

NUTZPFLANZENFORSCHUNG

PROTEOM-ATLAS DER 100 WICHTIGSTEN PFLANZEN

Pflanzen stellen die Nahrungsgrundlage praktisch allen Lebens auf der Erde dar und sind ein besonders bedeutender Ansatzpunkt im Kampf gegen den globalen Klimawandel. So haben sich etwa proteinreiche Lebensmittel pflanzlicher Herkunft zu einem globalen Megatrend entwickelt, der immer wichtiger wird, um die Ernährung einer weltweit wachsenden Bevölkerung zu gewährleisten, ohne dabei das Klima weiter zu schädigen. Während das Wissen über pflanzliche Genome in den vergangenen Jahren drastisch gestiegen ist, weiß man nach wie vor wenig über die Proteome der meisten Nutzpflanzen. Dabei sind es gerade Proteine, die einer Pflanzenzelle ihre Identität und Funktion verleihen und so die landwirtschaftlich relevanten Eigenschaften wie Ertrag, Hitze-, Kälte- und Trockenresistenz oder Resilienz gegenüber Krankheits-erregern festlegen.

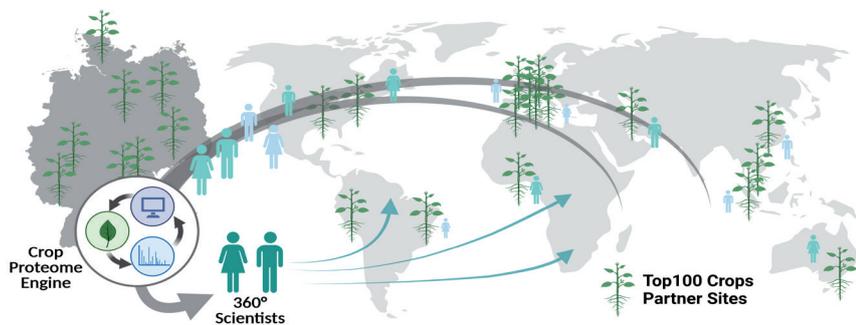
INTERNATIONALE INITIATIVE

Um diese Wissenslücke zu schließen, wurde kürzlich eine internationale Initiative ins Leben gerufen, in der Forscher von allen Kontinenten zusammenarbeiten, um die Proteome

der weltweit 100 wichtigsten Nutzpflanzen zu kartieren. Damit soll der weltweiten Wissenschaftsgemeinschaft ein wichtiges grundlegendes Werkzeug in die Hände gegeben werden, mit dem Nutzpflanzen besser erforscht werden können. Für diesen Atlas generieren die Partner der weltweiten Initiative hochqualitatives Probenmaterial aus vielen Geweben. Ziel ist die möglichst vollständige Kartierung des Proteoms jeder Pflanze. Proteine werden über einen universellen und automatisierten Prozess aus den Geweben extrahiert und mittels modernster quantitativer Massenspektrometrie (LC-MS/MS) analysiert. Innovative Bioinformatik-Software kommt zum Einsatz, um die Pflanzengenome für Protein-kodierende Gene weiter zu annotieren.

FÖRDERUNG DES NACHWUCHSES

Um diese Mammutaufgabe bewältigen zu können, hat sich an der Technischen Universität München (TUM) ein interdisziplinäres Expertenteam aus den Bereichen Pflanzenbiologie, Proteomforschung und Bioinformatik zusammengefunden und bildet die „Crop Proteome Engine“ (s. Abbil-



Ein Proteom-Atlas der 100 weltweit wichtigsten Nutzpflanzen für die Ernährung der Menschheit. Das Pflanzenmaterial wird von mehr als 30 internationalen Partnern zur Verfügung gestellt. Promovierende werden global rekrutiert und kommen als Teil der Crop Proteome Engine in Freising zusammen, um gemeinsam den Atlas zu erstellen. Ein weiteres Ziel ist es, die Nachwuchswissenschaftler zu ermutigen, sich als weltweite Botschafter für die Wissenschaft und internationale Zusammenarbeit zu engagieren.



Deutsche Gesellschaft für
Proteomforschung e.V.

TERMINE

31. Juli bis 6. August, Brixen/ Bressanone (IT)

14th Sommerschool
„Advanced Proteomics“
www.proteomic-basics.eu

14. bis 18. August, Cambridge, Mass. (USA)

14th International Symposium on
Mass Spectrometry in the Health
and Life Sciences
[https://www.asbmb.org/meetings-
events/mass-spectrometry-2022](https://www.asbmb.org/meetings-events/mass-spectrometry-2022)

dung). Mithilfe eines internationalen Doktorandenkollegs des Elitenetzwerks Bayern wird 18 exzellenten Promovierenden die Möglichkeit gegeben, alle Bereiche der Crop Proteome Engine – vom keimenden Samen, über die Massenspektrometrie bis zur Datenanalyse – kennenzulernen. Darüber hinaus durchlaufen alle ein 360°-Trainingsprogramm, das sie auf Führungsaufgaben in Wissenschaft, Industrie und Gesellschaft vorzubereitet. Dieses visionäre Projekt wird das Wissen über Pflanzenproteome drastisch erhöhen. Die ermittelten Daten werden weltweit und frei über das Portal ProteomicsDB (www.proteomicsdb.org) zugänglich sein.

Nils Rugen (Institut für Pflanzengenetik,
Leibniz-Universität Hannover),
Sarah Brajkovic (Lehrstuhl für Proteomik
und Bioanalytik, TUM, Freising),
Brigitte Poppenberger (Professur Bio-
technologie gartenbaulicher Kulturen,
TUM, Freising) und Bernhard Küster
(Lehrstuhl für Proteomik und Bioanalytik,
TUM, Freising)