folgen haben kann. Die Ergebnisse erschienen heute im renommierten Fachmagazin „Nature Communications“.

Das endoplasmatische Retikulum (ER) in menschlichen Zellen, ein weitläufiges Röhrensystem, spielt eine zentrale Rolle bei der Entstehung von etwa einem Drittel aller Proteine, die in diesen Zellen ständig neu gebildet werden. Dazu gehören etwa die sogenannten sekretorischen Proteine, von denen viele während ihrer Bildung im ER mit Zuckerresten versehen, fachsprachlich: glykosyliert werden.

Seit vielen Jahren forschen viele Laboratorien auf der ganzen Welt nach den Mechanismen, wie die sekretorischen Proteine in das ER gelangen und dort glykosyliert werden, bevor sie an die Zelloberfläche gebracht und dort freigesetzt werden. Eine wichtige Rolle beim Transport dieser Proteine in das ER und auch bei der dort stattfindenden Glykosylierung spielen die Proteine des sogenannten TRAP-Komplex („translocon-associated protein“). Funktioniert dieser Proteinkomplex nicht korrekt, können Fehler bei der Glykosylierung der Proteine die Folge sein und damit auch Krankheiten ihren Ursprung nehmen.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler um Professor Richard Zimmermann, Regine Stutz, Monika Lerner und Dr. Johanna Dudek in Homburg sowie Dr. Duy Nguyen und Professor Volkhard Helms in Saarbrücken, haben die Funktionsweise von TRAP nun erstmals wissenschaftlich genau beschrieben. Sie bedienten sich dafür neuartiger Methoden, die aus einer Mischung aus gezielter Gen-Inaktivierung, Mengenbestimmung aller Proteine innerhalb der Zelle und Bioinformatik bestehen. „Damit konnte wir wichtige neue Erkenntnisse zur Funktion und Wirkungsweise des TRAP-Komplexes erarbeiten, den wir mit unseren Kollegen vom Max-Planck-Institut für Biochemie davor schon auf struktureller Ebene beschrieben hatten“, erklärt Professor Richard Zimmermann (s. dazu <https://www.nature.com/articles/ncomms14516>).

Den vollständigen Artikel „*Proteomics reveals signal peptide features determining the client specificity in human TRAP-dependent ER protein import*“ (DOI: 10.1038/s41467-018-06188-z) finden Sie [hier](#).