

### Neue Sprengkraft für die Senfö-Bombe

#### Eine Genverdopplung hilft Kreuzblütlern, sich gegen ihre Fraßfeinde zu verteidigen

**Wissenschaftler vom Max-Planck-Institut für chemische Ökologie in Jena haben jetzt entdeckt, welcher genetische Mechanismus dafür verantwortlich ist, dass sich Pflanzen aus der Familie der Kreuzblütler wie die Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) einen Vorteil gegenüber ihren Feinden verschaffen. Bestimmte Stoffwechselprodukte – so genannte Senföglucoside (Senfö-Bombe) – schützen die Pflanze vor potenziellen Fraßfeinden, die andererseits Strategien entwickelt haben, um diesen Verteidigungsmechanismus zu umgehen (PNAS, 13. Juni 2006).**

Pflanzen sind durch ihre ortsgebundene Lebensweise gezwungen, eine Vielzahl unterschiedlicher Strategien zu entwickeln, um ihren Fraßfeinden zu entgehen. Die Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) besitzt eine besonders trickreiche chemische Abwehr: das als „Senföbombe“ bezeichnete Glucosinolat-Myrosinase-System. Es besteht aus zwei Komponenten: Glucosinolaten, einer Klasse sekundärer Pflanzenstoffe, und dem Spaltungsenzym Myrosinase. Für sich genommen sind diese Komponenten ungiftig. Wird das Blattgewebe allerdings von einer Raupe oder einem anderen Schädling verwundet, werden die räumlich getrennten Komponenten freigesetzt. In einer chemischen Reaktion zerfallen sie zu einer Vielzahl giftiger Abbauprodukte – die „Senfö-Bombe“ explodiert!

Einigen Fraßfeinden von *Arabidopsis* ist es im Laufe der Evolution trotzdem gelungen, dieses effiziente Verteidigungssystem zu umgehen. Pflanze und Schädling liefern sich seitdem einen regelrechten Wettlauf um effizientere Verteidigungs- bzw. Anpassungssysteme. Um den Anpassungsmechanismen der Fraßfeinde entgegenzuwirken, müssen *Arabidopsis*-Pflanzen dafür sorgen, dass die Senföglucoside ihre Wirkung nicht verlieren. Dies erreichen sie, indem sie eine möglichst große Zahl verschiedener Glucosinolate herstellen. Insgesamt sind heute mehr als einhundert Glucosinolate bekannt, die alle eine gemeinsame chemische Grundstruktur besitzen und sich hauptsächlich in der Zusammensetzung ihrer Seitenketten unterscheiden.

Mitverantwortlich für die Variation der Glucosinolatprofile ist eine Familie so genannter MethylthioAlkylMalat-(MAM) Synthase-Gene. Deren Genprodukte katalysieren einen frühen Schritt in der Biosynthese von Glucosinolaten und bestimmen in mehreren aufeinander folgenden Reaktionszyklen die Länge der Seitenketten.

Ein Team von Wissenschaftlern um Dr. Jürgen Kroymann vom Max-Planck-Institut für chemische Ökologie in Jena versucht seit einigen Jahren, die Evolution der MAM-Synthasen und der sie kodierenden Genfamilie aufzuklären. In ihrer kürzlich erschienenen Arbeit untersuchten die Max-Planck-Forscher MAM-Gensequenzen

Geschäftsführender  
Direktor

Prof. Dr. Jonathan Gershenzon

Forschungskoordination  
Kommunikation

PD Dr. Jan-W. Kellmann

Tel.: +49 (0)3641 - 571000

FAX: +49 (0)3641 - 571002

Mobil: 0160 - 1622377

mail: jkellmann@ice.mpg.de

Angela Overmeyer M.A.

Tel.: +49 (0)3641 - 572110

mail: overmeyer@ice.mpg.de

Anschrift

Beutenberg Campus  
Hans-Knöll-Straße 8  
07745 Jena

Internet

[www.ice.mpg.de](http://www.ice.mpg.de)

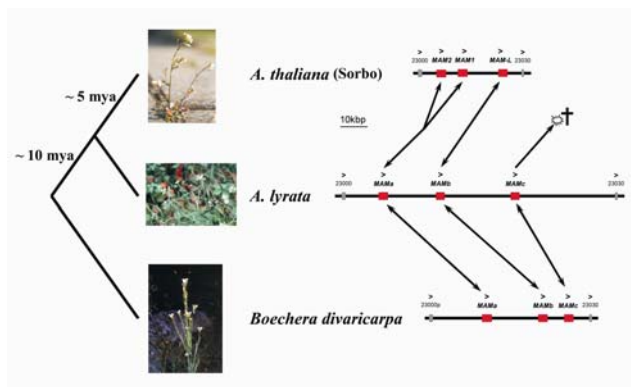


MAX-PLANCK-GESellschaft

verschiedener Arabidopsis-Ökotypen und einiger nahe verwandter Arten. Dabei stießen sie auf eine genetische Veränderung, die offenbar vor einigen hunderttausend Generationen in einem gemeinsamen Vorfahren aller heute lebenden *A. thaliana* Pflanzen für eine Genverdopplung gesorgt hat. Aufgrund dieser Duplikation kamen zwei Kopien des *MAMa*-Gens, *MAM1* und *MAM2*, direkt hintereinander im Erbgut zu liegen. Häufig besteht das Schicksal eines kopierten Gens darin, im Laufe der Zeit Mutationen anzuhäufen und schließlich seine Funktionstüchtigkeit zu verlieren. Nicht jedoch im Falle des *MAM1*-Gens. Es konnte eine neue Funktion annehmen, die seinem Träger einen Vorteil verschaffte und „positiv“ selektiert wurde. Biochemische Analysen ergaben, dass die neue Variante nicht nur den ersten, sondern auch den zweiten Verlängerungsschritt in der Glucosinolat-Biosynthese katalysieren kann. Dies gab (und gibt) den Pflanzen die Chance, eine größere Vielfalt verschiedener Glucosinolate zu erzeugen.

Durch weitere Analysen des Erbguts verschiedener Ackerschmalwand-Verwandter konnten die Forscher darüber hinaus zeigen, dass die Genduplikation von *MAMa* nur das jüngste von mehreren ähnlichen Ereignissen ist. Auch die anderen Mitglieder der *MAM*-Genfamilie entstanden nach dem gleichen, sich wiederholenden Muster von Genduplikation, Neu-Funktionalisierung und positiver Selektion. Die Max-Planck-Forscher glauben daher, einem grundlegenden evolutionären Mechanismus auf der Spur zu sein, der helfen könnte zu erklären, wie die nahezu unüberschaubare Vielfalt pflanzlicher Sekundärstoffe entstanden ist.

[MB, JK, JWK]



*Evolutionäre Dynamik am MAM-Genort: Der Stammbaum zeigt die Verwandtschaftsverhältnisse sowie das geschätzte Alter des letzten gemeinsamen Vorfahrens in Millionen Jahren (mya).*

Bild: Markus Benderoth und Jürgen Kroymann / Max-Planck-Institut für chemische Ökologie.

**Bilder in höherer Auflösung auf Anfrage!**

Originalveröffentlichung:

Markus Benderoth, Susanne Textor, Aaron J. Windsor, Thomas Mitchell-Olds, Jonathan Gershenzon, und Jürgen Kroymann: Positive selection driving diversification in plant secondary metabolism. PNAS, 13. Juni 2006, Vol. 103.

Weitere Informationen erhalten Sie von:

Dr. Jürgen Kroymann

Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena

Tel.: +49 03641 - 57 1412

Fax: +49 03641 - 57 1402

E-Mail: [kroymann@ice.mpg.de](mailto:kroymann@ice.mpg.de)