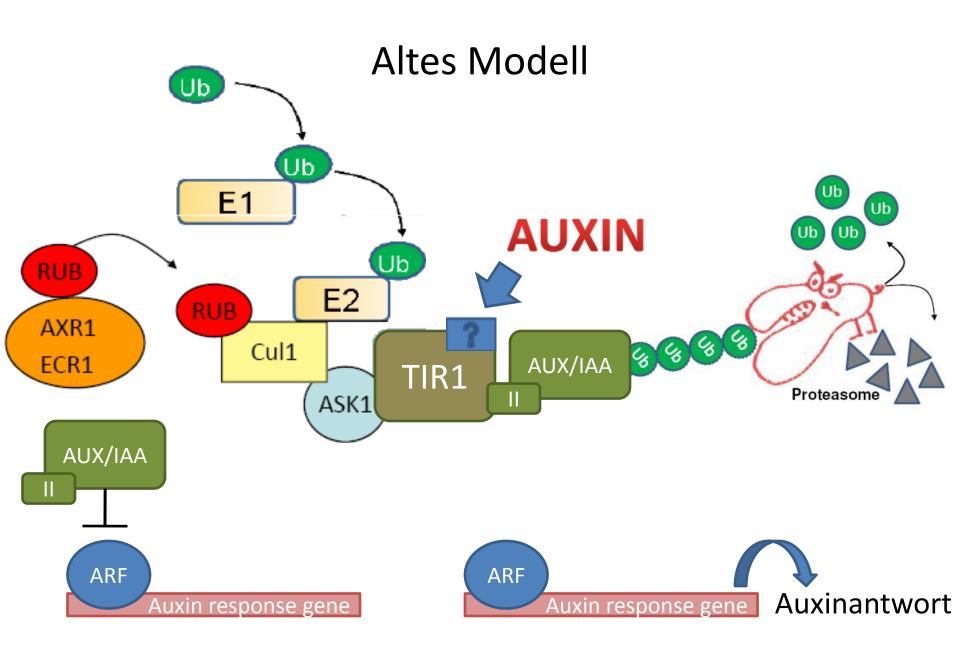
ARTICLES

Mechanism of auxin perception by the TIR1 ubiquitin ligase

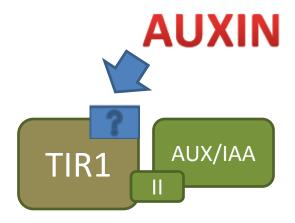
Xu Tan¹, Luz Irina A. Calderon-Villalobos², Michal Sharon³, Changxue Zheng¹, Carol V. Robinson³, Mark Estelle² & Ning Zheng¹

Nina Dombrowski Martin Weyhe 17.06.2009



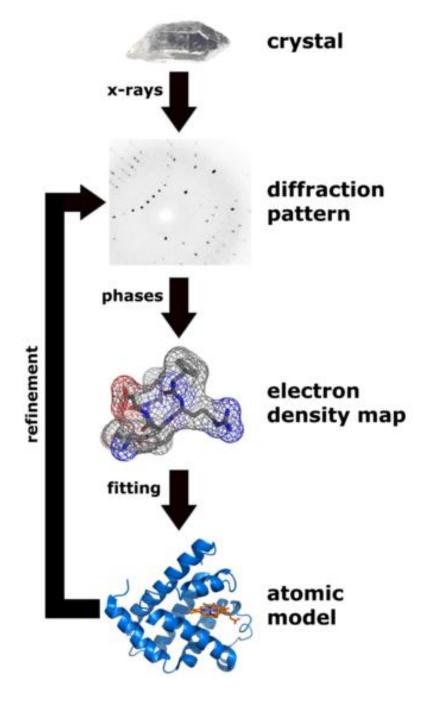
Ziele

Welche molekularen Mechanismen wirken bei der Erkennung von Auxin durch TIR1?



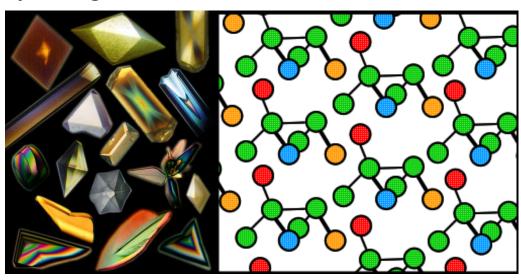
→ Proteinkristallstruktur

TIR1-ASK1 Komplex und IAA7 Peptid +/- Auxin



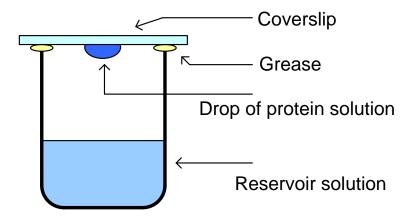
Proteinkristallisation

- Für Röntgenstrukturanalyse
 hochgerodnete Struktur notwendig → Kristall
- Gereinigtes Protein langsam in Lösung ausgefällt
- Individuelle Bedingungen für jeweiliges Protein
 - pH
 - Fällmittel
 - Temperatur
 - Proteinkonzentration ...

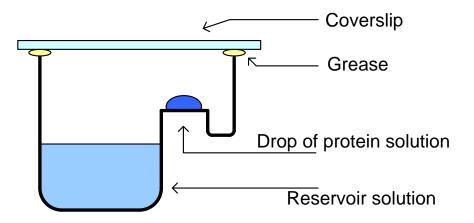


Vapour Diffusion

Hanging Drop

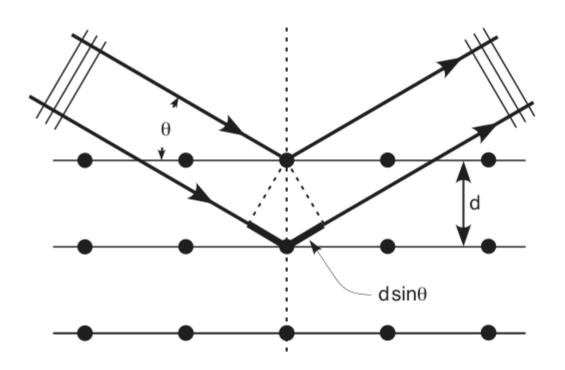


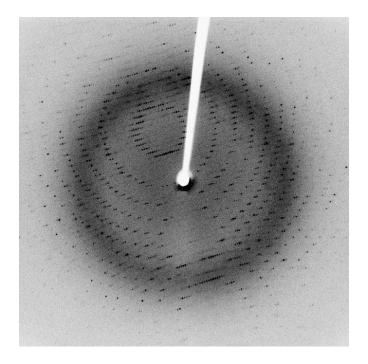
Sitting Drop

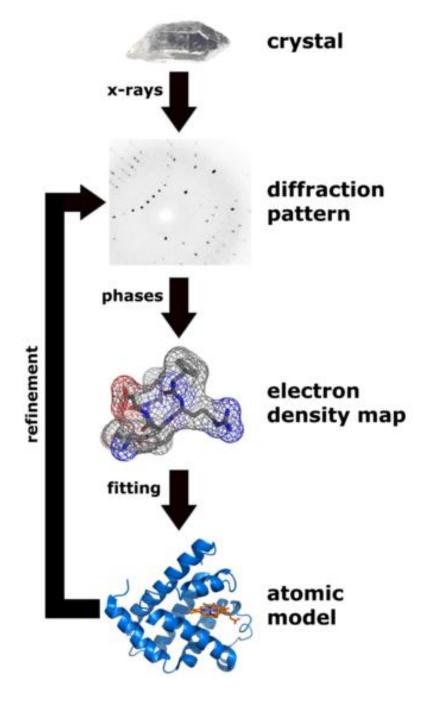


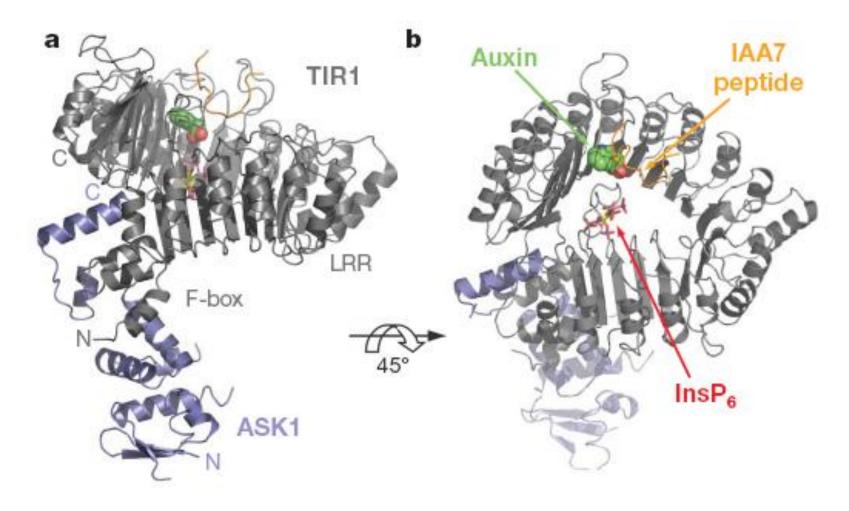
Röntgenstrukturanalyse

- Röntgenstrahlen werden an Elektronen gebeugt
- Aus Beugungsmuster kann die Elektronenverteilung ermittelt werden





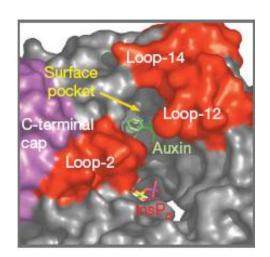


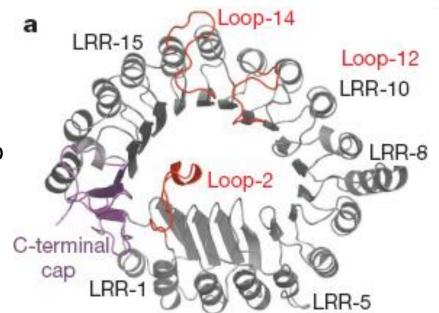


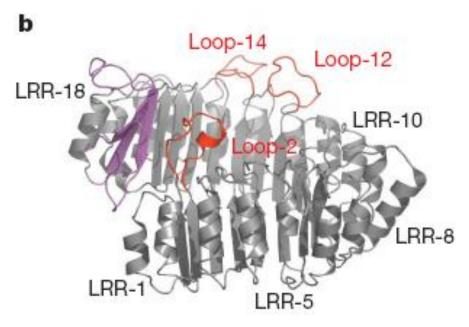
- LRR Domäne für Auxinbindung und IAA7 Rekrutierung verantwortlich
- InsP₆ (Inositol-1,2,3,4,5,6-hexakisphosphat) mitisoliert

TIR1-LRR Domäne

- Besteht aus 18 LRRs + C-terminal cap
- Spiralige Struktur (one coil helix):
 β-sheets innen
 α-Helices außen
- Loop 2, 12 & 14 formen mit β-sheets
 Auxin- & substrat-binding-pocket





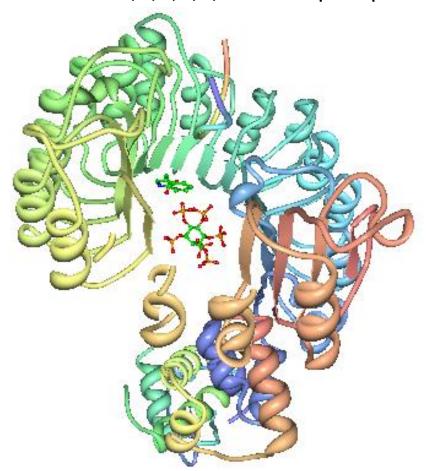


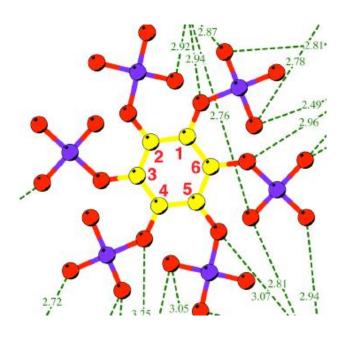
Co-Faktoren

- Nicht-Proteinanteil eines Enzyms (org. Moleküle, Metallionen)
- Beeinflussen der Reaktion durch Interaktion mit Enzym
- Interaktion kovalent → prosthetische Gruppe oder nicht kovalent
- Chemische Modifikation während Reaktion, Regeneration im Folgeschritt

Identifikation von InsP₆ in TIR1

• Inositol-1,2,3,4,5,6 hexakisphosphat

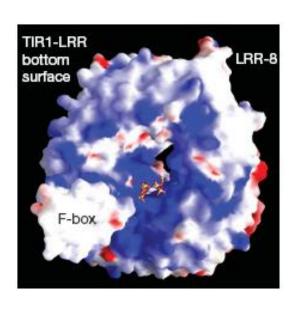


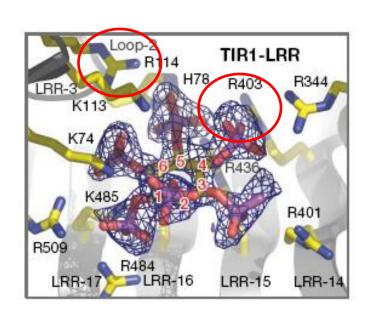


- Reguliert: DNA repair, Endocytose nukleären mRNA Transport
- In Nähe von Auxin binding site

InsP₆ als Co-Faktor von TIR1?

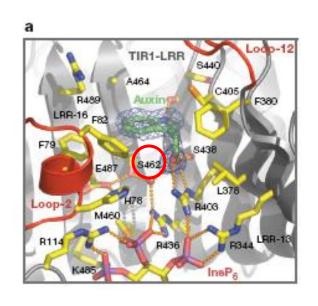
- Enge Assoziation an TIR1, da immer mitgereinigt
- Interagiert mit loop2 und Arg 403
 - → Co-Faktor





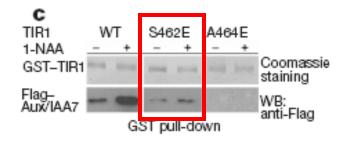
- 8 von 10 basischen Resten in AFBs streng konserviert
 - → essentiell für diese F-box-Proteine

Die TIR1 auxin-binding pocket



- 3-Wandiger Raum mit offenem Dach
- → Loop2 bildet eine Wand,

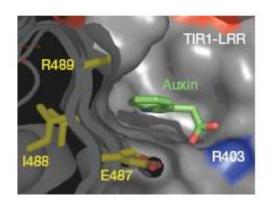
 LRR12-LRR16 die anderen
- Boden: TIR1-R von LRR2-loop
- -Darunter weitere Reste gebunden an InsP₆
- → Stabilisierung

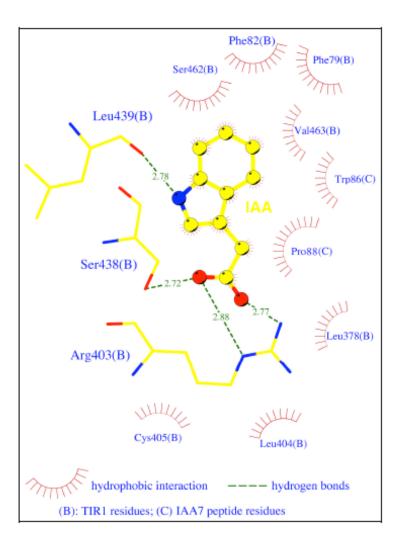


- Integrität des Bodens wichtig für Fkt.
- → AS-Mutation : Verlust der Auxin-erhöhten Bindung

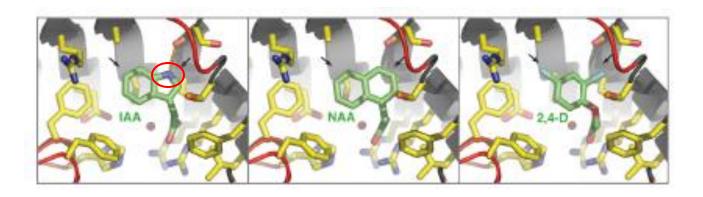
Bindung von Auxin

- -IAA bindet über **COOH-Gruppe** und Indol-Ring
- →COOH verbindet Auxin mit Boden über ionische und 2 H-Brücken-Bdg.
- →Indol-Ring: Bindet an die Wände über hydrophobe und Van-der-Waals Bdg.

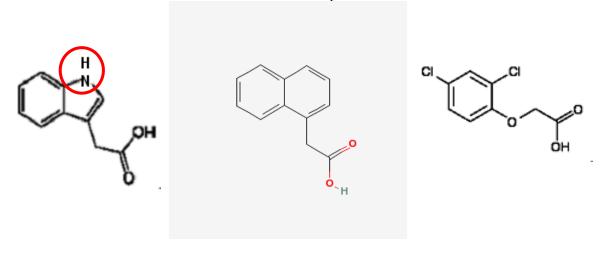




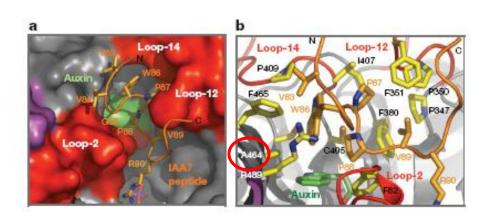
Bindung von Auxin und Derivaten



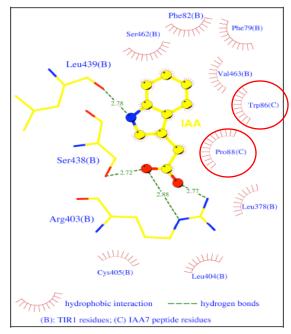
IAA > 1-NAA > 2,4-D

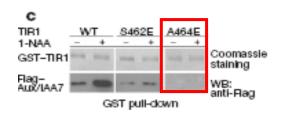


Interaktionen zwischen Substrat und TIR1



- -IAA7 mit stark hydrophober Struktur
- →Bindet an TIR1 über hydrophobe WW
- → Motiv GWPPV wichtig





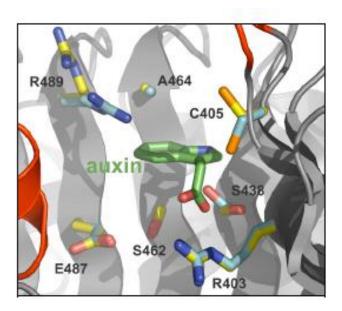
- -A464E: nicht polare AS in geladene AS
- → Weder basale Bdg. noch Auxin-erhöhte Bdg.

Wie reguliert Auxin die Bindung?

- Auxin:

- → kein allosterischer Regulator
- → keine Konformationsänderungen
- → erhöht IAA7-Bdg.
- →vergrößerte Interaktionsfläche
- → Agiert als molekularer Kleber





Gelb: TIR1-Reste mit Auxin

Blau: TIR1-Reste ohne Auxin

Diskussion

- Viele Signalwege in Pflanzen durch Ubiquitin-Ligasen kontrolliert
- → JA-Signaling benötigt COI1 (F-Box-Protein)
- → COl1 mit TIR1-ähnl.-Struktur → Rezeptor?



- Viele Erkrankungen → Defekt in Ubiquitin-Ligase-Substrat-Interaktionen
- → Kleine Moleküle könnten Protein-Protein Interaktionen in Ligasen fördern

Zusammenfassung

- LRR-Domäne bildet Auxin-binding-pocket
- -InsP₆ als Cofaktor
- Auxin und IAA7 werden über eine einzige Oberflächen-Tasche erkannt
- Bdg. Von Auxin und Derivaten über COOH-Gr. und Indol-Ring über hydrophobe WW



- Aux/IAA bindet über Auxin und schließt die komplette Tasche
- -Auxin erhöht die hydrophobe Oberfläche und agiert als molekularer Kleber zwischen TIR1 und Aux/IAA

Neues Modell

