

# Comeback von Arabidopsis

Internationales Forschungsnetzwerk wird in Frankfurt koordiniert

Zum Glück war Friedrich Laibach (1885–1967) neugierig. Vor rund 100 Jahren untersuchte der junge Biologe am Botanischen Institut in Bonn im Rahmen seiner Promotionsarbeit die Chromosomensätze von Pflanzen auf der Suche nach einem besonders geeigneten experimentellen Objekt für die genetische Zytologie. Sein Doktorvater war der als Begründer und Autor des gleichnamigen Lehrbuchs für Botanik (»Der Strasburger«) noch heute jedem Biologiestudenten gut bekannte Eduard Strasburger (1844–1912). In der Publikation, die der 22-jährige Friedrich Laibach als alleiniger Autor 1907 veröffentlichte, identifizierte er das Ackerunkraut *Arabidopsis thaliana* mit seinen fünf Chromosomen als geeignete Pflanze für seine weiteren Untersuchungen. Wir wissen heute, dass er die Blütenpflanze mit dem kleinsten Genom ausgewählt hatte. Das Ackerunkraut ließ Laibach fortan nicht mehr los: Als Direktor des Botanischen Instituts an der Goethe-Universität (1933–1945) wurde er zum Begründer der experimentellen Arabidopsis-Forschung, die seit einigen Jahren ein furioses Comeback feiert. Sie steht heute im Zentrum großer internationaler Forschungsverbände.

Das Arabidopsis-Genom als Beginn einer neuen Ära der Pflanzenforschung

Die Veröffentlichung der vollständigen Sequenz des Genoms von *Arabidopsis thaliana* im Dezember 2000 in der Zeitschrift »Nature« war das Ergebnis einer bisher beispiellosen internationalen Kooperation von Pflanzenforschern. Sie lieferte den Startschuss für die Analyse der komplexen Proteinnetzwerke, die dem Leben zugrunde liegen: der Organisation von Stoffwechsel, Signalwandlung, Stressantwort, Wachstum und Entwicklung sowie Produktivität von Pflanzen. Aus der bisherigen computergestützten Analyse der mehr als 25 000 Proteinkodierenden Gene ergibt sich ein theoretisches Proteom von Arabidopsis, das in einzelnen Bereichen eine erstaunliche und bisher unübertroffene Vielfalt von verwand-

ten Formen bestimmter Proteinfamilien aufweist. Die Bäckerhefe, die Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* und der Mensch sind in dieser Hinsicht weniger reichhaltig ausgestattet.

Warum sind Pflanzen in manchen Aspekten so komplex? Die vergleichenden Untersuchungen des Proteoms der verschiedenen Organismen wird in den kommenden Jahren zu starken Synergieeffekten und damit zu einer bisher nie vorstellbaren Dichte und Qualität von Erkenntnissen führen.

Das neue Arabidopsis-Projekt als Anstrengung weltweiter Kooperation

Wie bei anderen Organismen stellt die erste Phase der Genomsequenzierung und damit der Verfügbarkeit der gesamten genetischen Information einer höheren Pflanze nur die notwendige Basis für ein ungleich komplexeres Folgeprogramm dar. Dieses beinhaltet den Schritt von einem theoretischen zu einem funktionellen Proteom, das heißt die Charakterisierung jedes einzelnen der etwa 25 000 Proteine, ihrer Eigenschaften und Rolle in der Pflanze sowie ihrer Wechselwirkungen mit anderen Proteinen, Nucleinsäuren, Liganden etc. Ein solches umfassendes Programm ist deshalb so vielversprechend, weil es mit Hilfe der Bioinformatik zum ersten Mal möglich sein wird, eine virtuelle Pflanze in ihrer Gesamtheit zu modellieren und – im besten Fall – Veränderungen, zum Beispiel als Reaktion auf Umweltfaktoren, am Computer vorherzusagen. Alle Experten sind sich einig, dass die Auswirkungen der Erkenntnisse auf die Pflanzenforschung insgesamt, vor allem aber auf die Kulturpflanzenforschung, dramatisch sein werden.

Diese notwendige Fortentwicklung ist in einem ehrgeizigen Zehn-Jahres-Programm von der National Science Foundation der USA (Plant 2010 Project) und von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (Arabidopsis Functional Genomics Network, AFGN) im Herbst 2001 auf den Weg gebracht worden. Eine umfassende Beteiligung von verschiedenen Gruppen der Max-



Planck-Gesellschaft ist in Vorbereitung. Die Koordinierung des deutschen Netzwerkes und die enge Abstimmung mit den Aktivitäten in den USA und in anderen europäischen Ländern liegen bei Prof. Dr. Lutz Nover, Botanisches Institut der Goethe-Universität, der mit seiner Gruppe auch einen wesentlichen experimentellen Beitrag im AFGN leisten wird (<http://www.bio.uni-frankfurt.de/botanik/mcb/AFGN/AFGNHome.html>). Arabidopsis ist also nach vielen Jahren wieder in das Zentrum von Forschung und Lehre der Goethe-Universität zurückgekehrt. ♦

Der Autor

**Prof. Dr. Lutz Nover** ist molekularer Zellbiologe am Botanischen Institut und Koordinator des deutschen Arabidopsis-Netzwerkes.

Werbung