

Die Ringe der Cleopatra

■ Kennen Sie *cleopatra*, *ariadne*, *thor* oder *sarah*? Klar, lächeln jetzt viele. Und wie sieht's aus mit *scott of the antarctic*, *kojak* oder *ken and barbie*? Auch damit kann der allgemeingebildete Mensch in der Regel etwas anfangen. Aber die Schreibweise – die macht misstrauisch, oder? Nicht jeden. Bei dem ein oder anderen Drosophilisten hat sich das Lächeln längst zu einem konspirativen Grinsen verzogen: Es handelt sich allesamt um Gene ihres Lieblingstiers.

Ja, die Namensgebung in der Biologie – richtig schön wild ist sie bisweilen. Zumindest solange, bis immer mehr Leuten doch alles irgendwie zu unübersichtlich wird, eine Kommission zusammenkommt und eine verbindliche Nomenklatur beschließt. Siehe etwa die EC (*Enzyme Commission*)-Nomenklatur für Enzyme. Die ist dann meist logisch und nützlich, aber lange nicht mehr so intuitiv, originell und trotzdem einprägsam.

Dennoch: „Name it as you see it“ ist bis heute oftmals Motto, nach dem neu entdeckte Gene, Proteine oder Zellstrukturen ihre erste Taufe erleben. Und gerade die Drosophilisten haben sich, seit Thomas H. Morgan 1910 seine weißäugige Mutante nach obigem Motto einfach *white* nannte, bis heute erfolgreich gegen Richtlinien gestraubt wie sie etwa für *Caenorhabditis* gelten. Drei Buchstaben und eine Nummer für jedes Wurmgen – wie langweilig. Nein, *Drosophila* darf weiterhin Namen wie *swiss cheese*, *lost in space*, *broken heart* oder *drop dead* für ihre Gene entgegen nehmen. Auch wenn Nobelpreisträger Eric Wieschaus durchaus einräumt, dass die Trivialität eines Namens oftmals nur widerspiegelt, wie wenig man eigentlich über das benannte Objekt weiß.

Halb so wild. Problematisch wird es eher, wenn auf diese Art benannte Moleküle wegen neuer Einsichten oder Nomenklaturen wieder umgetauft werden müssen. Oder Namen dazu bekommen. So geschehen etwa, nachdem Peter Krammer und Co. vom Heidelberger DKFZ einen Apoptose-Rezeptor auf lymphoiden Tumorzellen entdeckten und ihn mit dem Kürzel APO-1 versahen. Später stellte sich heraus, dass APO-1 mit dem bereits beschriebenen Fas-Antigen identisch ist. Zudem unterlagen die Leukozyten-Oberflä-

chenproteine inzwischen der sogenannten CD (*Cluster of Differentiation*)-Nomenklatur, in die sich der Rezeptor nun mit der Nummer 95 einreihen musste. Drei Kürzel also für ein und dasselbe Molekül, in Veröffentlichungen ist jetzt die Rede von APO-1 (Fas/CD95) oder CD95(APO-1/Fas). Originell ist das nicht, von optimalem Nutzen schon gar nicht.

Das Beispiel zeigt noch etwas anderes: den starken Drang zu Kürzeln in der biologischen Molekül-Nomenklatur. Aber auch der erstickt natürlich nicht alle Originalität. Auch hier ein schönes Beispiel: 1991 fand eine US-Gruppe ein Gen, das sie wegen eines offensichtlich interessanten Sequenzmotivs RING-1 nannte. RING stand schlichtweg für *really interesting new gene*. Das Motiv entpuppte sich als weit verbreitet, über 400 Proteine haben eine entsprechende RING-Domäne. Und noch besser: die „RINGe“ erwiesen sich als kleine Zink-bindende Domänen. Ein kleiner Zink-Finger also, womit – logisch – der „RING-Finger“ geboren war.

Und es geht noch weiter: Viele funktionell völlig verschiedene RING-Proteine findet man in kleinen supramolekularen Strukturen im Zellkern, die man gemeinhin als *dots*, *speckles* oder *bodies* bezeichnet. „Punkte, Flecken oder Körper“ – wieder so ein schönes Beispiel für „Name it as you see it“, wenn Du es nicht besser weißt“. Denn ob diese wohlorganisierte Orte biochemischen Geschehens darstellen oder einfach nur unfunktionelle Aggregate, war lange nicht bekannt.

Damit könnte es jetzt vorbei sein. Ende letzten Jahres verkündeten New Yorker Strukturbiologen, dass gerade die RING-Domänen sich selbstständig und mannigfach zu einer Art Gerüst zusammenordnen, in das sie jeweils die verschiedenen Partnerproteine so einpassen, dass diese im *dot*, *speckle* oder *body* mit ihren jeweiligen Nachbarn umso effektiver funktionieren und interagieren (*PNAS* 99, S. 15404).

Man könnte nun also über eine Nomenklatur nachdenken, die diese verschiedenen supramolekularen Strukturen nach funktionellen Gesichtspunkten ordnet. Von *dots*, *speckles* und *bodies* bräuchte dann vermutlich keiner mehr reden. Sicherlich sinnvoll – aber irgendwie auch schade. RALF NEUMANN