"Nackte" Viren: Aufdeckung des molekularen Bauplans eines pflanzlichen Krankheitserregers

Autor(en): **Frese, Walter**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Schweizerische Bauzeitung**

Band (Jahr): **96 (1978)**

Heft 43

PDF erstellt am: **29.03.2024**

Persistenter Link: https://doi.org/10.5169/seals-73776

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.
Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.
Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Ein Dienst der *ETH-Bibliothek*
ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Schweiz, www.library.ethz.ch

http://www.e-periodica.ch

«Nackte» Viren

Aufdeckung des molekularen Bauplans eines pflanzlichen Krankheitserregers

Wissenschaftlern des *Max-Planck-Instituts für Biochemie* in *Martinsried bei München* ist es gelungen, erstmals die Struktur eines *Viroids* in allen Einzelheiten zu entschlüsseln – und damit überhaupt zum ersten Mal den vollständigen molekularen Aufbau eines Krankheitserregers aufzuklären.

Man kennt Viroide seit 1971. Sie wurden damals, auf der Suche nach den Ursachen bestimmter *Pflanzenkrankheiten*, als eine Klasse von völlig neuen, ungewöhnlichen Krankheitserregern entdeckt – ungewöhnlich zunächst aufgrund ihrer Grösse: Tausendmal kleiner als die kleinsten bekannten Viren, nehmen sie mit weitem Abstand den *untersten Platz auf der biologischen Grössen-Skala* ein. «Ebenso überraschend», erklärt *Hans Joachim Gross* vom Martinsrieder Institut, «war damals auch der Befund, dass es sich bei diesen winzigen Gebilden um blosse Moleküle einsträngiger Ribonukleinsäure handelte, die – anders als bei Viren – von keinerlei schützender Hülle aus Proteinen umgeben war. Man sprach deshalb, etwas missverständlich, von 'nackten Viren' – obschon *Viroide nichts mit Viren gemeinsam haben:* Als nackte, infektiöse und krankheitsauslösende Ribonukleinsäuren bilden sie eine gänzlich *eigene Klasse von Krankheitserregern.*» Darüber hinaus jedoch, so Gross weiter, stellen sie zugleich eine *neue Art von Ribonukleinsäuren* dar. Denn normalerweise – in Viren wie auch in den Zellen sämtlicher Organismen – liegen solche Ribonukleinsäuren als kettenförmige Makromoleküle vor, die zwar spezifisch geformt und gefaltet sind, dabei aber grundsätzlich *zwei offene Enden* aufweisen. Gebildet aus einer wechselnden Folge von nur vier Grundbausteinen, den sogenannten Nukleotiden, spielen sie eine wichtige Rolle als Überträger von Erbinformationen – des genetischen Codes, der auf ihnen durch die Reihenfolge der Nukleotide festgeschrieben steht.

Demgegenüber ist der Ribonukleinsäure-Strang der Viroide – bis jetzt einzigartig in der Natur – zu einem *Ring ohne Anfang und Ende* geschlossen. Und dieser Ring ist dann seinerseits zu einem stäbchenförmig gestreckten Gebilde verdrillt: Die Nukleotid-Kette der Viroide bildet damit eine sogenannte Helix, einen schrauben- oder wendeltreppenartig gewundenen Doppelstrang, der an beiden Enden eine einfache «Umkehrschleife» trägt. Man kann sich eine solche Helix als «Modell-Viroid» veranschaulichen, indem man einen Gummiring mehrmals verdrillt.

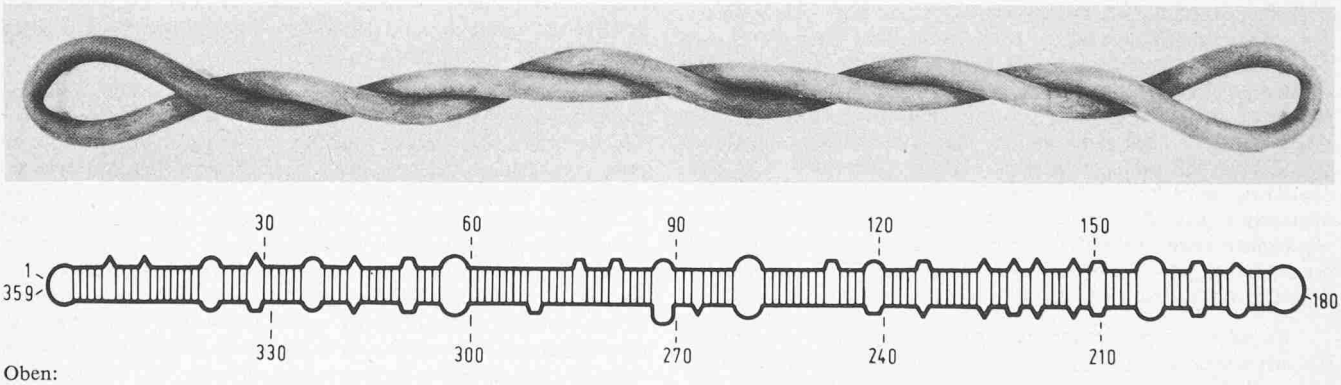
«Der Zusammenhalt der Doppelwendel», so Gross, «entsteht dadurch, dass sich immer zwei gegenüberliegende Nukleotide durch Basenpaarung – eine Art chemischer Speiche – verbinden. An verschiedenen Stellen der Helix allerdings fehlen solche Brücken, wie wir nachweisen konnten: Dort bilden die Einzelstränge jeweils kleine Schleifen oder Bäuche, die als Störstellen zwischen verdrillten Abschnitten des Viroids liegen.»

Nach Aufklärung der Ringstruktur im Jahre 1976 nahmen die Martinsrieder Biochemiker gemeinsam mit *Heinz Ludwig Sänger* von der *Abteilung für Pflanzenvirologie* der *Universität Giessen* die ungleich schwierigere Aufgabe in Angriff, auch die *Reihenfolge der vier Grundbausteine* im Nukleinsäurestrang eines Viroids zu ermitteln – und damit überhaupt erstmals den genauen molekularen Bauplan eines Krankheitserregers aufzudecken. Dabei lag eine besondere Schwierigkeit darin, erst einmal eine ausreichende Menge Viroid-Substanz für eine solche Analyse zu gewinnen. Denn Viroide vermehren sich nur sehr langsam und liegen darum in infizierten Pflanzen nur in verschwindend kleinen Mengen vor. Sänger, selbst Entdecker eines der Viroide, konnte dieses Problem schliesslich lösen. Dazu Gross: «Professor Sänger züchtet in Gewächshäusern Zehntausende infizierter Pflanzen, aus deren Blätter er dann das Viroid isoliert. Während man aber sonst bei Ribonukleinsäuren kaum Mühe hat, sich genügende Mengen zu beschaffen, liefert ein Kilogramm dieser Pflanzenblätter höchstens an die hundert Mikrogramm hochgereinigtes Viroid-Material.»

Dementsprechend musste für die Analyse auch ein Verfahren herangezogen werden, das in dieser Form noch nie zuvor an einer derart «grossen» Ribonukleinsäure erprobt worden war – «gross», was die Zahl der Nukleotide angeht: Die Nukleinsäure der Viroide besteht, wie sich zeigte, aus insgesamt 359 dieser vier «genetischen Buchstaben».

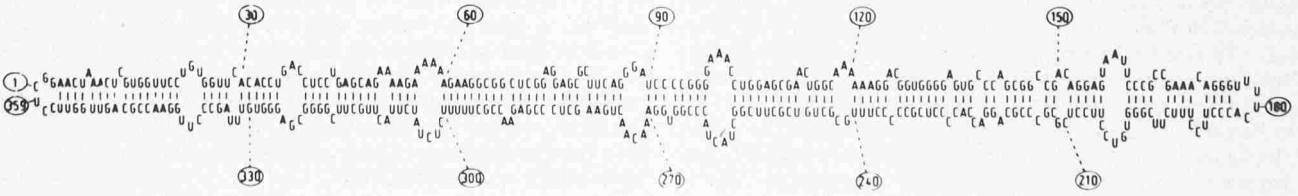
Im Prinzip glich das Verfahren einem *Puzzlespiel mit Tonbandstücken*. Zunächst nämlich wurden die Viroide in verschieden lange Abschnitte zerlegt, und zwar mit Hilfe sogenannter *Ribonukleasen*. Das sind *Enzyme*, die man als chemische Scheren für Ribonukleinsäuren bezeichnen könnte: Einige dieser Scheren schneiden dabei wahllos, sie trennen die Nukleotid-Kette also an zufälligen Stellen durch, andere dagegen schneiden nur an solchen Stellen, an denen jeweils ein bestimmtes der vier Nukleotide sitzt.

Man erhielt auf diese Weise ein Gemisch aus unterschiedlich langen Nukleinsäure-Stücken, gewissermassen «Tonband-Schnipseln», die jeweils an einem ihrer Enden mit einem Atom des radio-



Oben:
Einfaches Viroid-Modell — ein Gummiring, der zu einer stäbchenförmigen Helix verdrillt ist. Darunter ein Schema, in dem die Brücken zwischen je zwei Nukleotiden der Viroid-Helix durch Striche angedeutet sind; zwischen diesen helikalen, gewundenen Zonen liegen Störstellen der Helix: Hier bilden die Einzelstränge jeweils Schleifen oder Bäuche

Unten:
Dasselbe Schema mit der Sequenz der 359 «genetischen Buchstaben», die jetzt identifiziert worden sind (A: Adenosin, C: Cytidin, G: Guanosin, U: Uridin)



aktiven Phosphor-32-Isotops markiert wurden. Die weitere und eigentliche «Detektiv-Arbeit» der Martinsrieder Biochemiker bestand darin, die Nukleotid-Sequenz aller einzelnen Fragmente zu analysieren und aus diesen bruchstückhaften «Buchstabenfolgen» schliesslich den vollständigen «genetischen Text» der Viroid-Ribonukleinsäure zu rekonstruieren. Und dieses Puzzle ging auf: Am Ende lag der vollständige molekulare Bauplan eines Viroids vor; er erwies sich sowohl in der Reihenfolge der insgesamt 359 Bausteine als auch in deren räumlicher Anordnung als einmalig unter den bisher bekannten Nukleinsäuren. «Durch unsere Analyse», erklärt Gross, «sind nun die Voraussetzungen geschaffen, weitere wichtige und bisher noch unbekannte Eigenschaften der Viroide aufzudecken. So weiss man nicht, wie sich diese Krankheitserreger vermehren, auch kennt man nicht den Mechanismus, der zum Krankwerden der durch sie befallenen Pflanzen führt. Und man hat deshalb bis heute noch kein Mittel, Viroide auf irgendeine Weise zu bekämpfen.»

Dabei verursachen Viroide Jahr um Jahr *grosse wirtschaftliche Schäden* vor allem in den Entwicklungsländern. So bewirkt das Viroid, dessen Struktur nun entschlüsselt worden ist, die sogenannte *Spindelknollensucht der Kartoffel:* Die sonst runden Früchte sind verkleinert und zu länglichen Spindeln verformt. Andere bekannte Viroide befallen *Zitrusfrüchte*, *Gurken*, *Chrysanthemen* sowie – bisher nur in *Japan* – *Hopfenpflanzen*. Besonders gefürchtet ist das *Cadang-Cadang-Viroid*, das auf den *Philippinen* ganze *Kokospalmen-Haine* vernichtet. Die Wipfel der von ihm befallenen Palmen sterben ab und brechen dann beim nächsten stärkeren Wind.

Gerade aufgrund des wirtschaftlichen Schadens, den sie anrichten, wurden die Viroide im Jahre 1971 entdeckt. Und man kennt sie bisher auch nur als Krankheitserreger bei Nutzpflanzen, die unter tropischem Klima auf Plantagen oder in Gewächshäusern gedeihen. An Tieren und am Menschen hat man Viroide oder viroid-ähnliche



Das Cadang-Cadang-Viroid verwüstet Kokos-Plantagen auf den Philippinen: Die Wipfel der Bäume verdorren und brechen schliesslich ab. Die Analyse der molekularen Struktur eines Viroids könnte der erste Schritt zur Bekämpfung dieser bislang rätselhaften Krankheitserreger sein

Erreger bisher nicht nachweisen können – was jedoch an ihrer Kleinheit liegen mag. Denn dass eine Sorte Krankheitserreger auf Pflanzen beschränkt wäre, liefe zumindest den Erfahrungen mit allen Viren, Pilzen, Bakterien und anderen Pathogenen zuwider. «Es bleibt in jedem Fall», so Gross, «noch genügend zu tun, und Viroide werden noch für einige Zeit eines der faszinierendsten Rätsel der Biologie bleiben. Unser Erfolg, erzielt in planvoller und enger Zusammenarbeit mit Professor Sänger, stellt nur einen ersten Schritt dar.» Allerdings einen wesentlichen Schritt: Mit ihm wurden infektiöse, vermehrungsfähige und krankheitsauslösende Moleküle zu einer biologischen und biochemischen Realität. *Walter Frese*, München

Umschau

Schweizerischer Bund für Naturschutz

Hässliche Wunden in der Landschaft ?

Die biologische und naturschützerische Bedeutung neuer und alter Kies-, Sand-, Lehm- und Steingruben bildete das Hauptthema der diesjährigen Oberaufseher-Tagung des Schweizerischen Bundes für Naturschutz SBN, die kürzlich unter der Leitung von P. Stünzi in Frauenfeld stattfand. Bisher galten die mehr oder weniger grossen Löcher als «hässliche Wunden in der Landschaft», die möglichst rasch zu beseitigen, d.h. aufzufüllen und zu begrünen seien. In den letzten Jahren hat sich aber gezeigt, dass man das Kiesgrubenproblem vom Standpunkt des Landschafts- und Naturschutzes aus differenzierter beurteilen muss. Viele frische und ältere Gruben stellen nämlich biologisch überaus reichhaltige Inseln inmitten unserer zusehends verarmenden Kulturlandschaft dar und sind daher schützenswert. Sie bilden gewissermassen einen Ersatz für die im Mittelland praktisch verschwundenen natürlichen Flussauen mit ihren Sand- und Kiesflächen, steilen Uferwänden, Tümpeln usw. Ein Fachmann stellte fest: Nirgendwo findet man leicht zugänglich und auf kleinstem Raum in ungewöhnlicher Dichte so viele interessante Tiere und Pflanzen wie hier. Manche Arten kommen heute fast nur noch in diesen vom Menschen geschaffenen «Ersatzbiotopen» vor.

Die Besichtigung dreier heute unter Schutz stehender Gruben führte den Tagungsteilnehmern den Pflanzen- und Tierreichtum dieser sogenannten Ödgebieten vor Augen. Zugleich wurde Zeugnis abgelegt von der fortschrittlichen Einstellung des Kantons Thurgau zum Kiesgrubenproblem. Nachahmenswert ist aber auch das Beispiel der kleinen Gemeinde Kaltenbach, wo auf Initiative eines Lehrers eine alte, zum Teil als wilde Deponie benützte Kiesgrube zum mustergültigen Schulreservat für den Biologieunterricht umgestaltet wurde. Es ist zu hoffen, dass auch in andern Kantonen und Gemeinden, welche über das Schicksal ausgedienter Gruben zu befinden haben, vermehrt an die Möglichkeit und Notwendigkeit der Schaffung solcher Reservate gedacht wird. Um Fehlschläge zu vermeiden, sollten dabei aber von Anfang an Naturschutzfachleute beigezogen werden.

Erfolgreiches Naturschutzzentrum

Im Naturschutzzentrum Aletschwald auf der Riederalp konnte kürzlich ein kleines Jubiläum gefeiert werden. Der 30000. Gast besichtigte die naturkundliche Ausstellung in der renovierten Villa Cassel hoch über dem Aletschgletscher.

Auch für die nunmehr dritte Saison seit Eröffnung zeichnet sich ein grosser Erfolg des vom Schweizerischen Bund für Naturschutz SBN getragenen Zentrums ab. Neben regelmässig durchgeführten Exkursionen im Reservat Aletschwald und in der Region werden dieses Jahr rund vierzig mehrtägige Anlässe organisiert. Höhepunkt der diesjährigen Saison bildet ein internationaler Glaziologenkongress, der die führenden Wissenschafter der Gletscherkunde aus der ganzen Welt – sogar aus China – in der Villa Cassel vereinigen wird.

Kraft-Wärme-Koppelung in den USA aktuell

Ausgelöst durch die aktuelle Energiesituation seit dem Eintreten der Primärenergieverteuerung im Zuge der Ölkrise und insbesondere durch die Energiebotschaften von Präsident Carter im April 1977 beginnt sich die amerikanische Industrie zunehmend mit der Koppelung der Erzeugung der in *Industriebetrieben* benötigten elektrischen Energie und der notwendigen Lieferung von *Prozesswärme* zu beschäftigen.

Die starke Stellung der Energieversorgungsunternehmen, die bisher elektrische Energie zu günstigen Bedingungen praktisch im ganzen Land anboten, hat bewirkt, dass die Kraft-Wärme-Koppelung in den USA bisher weit seltener zur Anwendung gelangte als in Europa. So beträgt zum Beispiel der Anteil der in der Industrie erzeugten elektrischen Energie in Deutschland 29 Prozent, in den USA hingegen nur 5 Prozent vom Gesamtverbrauch an elektrischer Energie.

Vorteile

Diese werden am einfachsten sichbar durch Betrachtung eines Beispiels. Hiezu eignen sich besonders *Energieflussdiagramme* (vgl. Abbildung)

Im Falle A wird die elektrische Leistung vom öffentlichen Netz bezogen, die Prozesswärme wird in *Niederdruckdampfkesseln* erzeugt. Im Falle B wird die Prozesswärme vom Abdampf einer