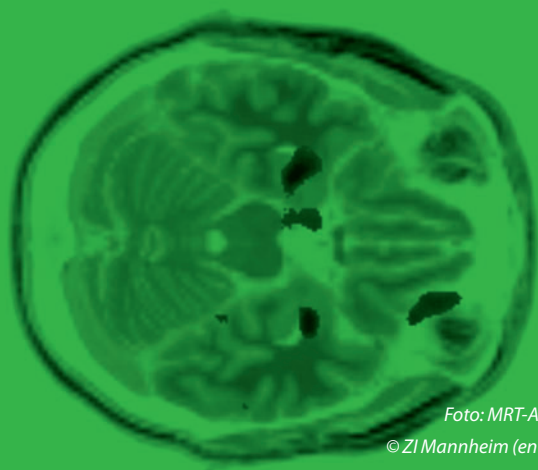
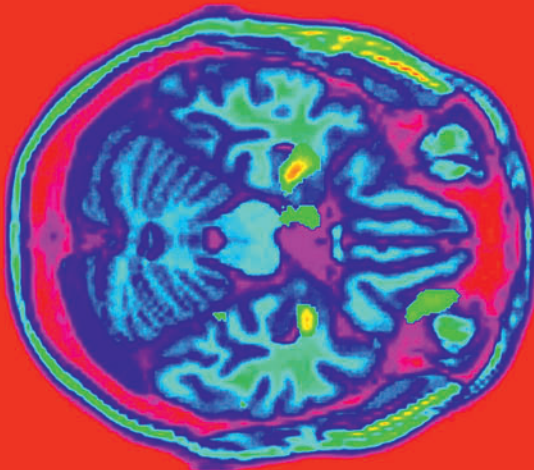
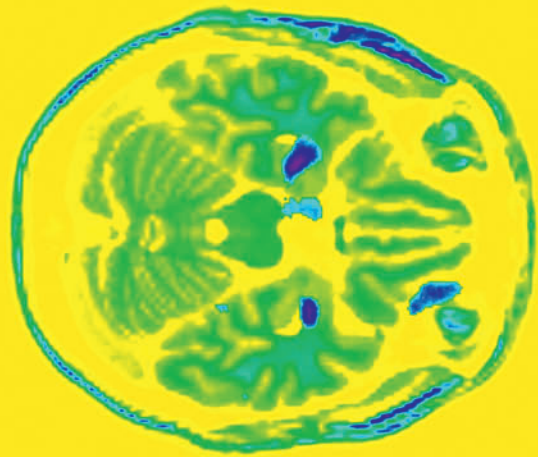


Pilzwachstum in der lebenden Rapspflanze auf dem Prüfstand · Das komplexe Netzwerk der zellulären Bausteine · „Imaging Genetics“ – wie genetische Faktoren Struktur und Funktion des Gehirns beeinflussen · Wie ein kleines Kraut weltberühmt wurde · Sequenziert: Ötzi, Milzbrand und Grünalge Volvox · Der Querdenker – Christian Voigt im Wissenschaftlerportrait

„Imaging Genetics“
wie genetische Faktoren
Struktur und Funktion
des Gehirns beeinflussen
Seite 8



Inhalt

2 Inhalt

3 Editorial

Forschung

4 Pilzwachstum in der lebenden Rapspflanze auf dem Prüfstand

Systematische Analyse einer Pilz-Wirtspflanzeninteraktion: Genom, Proteom und Metabolom

6 sequenziert: Milzbranderreger ist nicht gleich Milzbranderreger

Neue pathogene *Bacillus*-Variante sequenziert

7 Das komplexe Netzwerk der zellulären Bausteine

9 „Imaging Genetics“ – wie genetische Faktoren Struktur und Funktion des Gehirns beeinflussen

11 sequenziert: Ötzi ins Genom geblickt

12 Wie ein kleines Kraut weltberühmt wurde

Pflanzengenom-Sequenz feiert 10. Geburtstag

14 sequenziert: Die Evolution verstehen mit Grünalgen-Gen

Wie das Erbgut einer Grünalge helfen kann, die Evolution der Mehrzeller besser zu stehen, haben Wissenschaftler kürzlich ergründet.

Portraits

15 Der Querdenker

Wissenschaftlerportrait Prof Dr. Christian Voigt

Treffen

18 Pflanzenforschung vom Labor bis auf den Acker

Mehr als 20.000 Besucher auf den DLG Feldtagen in Niedersachsen

20 Kick-Off für GenoMik-Transfer

In Göttingen trafen sich 78 Teilnehmer aus Wissenschaft, Industrie und Forschungsförderung

21 Freier Zugang zum Wissen

Expertenkonferenz in Köln zu Open Access und Open Data

22 Veranstaltungen auf einen Blick

Aktuelles

23 Bienen online im Klassenzimmer

Auszeichnung für das Würzburger Bienen-Projekt HOBOS

24 Genomforschung für die Schule

Erste Ausgabe des Magazins GENOMXPRESS SCHOLAE erschienen

24 Neues LOEWE-Zentrum für Zell- und Gentherapieforschung

Hessisches Ministerium für Wissenschaft und Kunst fördert Forschungsverbund der Goethe-Universität

25 Mit Genomforschung zu individueller Krebstherapie

Deutschland baut Beteiligung an internationalem Großprojekt aus

26 Globale Herausforderung und einzigartige Chance für Innovation

BioÖkonomieRat übergibt erstes wissenschaftliches Gutachten an die Bundesregierung

27 Vierter Runder Tisch zur Pflanzengenetik

Neue Förderinitiative zur biologischen Sicherheitsforschung beschlossen

28 Bioenergie zum Anfassen

Hohenheimer Studierende vom BMBF ausgezeichnet

28 Investition in den Wohlstand der Zukunft

Schavan legt Hightech-Strategie 2020 im Kabinett vor

29 Förderung von Innovationen in der Agrartechnik

29 Biogasfläche legt weiter zu

Anbau nachwachsender Rohstoffe 2010

30 9. NCL Kongress in Hamburg

Internationaler, wissenschaftlicher Austausch im Hinblick auf eine Gentherapie der tödlichen Kinderkrankheit „Neuronale Ceroid Lipofuszinose (NCL)“.

31 Wissenschaft kompakt

37 Stellenmarkt

39 Impressum

Editorial

Liebe Leserinnen und Leser,

es tut sich einiges in der Forschungslandschaft des Bundesministeriums für Bildung und Forschung. Zunächst wurde das neue Programm „Pflanzenbiotechnologie für die Zukunft“ angekündigt. Die „Pflanzenbiotechnologie für die Zukunft“ basiert auf dem äußerst erfolgreichen BMBF Programm „Genomanalyse im biologischen System Pflanze - GABI“, erweitert es jedoch um alle Aspekte der Biotechnologie. Auch das Programm „Pflanzenbiotechnologie“ wird eine „public-private partnership“ sein, in der Wissenschaftler aus öffentlichen Einrichtungen eng mit Partnern aus der Privatwirtschaft zusammenarbeiten. Schwerpunkt des Programmes wird dabei die zielgerichtete Überführung der Erkenntnisse aus GABI in die Anwendung und hierbei insbesondere in die züchterische Praxis sein.

Dies ist reflektiert in der Struktur des Programmes, welches aus zwei Modulen bestehen wird, den Modulen Produkte und Transfer. Im Modul Transfer wird es darum gehen, gezielt Erkenntnisse und vielversprechende anwendungsnahe Eigenschaften aus Modellpflanzen – wie beispielsweise der Ackerschmalwand – in Kulturpflanzen umzusetzen. Der Name des Moduls Produkte verriet bereits, dass es hier insbesondere um die Entwicklung bereits identifizierter vielversprechender Ansätze in Kulturpflanzen gehen wird, die in eine gezielte Produktentwicklung führen soll. In beiden Modulen wird ausdrücklich die gesamte Bandbreite moderner biotechnologischer Methoden eingesetzt werden.

Um die inhaltlichen Erweiterungen auch sichtbar zu machen, wird das Programm von nun an nicht mehr den Namen GABI tragen, sondern es wird als „Pflanzenbiotechnologie“ bezeichnet. Mit etwas Wehmut verabschieden wir uns daher auch von unserem GABI Logo, welches sie ab sofort auch nicht mehr im GENOMXPRESS finden.

Ein weiterer Meilenstein in der Forschungslandschaft des BMBF wurde am 8. September in Berlin gesetzt, als der BioÖkonomieRat den Ministerinnen Schavan und Aigner sein erstes Gutachten zur Bioökonomie übergab. Der BioÖkonomieRat ist ein Gremium, das vom BMBF zusammen mit dem Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz initiiert wurde. Es besteht aus hochkarätigen Wissenschaftlern und Vertretern aus der Privatwirtschaft. In dem Gutachten werden zunächst die globalen Herausforderungen der Gegenwart und nahen Zukunft identifiziert. Als Lösungsansätze sieht der BioÖkonomieRat eine verstärkt interdisziplinäre Forschung, bei der Aspekte wie Klimaschutz, Bodenschutz, Pflanzenertrag, Tierzucht, Verfahren und Biomasse für die industrielle Biotechnologie nicht mehr isoliert sondern in Zusammenarbeit untersucht werden müssen. Die Grund-

lage hierfür wurde durch solche erfolgreichen Forschungsprogramme wie GenoMIK, FUGATO, und GABI gelegt.

Ein Beispiel für solche interdisziplinären Ansätze finden Sie

bereits in dieser Ausgabe des GENOMXPRESS auf Seite 4. Im Rahmen des GenoMik-Transfer Projektes BioFung wird das Wachstum des biotrophen Pilzes *Verticillium longisporum* in der Nutzpflanze Raps untersucht. Ziel des Projektes ist, durch Kontrolle des Wachstums des Pilzes den Pflanzenschutz bei Raps zu verbessern.

Aus dem Netzwerk NGFN finden Sie in dieser Ausgabe zwei Artikel. Auf Seite 7 wird eine neu entwickelte Methode zur Analyse der Zusammenarbeit von Proteinen in komplexen Netzwerken beschrieben. Unter Nutzung neuester und hochauflösender Techniken kann sehr genau untersucht werden, wo und welche Proteine unter bestimmten Bedingungen interagieren. Solche Informationen über Proteininteraktionen werden unser Grundverständnis der komplexen Abläufe in einer Zelle entscheidend verbessern.

Im Bericht auf Seite 9 geht es um verbreitete neuropsychiatrische Störungen - wie Schizophrenie und Depressionen, bei denen die Vererbung ein wichtiger Faktor für das Erkrankungsrisiko ist. Der NGFN-Plus Forschungsverbund MoodDS benutzt bei seinen Untersuchungen eine neuartige Verbindung aus Genomforschung und Bildanalyse des Gehirns. Mithilfe dieser „imaging genetics“ konnten wichtige Ergebnisse zum Verständnis der biologischen Ursachen dieser neuropsychiatrischen Störungen ermittelt werden.

Zum 10. Geburtstag der Veröffentlichung des ersten Pflanzengenoms präsentieren wir einen Artikel auf Seite 12. Dieser Artikel verdeutlicht die Wichtigkeit und Notwendigkeit der Pflanzengenomforschung auch und gerade im sogenannten „postgenomischen“ Zeitalter. Die Genomsequenzen von immer mehr Kulturpflanzen werden mit der Zeit bekannt. Diese können für eine schnellere und gezieltere Pflanzenzüchtung benutzt werden.

Wir hoffen Ihnen hiermit eine informative und facettenreiche Sommerausgabe des GENOMXPRESS zu präsentieren.

Viel Spaß beim Lesen wünscht im Namen
des gesamten Redaktionsteams aus Potsdam

Dirk Büssis



Pilzwachstum in der lebenden Rapspflanze auf dem Prüfstand

Systematische Analyse einer Pilz-Wirtspflanzeninteraktion: Genom, Proteom und Metabolom



Pflanzen interagieren mit einer Vielzahl von Pilzen. Diese Interaktion kann sich sowohl positiv als auch negativ auf das Pflanzenwachstum auswirken. Bei den pathogenen Pilzen unterscheidet man im wesentlichen zwei Gruppen, die biotrophen und die nekrotrophen Pilze. Während die nekrotrophen Pilze die Pflanze abtöten und dann das verbleibende Material abbauen, gelingt den biotrophen Pilzen die Ausbreitung in der lebenden Pflanze. Dazu haben biotrophe Pilze Mechanismen entwickelt, um die Abwehrsysteme der Pflanze zu umgehen. Das Projekt BioFung untersucht den filamentösen Pilz *Verticillium longisporum*, einen biotrophen Pilz, der im Raps wachsen kann. Die Nachfrage nach Rapsölen als Speisezusatz und als Biokraftstoff nimmt zu. Der Pilzbefall wird auf den Feldern sehr spät bemerkt und die wirtschaftlichen Verluste steigen stetig. Ziel des Projektes ist es, das Wachstum des Pilzes in der lebenden Pflanze zu kontrollieren und den Pflanzenschutz zu verbessern. Hierzu dient die systematische Analyse des Erregers während der biotrophen Wachstumsphase in seinem Wirt.

Susanna A. Braus-Stromeier und Gerhard H. Braus

Rapsfelder sind auffallend gelb und der unvoreingenommene Beobachter kann den fortschreitenden Erfolg der Rapspflanze *Brassica napus* an der Zunahme der leuchtend gelben Felder im zentralen und nördlichen Europa leicht selbst abschätzen. Zur Aufwärtsentwicklung des Rapsanbaus tragen die hohen Konzentrationen an Omega-3-Fettsäuren bei, die das Rapsöl zu einem besonders hochwertigen Speiseöl machen. Dies lässt sich auch an Zahlen festmachen. Während andere Öle in ihrer Nachfrage bestenfalls stagnieren oder gar rückläufig sind, hat sich der Anteil von Rapsöl als verkauftem Speiseöl von 7,2% im Jahr 2004 auf 10,7% im Jahr 2008 erhöht.

Weiter fordern die Mitgliedsstaaten der Europäischen Union vermehrt den Einsatz von Biokraftstoffen, um Versorgungssicherheit zu schaffen und den Umweltschutz zu stärken. Dies ist ein Teil des Maßnahmenpaketes zur Einhaltung des Kyoto-Protokolls. Darüber hinaus verbinden viele mit Biokraftstoff die Hoffnung auf eine geringere Abhängigkeit von Energieeinfuhren wie Erdöl. Deutschland und Frankreich sind die größten Rapsproduzenten Europas. Die deutsche Steigerung des Bioanteils am Kraftstoffmarkt stieg von 1,2% auf 9,9% in den Jahren 2003 bis 2008. Während Deutschland im Jahr 2000 eine Biodieselpkapazität von 0,27 Millionen Tonnen aufgewiesen hat, stieg dieser theoretische Wert im Jahr 2007 um das fast 20-fache auf 5,1 Millionen Tonnen.

Gleichzeitig mit dem Ausbau der Rapsflächen in Deutschland und Nordeuropa hat auch die Infektion durch *Verticillium longisporum* stark zugenommen. Dieser Pilz verursacht die sogenannte Raps- oder Verticilliumwelke, die erst seit 1985 in Deutschland

bekannt ist und sich mittlerweile im gesamten Bundesgebiet verbreitet hat. Neben Raps werden weitere verwandte Pflanzen, wie beispielsweise Blumenkohl, Chinakohl, Öklettich oder Senf von *V. longisporum* befallen. Der Pilz ist hartnäckig und kann im Boden mehr als 10 Jahre überdauern, weil er widerstandsfähige Mikrosklerotien bilden kann, die unter geeigneten Bedingungen auskeimen und dann die Pflanzen infizieren.

Drei *Verticillium*-Arten infizieren mehr als 400 verschiedene Pflanzen

V. longisporum ist nicht der einzige Vertreter seiner Gattung. Auch seine Verwandten fallen Pflanzen an. *V. albo-atrum* wurde 1870 in Deutschland aus Kartoffeln und *V. dahliae* 60 Jahre später aus Dahlien isoliert. Die beiden Arten verursachen die Verticilliumwelke in den unterschiedlichsten Pflanzen. Zu Beginn der 80er-Jahre – mehr als 100 Jahre nach der Erstbeschreibung – kam dann *V. longisporum* als dritte pflanzenpathogene Art mit dem bisher engsten Wirtsspektrum dazu. Die drei Verticilliumstämme verursachen in mehr als 400 Pflanzen die Verticilliumwelke.

Alle Verticillien sind bodenbürtig (d.h. über den Boden übertragbar) und können Mikrosklerotien bilden. Aus diesen wächst der Pilzfaden, der als Hyphe bezeichnet wird, zu den Wurzeln der Wirtspflanze. Der Pilz dringt in die Wurzel ein und wächst auf die Leitgewebe zu. Er nutzt speziell das Xylem, die nährstoffarme Wasserleitung der Pflanze, um sich nach oben im lebenden Wirt auszubreiten. Als biotropher Pilz dringt er nicht in die Pflanzenzellen ein, so dass die Besiedlung von außen kaum sichtbar ist. Der harm-

lose Schein trägt allerdings, weil das Wachstum der Hyphe in manchen Wirtspflanzen die Leitgefäße verstopfen kann. Spätere Symptome einer *Verticillium*-Infektion sind verfärbte Blätter, frühe Blüte und gestauchtes Wachstum und damit Ertragsverlust. Alle diese Symptome sind Zeichen einer verfrühten Alterung der Wirtspflanze, und könnten ein Hinweis darauf sein, dass der Pilz den Hormonhaushalt der Pflanzen gezielt zu steuern weiß.

Aggressive *Verticillium*-Stämme nehmen zu

Die Intensität der durch *Verticillium* ausgelösten Welke kann bei verschiedenen Wirten sehr unterschiedlich ausgeprägt sein. Während die Ernteeinbuße bei Kartoffeln üblicherweise bei 10 bis 20% liegt und gelegentlich auf bis zu 50% steigen kann, führt der Befall des Salates zu einem völligen Ernteausfall. Alle Salatköpfe werden welk und ungenießbar. Diese leidvolle Erfahrung wurde vor einigen Jahren im Salinas Valley, einem der wichtigsten und größten Gemüseanbaugebiete der USA in Kalifornien gemacht. Zwischen der ersten Beobachtung von *V. dahliae* im Jahre 1995 und dem Befall von 71 Feldern mit einer Fläche von über 600 ha im Jahre 2008 liegen nur 13 Jahre. Die intensive Bewirtschaftung mit Gemüse führte zu bis zu 2200 Mikrosklerotien pro Gramm Boden. 150 Mikrosklerotien pro Gramm Boden sind bereits eine gefährliche Grenzkonzentration für die Infektion.

Verticillium-Infektionen haben an vielen Orten auf der Welt in den letzten 10 Jahren bedenklich zugenommen. Neben der intensiven Bewirtschaftung scheint ein weiterer wichtiger Aspekt eine zunehmende Virulenz des Pathogens zu sein. Ein Beispiel für den Wandel sind die traditionellen Hopfenanbaugebiete in Bayern, England, Tschechien und Slowenien. Zwar gab es schon seit den 20er-Jahren des letzten Jahrhunderts gelegentliche leichte Infektionen mit einem *V. albo-atrum*-Stamm, die zu verschmerzbaaren Einbußen geführt haben. Seit 1997 wird in diesen Anbaugebieten jedoch in zunehmendem Maß ein aggressiver Stamm angetroffen, der zu 100%-igem Ernteausfall führt. Ähnlich sind in Südeuropa insbesondere Olivenbäume stark von *Verticillium*-Infektionen betroffen. Bei der milderen Form der Infektion werden an einem Teil des Baumes die Blätter gelb und die Oliven zeigen deutliche Welkesymptome, während die stärkere Form den Baum völlig entblättert. Diese Bäume tragen dann gar keine Oliven mehr.

*Verticillium*stämme können den Wirt wechseln

Die *Verticillium*stämme scheinen sich fortlaufend an neue Wirte adaptieren zu können. So wurden befallene Oliven-Anbauflächen häufig vorher mit Baumwolle bewirtschaftet und *Verticillium* hat offensichtlich einen unerwarteten Wirtswechsel vollzogen. Ein ähnlicher Wirtswechsel scheint im Salinas Valley zum Verlust der Salaternte geführt zu haben. Der Eintrag von *Verticillium*mikrosklerotien ist über kontaminierte Spinatsamen erfolgt, die vor dem Salat angebaut wurden und die so früh geerntet werden, dass der Befall nicht bemerkt wurde. Für den Menschen ist der Verzehr von infiziertem Spinat ungefährlich. Die moderne Landwirtschaft achtet auf die Fruchtfol-

ge, was einen Organismus, der den Wirt wechseln kann, besonders erfolgreich macht. Hinzu kommt, dass das restliche Pflanzenmaterial nach der Ernte zum Mulchen verwendet wird. Wenn die Pflanze infiziert war, ergibt sich damit für den Pilz eine weitere Verbreitungsmöglichkeit. Daneben breiten sich *Verticillium* auch über kontaminierte Samen aus und können so in bisher nicht kontaminierte Böden gelangen.

Der Ursprung von *V. longisporum* ist unklar: Hybrid-Genom oder Ergebnis einer Genomduplikation?

V. longisporum fällt durch seine langen Sporen auf, die ihm den Namen gegeben haben und ihn von den beiden anderen *Verticillium*-Arten unterscheiden. Ein weiterer bemerkenswerter Unterschied ist der fast doppelt so hohe DNA-Gehalt der Zellkerne von *V. longisporum*. Bisherige Untersuchungen haben kein klares Bild ergeben, ob *V. longisporum* das Ergebnis einer Verdopplung eines *Verticillium*-Genoms oder die Fusion der Genome zweier unterschiedlicher *Verticillium*-Arten darstellt. Der Zeitpunkt der Entstehung von *V. longisporum* könnte in der zweiten Hälfte des vergangenen Jahrhunderts gelegen haben. Vermutlich gab es nach dem initialen Ereignis (Genomduplikation oder Hybridbildung) noch eine Reorganisation des Genoms und möglicherweise eine Reihe von Deletionen. Es gibt mehrere Hinweise, dass *V. dahliae* ein Elternteil darstellt, aber der Rest des Genoms ist unklar und es wird auch ein bisher unbekannter weiterer *Verticillium*-Vertreter diskutiert.

Die Sequenzierung der *V. longisporum* DNA soll das Geheimnis um die Elternschaft(en) des Pilzes lüften. Ein Genomvergleich soll weiter zeigen, welche Genbereiche im Vergleich zu den Ausgangsgenomen in *V. longisporum* verloren gegangen sind. Dann ist zu prüfen, welche Bedeutung diese Genom-Veränderungen für den Erwerb der neuen Wirtsspezifität für den Raps haben. Es stellt sich zudem die Frage, ob verschiedene Hybridbildungen zu unterschiedlichen Zeitpunkten stattgefunden haben und gegenwärtig noch stattfinden. Hybridbildung zur Erlangung einer anderen Wirtsspezifität bei Pilzen könnte einen interessanten, wenngleich auch besorgniserregenden Evolutionsmechanismus für die Entwicklung neuartiger Interaktionen zwischen Organismen darstellen.

Forschungsverbund BioFung

BioFung wird seit 2010 durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung im Förderprogramm "Anwendungsorientierte Forschung an nicht-pathogenen Mikroorganismen für Gesundheit, Ernährung und ressourceneffiziente Industrieproduktion – GenoMik-Transfer" im Rahmenprogramm "Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten" gefördert. Im Mittelpunkt des BioFung-Projektes steht das geschilderte biotrophe Wachstum des filamentösen Pilzes *V. longisporum* in der Wirtspflanze Raps (*Brassica napus*) und die Frage, wie dieser Pilz in der nährstoffarmen Umgebung im Leitgewebe (Xylem) der Pflanze wachsen und gedeihen kann. Am Anfang steht die Entschlüsselung und Annotation der Genomsequenz von *V. longisporum*.

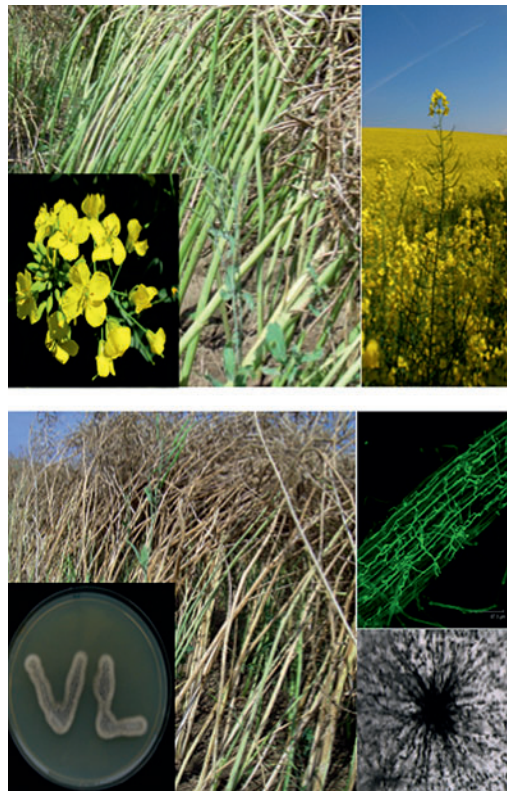


Abb. 1: Raps (*Brassica napus*) und der pathogene Pilz *Verticillium longisporum*. Nicht-infizierte (oben) und infizierte (unten) Rapspflanzen sind dargestellt. *V. longisporum* lässt sich im Labor ohne Pflanzen auf der Platte kultivieren (unten links) und kann mit Hilfe der durch Melanin dunkel gefärbten Mikrosklerotien (unten rechts) jahrelang im Boden überdauern. Der Pilz infiziert über die Wurzeln das Gefäß-System der Pflanze und wächst im Xylem (Mitte rechts). © Braus-Stromeyer/von Tiedemann, Universität Göttingen

Partner in BioFung

Koordinator

- Prof. Dr. Gerhard H. Braus, Abteilung Molekulare Mikrobiologie und Genetik, Georg-August-Universität Göttingen

Wissenschaftliche Partner

- Prof. Dr. Ivo Feußner, Abteilung Biochemie der Pflanze, Georg-August-Universität Göttingen
- Prof. Dr. Burkhard Morgenstern, Abteilung Bioinformatik, Georg-August-Universität Göttingen

Plattform Partner

- PD Dr. Rolf Daniel, Göttinger Genomlabor (G2L), Georg-August-Universität Göttingen
- Prof. Dr. Michael Hecker, Zentrum für Innovationskompetenz – Funktionelle Genomik, Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald

Industriepartner

- Norddeutsche Pflanzenzucht
Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth

Näher untersucht werden mögliche Zielgene zur Entwicklung neuartiger Fungizide, aber auch Gene, deren zelluläre Funktion als Grundlage zur gezielten Züchtung neuer resistenter Rapsorten dienen könnte. Mit der Norddeutschen Pflanzenzucht (NPZ) wurde deshalb eine Vereinbarung zur Zusammenarbeit getroffen, die

eine rasche Umsetzung der Ergebnisse in resistente Sorten ermöglichen soll. Gewonnene Erkenntnisse mit *V. longisporum* lassen sich möglicherweise auf die nahen Verwandten *V. dahliae* und *V. albo-atrum* übertragen. Von wirtschaftlicher Bedeutung sind hier insbesondere Welkekrankheiten bei wichtigen Kulturpflanzen wie Erdbeere, Tomate, Gurke, Salat, Baumwolle oder Olivenbäumen.

Parallel mit der Untersuchung des *V. longisporum*-Genoms wird eine integrative Untersuchung des biotrophen Wachstums des Pilzes im Xylem durchgeführt. Es wird gleichzeitig das Metabolom, das Transkriptom und das Proteom des Pilzes untersucht. Für alle diese Untersuchungen gibt es Experten in Göttingen, die sich an BioFung beteiligen. Der große Vorteil der engen Kooperation an einem Standort ist, dass die Untersuchungen mit demselben Probenmaterial durchgeführt werden können. Damit soll die Vergleichbarkeit der Daten maximiert werden. Interessante Gene, die sich aus den Untersuchungen ergeben, werden im Pilz ausgeschaltet und die Auswirkung auf die Infektion der Pflanze wird untersucht. Angestrebt wird ein umfassendes Bild der Interaktion von Pflanze und Pilz, das Aufschluss über den Infektionsmechanismus liefert. Dadurch sollten sich Ansatzpunkte ergeben, um das Wachstum des Pilzes kontrollieren und auch inhibieren zu können und damit den Pflanzenschutz zu verbessern.

Kontakt

Prof. Dr. Gerhard H. Braus, Dr. Susanna A. Braus-Stromeier
Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Mikrobiologie & Genetik
E-Mail: gbraus@gwdg.de

sequenziert

Milzbranderreger ist nicht gleich Milzbranderreger

Neue pathogene *Bacillus*-Variante sequenziert

Milzbrand-Bakterien sind gefürchtet. Als „Anthrax“ kamen sie zu zweifelhafter Berühmtheit als biologische Waffe. Doch Milzbrand ist nicht gleich Milzbrand wie ein Wissenschaftler-Team jetzt herausfand. Die Forscher entschlüsselten und analysierten das Erbgut einer völlig neuen Variante des Milzbranderregers vollständig. Es handelt sich dabei um das erste Bakterium, das Milzbrand verursacht und nicht zu den bekannten Milzbrandbakterien der Art *Bacillus anthracis* gehört. Die Milzbrand-Variante hatten Forscher vor einigen Jahren entdeckt, als sie Schimpansen im Tai-Nationalpark (Elfenbeinküste) untersuchten, die an Milzbrand verendet waren. Damit wurde erstmals gezeigt, dass die Erreger von Milzbrand wesentlich variabler sind als zuvor angenommen.

Durch die Entschlüsselung des Erbguts lassen sich nun ungewöhnliche und gewöhnliche Eigenschaften des „Schimpansen-Stamms“ erklären. Mit den bekannten Stämmen von *Bacillus anthracis*, die meistens aus erkrankten Wiederkäuern isoliert werden, hat der "Schimpansen-Stamm" gemeinsam, dass die Bauanleitungen für die gefährlichen Bakteriengifte (Toxine) auf mobilen genetischen Elementen, so genannten Plasmiden, zu finden sind. Diese Plasmide unterscheiden sich praktisch nicht bei dem neuen und bei den klassischen Milzbranderregern. Unterschiede gibt es aber beim Chromosom, dem genomischen „Rückgrat“, das die artspezifischen Eigenschaften eines Bakteriums bestimmt. So besitzt der neue Stamm alle Erbanlagen, um einen Bewegungsapparat auszubilden, der bei *Bacillus anthracis* fehlt, bei den engen Verwandten aus der so genannten *Bacillus cereus*-Gruppe aber vorhanden ist. Die neue Variante entstand vermutlich aus einem *Bacillus cereus*, der die Plasmide (durch horizontalen Gentransfer) von *B. anthracis* erworben hat.

Offen ist, ob dieser Stamm besonders gut Menschenaffen infizieren kann und ob es noch weitere Milzbrand auslösende Varianten gibt, die sich in ihrem Infektionsverhalten von den klassischen Stämmen unterscheiden. Zurzeit wird

untersucht, wie sich die Schimpansen infiziert haben und wie weit die neuartigen Milzbranderreger, die bisher nur an der Elfenbeinküste und in Kamerun gefunden wurden, verbreitet sind. Bei Menschen wurde die neue Variante noch nicht gefunden. Durch die zunehmende Zerstörung der Regenwälder oder durch Wilderei nach „Bushmeat“ ist das Potenzial für eine Übertragung auf Menschen aber vorhanden.

Die Aufklärung der Sequenz des neuen Stammes verbessert zum einen die Kenntnisse der Bakterieneigenschaften, zum Beispiel ihr Infektionsverhalten. Außerdem lassen sich anhand der neuen Daten die modernen Diagnoseverfahren überprüfen und verbessern. Dies ist besonders wichtig, um sicherzustellen, dass mit den bisherigen Nachweisverfahren kein Erreger übersehen wird. Denn die Milzbranderkrankung, die durch Erreger wie *Bacillus anthracis* hervorgerufen wird, ist zwar potentiell tödlich, kann aber bei rechtzeitiger Diagnose mit Antibiotika behandelt werden.

Originalpublikation: Klee, S et al. (2010) The Genome of a *Bacillus* Isolate Causing Anthrax in Chimpanzees Combines Chromosomal Properties of *B. cereus* with *B. anthracis* Virulence Plasmids. *PLoS ONE* 5(7): e10986. doi:10.1371/journal.pone.0010986.

Das komplexe Netzwerk der zellulären Bausteine



Teamarbeit ist ein Grundkonzept des Lebens: Molekulare Vorgänge werden nie von einzelnen Proteinen alleine gesteuert, sondern erfordern das Zusammenwirken vieler Proteine in komplexen Netzwerken. Detaillierte Informationen darüber, welche Proteine untereinander zusammenarbeiten, tragen daher fundamental zum Grundverständnis der Abläufe des Lebens bei. Neue gentechnische und proteomische Methoden erlauben die Bestimmung des Aufenthaltsortes von Proteinen innerhalb der intakten Zelle und ermöglichen in Verbindung mit hochauflösender, quantitativer Massenspektrometrie die Aufklärung von Protein-Protein-Interaktionen im großen Maßstab.

Marco Y. Hein, Nina C. Hubner und Matthias Mann

Das menschliche Genom enthält etwa 20.300 Protein-kodierende Gene. Diese dienen als Bauanleitung zum Aufbau des Proteoms, also der Gesamtheit aller Proteine, die in einem bestimmten Gewebe oder Zelltyp vorliegen. Das Proteom ist ein äußerst heterogenes Gebilde: Von winzigen Proteinen, die nur aus wenigen Aminosäure-Bausteinen bestehen, bis hin zu molekularen „Riesen“; von Signalmolekülen, die nur in ein paar Dutzend Kopien pro Zelle vorliegen, bis hin zu Proteinen, von denen mehrere Millionen je Zelle zu finden sind; von Proteinen, die nur in ganz bestimmten Teilen der Zelle vorkommen, bis hin zu denen, die über das gesamte Volumen verteilt sind.

Über die meisten Proteine ist nur wenig bekannt und ihre Funktion liegt im Dunkeln. Um ein bisher unbekanntes Protein zu charakterisieren, stellen Wissenschaftler unter anderem zwei grundlegende Fragen: Wo befindet sich das Protein in der Zelle und mit welchen anderen Proteinen interagiert es? Die Antworten auf diese Fragen helfen, das Protein in den Kontext bekannter Strukturen und Protein-Komplexe einzuordnen und schaffen somit Ansatzpunkte für die weitere Erforschung.

Viele biochemische Methoden wurden entwickelt, um Proteine in der Zelle sichtbar zu machen sowie neue Protein-Protein-Interaktionen aufzudecken und zu charakterisieren. Diese erforderten allerdings häufig eine Hypothese potentieller Protein-Protein-Wechselwirkungen. Zudem waren sie auf wenige Proteine begrenzt sowie oft langwierig und umständlich.

Schnelles Gen-Etikettieren dank künstlicher Bakterienchromosomen

Im Rahmen des NGFN-Konsortiums DiGtoP („From Disease Genes to Protein Pathways“,

Koordinator: Prof. Dr. Wolfgang Wurst) wurden nun neuartige Strategien entwickelt, um diese Fragestellungen im großen Maßstab zu beantworten. Der Schlüssel dazu liegt in der Verwendung von molekularen Etiketten (engl. tags), die an die zu untersuchenden Proteine angehängt werden. Dies geschieht, indem man gentechnisch die DNA, den genetischen Bauplan des Proteins, so verändert, dass die Zelle eine etikettierte („getaggte“) Version des Proteins herstellt.

Die Manipulation eines Gens auf dem natürlichen Chromosomensatz einer menschlichen Zelle ist ein schwieriger Prozess. Ein schnellerer Weg zum Ziel basiert auf sogenannten künstlichen Bakterienchromosomen (engl. bacterial artificial chromosomes = BACs). Zur Herstellung eines BACs wird das menschliche Genom in handliche Fragmente zerlegt, die dann einzeln in Bakterienstämmen propagiert und in sogenannten Bibliotheken katalogisiert werden. Zur gezielten Manipulation eines

Gens sucht man ein passendes BAC aus der Bibliothek heraus und bringt es nach dem „Tagging“ des Gens zurück ins menschliche Erbgut. Dabei bleibt die Umgebung des Gens unverändert. Dies sorgt dafür, dass das manipulierte Gen mit demselben Regulationsmuster, insbesondere in gleicher Menge wie sein natürliches Gegenstück exprimiert wird.

Künstliche Bakterienchromosomen können im Hochdurchsatz prozessiert werden und erlauben die Herstellung vieler verschiedener Zelllinien, in denen jeweils ein einzelnes Protein „getaggt“ ist. Die grundlegende Technik wurde von Prof. Dr. Francis Stewart (siehe GENOMXPRESS 2.10, Seite 45), einem Mitglied des NGFN, entwickelt.

Im DiGtoP-Konsortium dient dabei das grün fluoreszierende Protein (GFP) als „Tag“. Dies ermöglicht zum einen, die Proteine in der lebenden Zelle anhand ihrer Fluoreszenz unter dem Mikroskop zu verfolgen; zum anderen lassen sich die „getaggt“

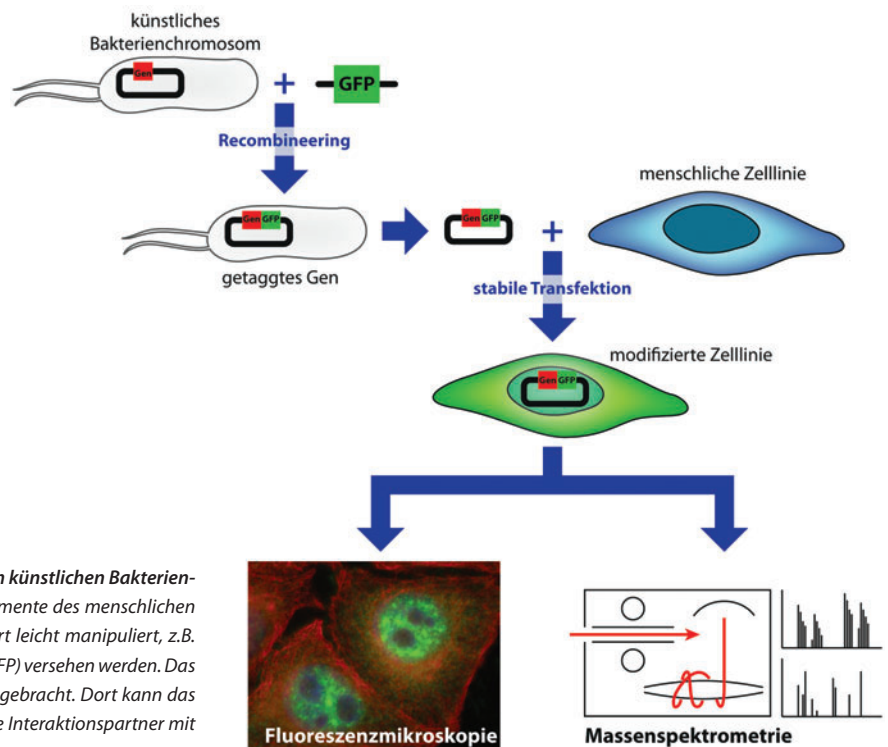


Abb. 1: Die Schritte vom „Tagging“ eines Gens auf einem künstlichen Bakterienchromosom bis zur experimentellen Anwendung: Fragmente des menschlichen Genoms werden in Bakterien propagiert und können dort leicht manipuliert, z.B. mit einem „Tag“ (hier dem grün fluoreszierenden Protein GFP) versehen werden. Das veränderte Gen wird zurück in eine menschliche Zelllinie gebracht. Dort kann das zugehörige Protein mit Hilfe des Tags lokalisiert und seine Interaktionspartner mit Hilfe der Massenspektrometrie bestimmt werden.

Proteine mit Hilfe eines GFP-bindenden Antikörpers durch einen sogenannten „Pull-Down“ aus der Zelle herausfischen. Dabei dient das GFP-Fusionsprotein als Köder, um gleichzeitig alle daran bindenden Proteine zu angeln.

Abbildung 1 zeigt schematisch den Ablauf vom Tagging eines Gens bis hin zur experimentellen Anwendung.

Interaktionsmessung durch quantitative Massenspektrometrie

Die Beute, die am Köder hängenbleibt, ist ein Abbild des Interaktionsnetzwerks des jeweiligen Köder-Proteins. Führt man nun solche Experimente für eine große Zahl an Köder-Proteinen durch, so lässt sich daraus schließlich ein komplexes Protein-Protein-Interaktionsnetzwerk der gesamten Zelle erstellen.

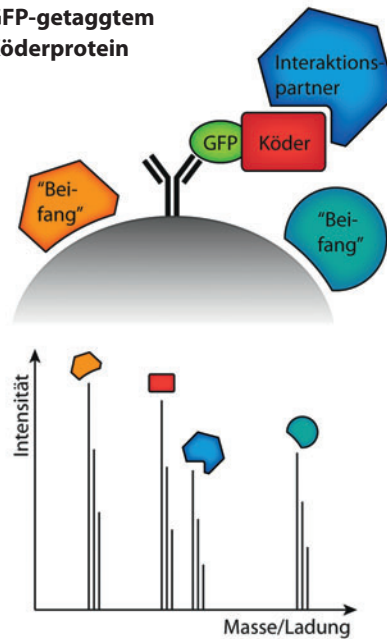
Die Herausforderung ist nun die Identifizierung der ins Netz gegangenen Proteine. Hochauflösende Massenspektrometrie ist dafür die Methode der Wahl. Dabei werden die Proteine erst enzymatisch in kleinere Stücke (Peptide) gespalten und dann mit dem Massenspektrometer analysiert. Dieses fragmentiert die Peptide weiter und identifiziert sie anhand ihrer Masse und dem charakteristischen Muster ihrer Bruchstücke. Später werden die identifizierten Peptide am Computer mit einer Datenbank abgeglichen und so die zugehörigen Proteine rekonstruiert.

Die Massenspektrometrie ist eine außerordentlich sensitive Messmethode, die bereits kleinste Mengen eines Proteins nachweisen kann. So werden leicht mehrere Hundert Proteine in einem Pull-Down identifiziert, die zusammen mit dem Köder herausgefischt werden. Nur ein Teil davon sind tatsächlich echte Interaktionspartner. Viele sind molekularer „Beifang“, d. h. Proteine, die unspezifisch vom eigentlichen Köder binden, etwa an das Reaktionsgefäß und einen Messhintergrund darstellen. Aus diesem Grund wurden Pull-Downs in der Vergangenheit meist unter sehr harschen Waschbedingungen durchgeführt, was zwar den Beifang reduzierte, allerdings auch den Verlust echter Interaktionspartner mit sich brachte.

Durch Fortschritte in der Technologie der Massenspektrometrie und der Datenanalyse können heute neben qualitativen Daten auch quantitative Informationen gewonnen werden. So kann nicht nur das reine Vorhandensein eines Proteins nachgewiesen werden, sondern auch die Menge eines identifizierten Proteins zwischen verschiedenen Proben verglichen werden.

Abbildung 2 illustriert, wie man die quantitative Information nutzt, um spezifische von unspezifischen Interaktionspartnern zu unterscheiden: Beifang-Proteine binden unabhängig von der Natur des

Zelllinie mit GFP-getagtem Köderprotein



Kontroll-Zelllinie

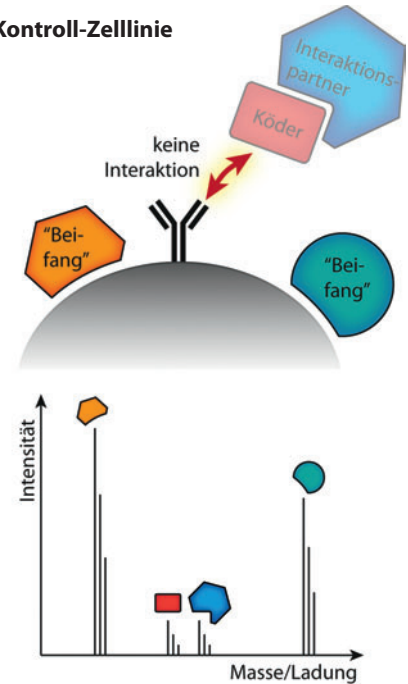


Abb. 2: Unterscheidung von spezifischen und unspezifischen Interaktionspartnern durch quantitative Massenspektrometrie: Ein GFP-getagtes Köder-Protein wird mit einem GFP-bindenden Antikörper aus einer Zelle herausgefischt und zieht dabei seine Interaktionspartner mit. Der quantitative Vergleich zwischen einer Zelle mit und ohne getagtem Köderprotein entlarvt den unspezifischen „Beifang“. Er bindet unabhängig vom Köder in gleicher Menge; echte Interaktionspartner dagegen werden im Vergleich zur Kontrolle stark angereichert.

Köders – oder auch ganz ohne diesen – in gleicher Menge. Die Mengen echter Interaktionspartner dagegen sind im Vergleich zum Kontroll-Experiment stark erhöht. Stringentes Waschen zur Entfernung der Beifang-Proteine ist nicht mehr nötig und schwache Interaktionspartner können somit ebenfalls identifiziert werden.

Aussicht auf das Interaktom

Die gesamte Technologieplattform wurde in Zusammenarbeit mehrerer Forschungsgruppen in München, Dresden, Frankfurt, Bonn und Heidelberg entwickelt, die im DiGtoP-Netzwerk organisiert sind. Dabei werden – ganz ähnlich wie in komplexen Proteinmaschinen in der Zelle – die verschiedenen Arbeitsschritte aufgeteilt: ein Partner stellt die getagten Zelllinien her, ein zweiter führt die massenspektrometrische Analyse durch und ein dritter modelliert aus den Daten die zellulären Interaktionsnetzwerke. Die Arbeit des Konsortiums konzentriert sich dabei in erster Linie auf Proteine, denen eine Rolle bei der Entstehung von Krankheiten zugeschrieben wird. Ziel ist es, diese Proteine in bekannte Signalwege einzuordnen oder neue Regulationsmechanismen zu definieren. Weiterführende Studien mit Hilfe von Zellkultur- und Tiermodellen können anschließend zur Entwicklung von Präventions-, Diagnose- und Behandlungsmethoden der Krankheiten beitragen.

Das wahrscheinlich größte Potential der hier vorgestellten neuartigen Technolo-

gie liegt jedoch nicht in ihrer Anwendung auf begrenzte Fragestellungen, sondern in ihrer Skalierbarkeit: Sie kann leicht auf eine sehr große Anzahl von Köder-Proteinen ausgeweitet werden. Damit ist die Wissenschaft einen entscheidenden Schritt weiter auf dem Weg zur Aufklärung des menschlichen „Interaktoms“, des Gesamtnetzwerks aller molekularen Interaktionen in der Zelle. Das Interaktom ist der logische nächste Schritt nach der Entschlüsselung des menschlichen Genoms und der anhaltenden Erforschung des Proteoms.

Referenzen

- Nina C. Hubner et al. (2010) *Quantitative proteomics combined with BAC TransgeneOmics reveals in vivo protein interactions*. JCB 189(4) 739-754; doi: 10.1083/jcb.200911091
- Ina Poser et al. (2008) *BAC TransgeneOmics: a high-throughput method for exploration of protein function in mammals*. Nature Methods 5, 409-415; doi: 10.1038/nmeth.1199

Kontakt

Prof. Dr. Matthias Mann
Max-Planck-Institut für Biochemie
Abteilung für Proteomics und
Signaltransduktion
Am Klopferspitz 18, 82152 Martinsried
E-Mail: mmann@biochem.mpg.de

„Imaging Genetics“ – wie genetische Faktoren Struktur und Funktion des Gehirns beeinflussen



Schizophrenie und Depressionen sind schwere psychische Leiden, bei denen erbliche Veranlagungen nachweislich einen Einfluss auf das Erkrankungsrisiko haben. Die Kombination genetischer Untersuchungen mit der Magnetresonanztomografie als bildgebendem Verfahren führte nun zu neuen Erkenntnissen, wie Genvarianten die Erkrankungswahrscheinlichkeit erhöhen können. So zeigte sich, dass das Zusammenspiel verschiedener Hirnregionen bei Trägern bestimmter Risikovarianten verändert ist.

Sven Cichon und Andreas Meyer-Lindenberg

Neuropsychiatrische Störungen sind weit verbreitet

Ein großer Teil der Weltbevölkerung leidet unter einer neuropsychiatrischen Störung. Die Lebenszeitprävalenz ist mit über 45% sehr hoch, was bedeutet, dass nahezu jeder zweite Mensch in seinem Leben betroffen ist, war oder sein wird. Die Inzidenzraten von Depressionen, Angststörungen, psychosomatischen Störungen, unspezifischen Erschöpfungen und „Burnout“ sowie Suchterkrankungen sind im Steigen begriffen. Die dadurch bedingten individuellen und gesellschaftlichen Belastungen sind entsprechend: Unter den zehn Krankheiten, die laut Weltgesundheitsorganisation WHO weltweit am stärksten zu dem „Global Burden of Disease“ beitragen (einem Maß, welches Krankheit, Behinderung und frühzeitigem Tod Rechnung trägt), finden sich auch die drei psychiatrischen Störungen Schizophrenie, bipolare Störung (= manische Depression) und Depression. Diese verlaufen bei den Betroffenen in der Regel chronisch und sind durch Rückfälle und eine erhöhte Sterblichkeit charakterisiert. Die Entstehung ist multifaktoriell, geht also auf ein Zusammenspiel von genetischen Faktoren und Umwelteinflüssen zurück. Im Rahmen des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) hat der Forschungsverbund **MooDS** („Systematic Investigation of the Molecular Causes of Major Mood Disorders and Schizophrenia“, Koordinator: Prof. Dr. med. Markus M. Nöthen, Universität Bonn) die systematische Aufklärung der ursächlichen Faktoren in Angriff genommen. Ziel dieses Forschungsverbundes ist es, die biologischen Ursachen dieser Krankheiten umfassend aufzuklären. Mit dieser Kenntnis soll es in Zukunft möglich werden, neue Medikamente zur effizienten Behandlung zu entwickeln.

Erbliche Faktoren tragen zur Krankheitsentstehung bei

Im Zentrum des MooDS-Verbundes stehen genetische Untersuchungen mit dem Ziel, die verantwortlichen Gene auf molekularer Ebene zu identifizieren, die zur Entstehung von Schizophrenie, bipolarer Störung und Depression beitragen. Durch eine bessere Kenntnis der Variabilität im Genom des Menschen und durch Fortschritte in der Entwicklung von DNA-Chips und Hochdurchsatz-Genotypisierungstechnologien können die genetischen Risikofaktoren für multifaktoriell bedingte Krankheiten seit wenigen Jahren systematisch im ganzen Genom gesucht werden. Durch diese sogenannten genomweiten Assoziationsuntersuchungen (engl.: genome-wide association studies – GWAS) sind sowohl im Rahmen des MooDS-Verbundes wie auch international von anderen Arbeitsgruppen erste genetische Risikofaktoren für neuropsychiatrische Krankheiten identifiziert worden. Aus diesen ersten Befunden lässt sich ersehen, dass die Mehrzahl der Risikofaktoren in der Bevölkerung offenbar recht häufig sind (Allelfrequenzen von mehr als 10-20%) und der genetische Effekt jedes einzelnen Faktors relativ klein ist. Das heißt, dass viele Personen Träger solcher Risikovarianten sind, ohne jedoch zwangsläufig zu erkranken. Ein Träger einer häufigen, krankheitsassoziierten genetischen Risikovariante hat üblicherweise nur ein höchstens um 10-20% erhöhtes Erkrankungsrisiko gegenüber dem Basiserkrankungsrisiko in der Bevölkerung. Trotz der geringen genetischen Effekte einzelner Varianten ist ihre Identifizierung für das Verständnis der molekularen Grundlagen dieser Krankheiten enorm wichtig und kann damit zur Entwicklung wirksamerer Medikamente führen, die einem großen Teil der Betroffenen helfen werden.

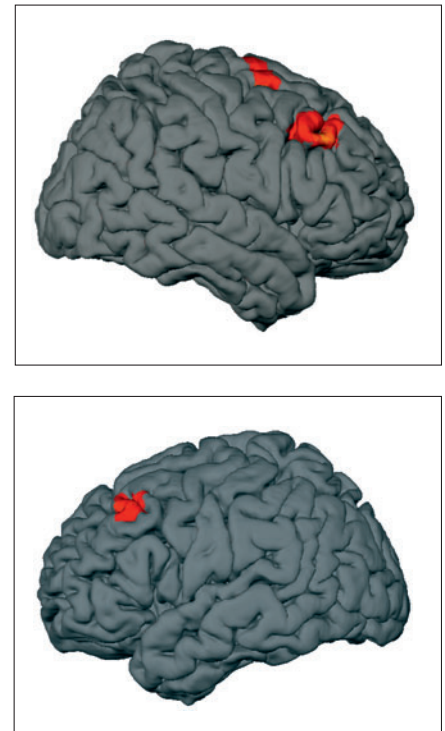


Abb. 1: Bereiche mit geänderter Hirnfunktion (rot) bei gesunden Personen, die eine Risikovariante für Schizophrenie im Gen *ZNF804A* tragen (aus: Esslinger, Walter, Kirsch et al. 2009). Bestimmte Bereiche des Gehirns (im sogenannten dorsolateralen präfrontalen Cortex) werden bei gesunden Personen normalerweise gleichzeitig aktiviert, sie sind also funktionell gekoppelt. Aus früheren Untersuchungen ist bekannt, dass bei Patienten mit einer manifesten Schizophrenie diese funktionelle Kopplung reduziert ist. Die vorliegenden Untersuchungen zeigen, dass bei gesunden Personen mit *ZNF804A*-Risikovariante in den hier rot markierten Bereichen des dorsolateralen präfrontalen Cortex eine ähnliche Reduzierung der Kopplung vorliegt wie bei schizophrenen Patienten. Diese Untersuchungen ermöglichen damit einen ersten Einblick in die Auswirkungen der *ZNF804A*-Risikovariante auf die Hirnfunktion.

Experimentelles Design: Beispiel eines Versuchs

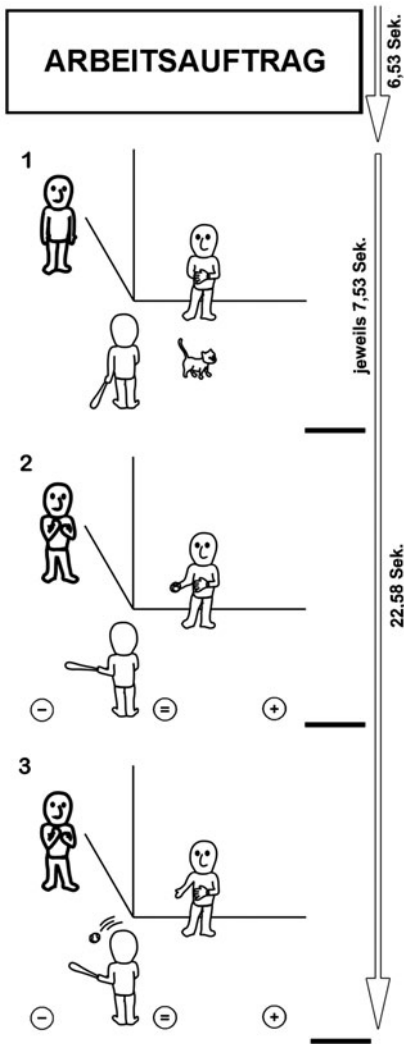


Abb. 2: Beispiel eines experimentellen Durchgangs im Theory-of-Mind-Task (aus: Walter, Schnell, Erk et al. 2010). Die Probanden sehen in dieser Aufgabe drei aufeinander folgende Bilder einer Story. Die Stories sind alle so konstruiert, dass bei identischer physikalischer Stimulation zwei verschiedene Aufgaben durchgeführt werden können. In der Kontrollbedingung (räumliche Perspektivenübernahme) sollen die Probanden nach dem zweiten und dritten Bild durch einen Knopfdruck mitteilen, ob der Protagonist (mit kräftigen Linien gezeichnet) mehr, gleich oder weniger Lebewesen sieht. In der Aktivierungsbedingung (Hineinversetzen in die Gefühle des Protagonisten) soll beurteilt werden, ob der Protagonist sich besser, gleich oder schlechter fühlt. Im Beispiel sollte sich der Protagonist nach dem zweiten Bild schlechter fühlen, da er sich von dem Baseballschläger bedroht fühlt, nach dem dritten Bild jedoch besser, weil er realisiert, dass es sich hier nur um ein Baseballspiel handelt. Probanden mit der Risikovariante von ZNF804A zeigen signifikant geringere Aktivierungen im Kontrast Aktivierung>Kontrolle im dorsomedialen PFC und linken STS (Teil des Theory-of-Mind-Netzwerkes) als auch im linken inferioren PFC und linken inferioren Parietalkortex (Teil des Mirror-Neuron-Netzwerks) wie sie in vorangehenden Studien auch bei Schizophrenen beschrieben wurden.

Ein neuartiger Forschungsansatz verknüpft Genforschung und Bildgebung

Aber wie kann man Einblicke in die Krankheitsmechanismen erhalten? Im MoodS-Verbund werden unterschiedliche experimentelle Ansätze verfolgt: ausgehend von dem Genprodukt, in dem die identifizierte Risikovariante liegt, werden beispielsweise interagierende Proteine gesucht. Dies soll zu den biologischen Signalwegen führen, die bei der Krankheit eine Rolle spielen. Mit derselben Zielsetzung arbeiten auch systembiologische Ansätze, die die Signalweg-Information aber aus der Gesamtheit der genomweiten Assoziationsdaten herausfiltern. Liegt eine identifizierte Risikovariante außerhalb kodierender Genregionen, so werden mögliche Einflüsse auf die Genexpression untersucht. Eine Einschleusung der Variante in Modellorganismen ermöglicht erste detaillierte Einblicke in die Pathophysiologie *in vivo*.

Ein vielversprechender experimenteller Ansatz, für den in den letzten Jahren der Begriff „imaging genetics“ geprägt wurde, ist die Verknüpfung der genetischen Befunde mit bildgebenden Verfahren des Gehirns. Dieser Ansatz untersucht die Bedeutung der krankheitsassoziierten Genvarianten für Gehirnmorphologie und -funktion. Mit ihm konnten im Rahmen des MoodS-Verbundes nun erstmalig funktionelle Effekte von Risikovarianten für die Schizophrenie und die bipolare Störung nachgewiesen werden, die zuvor durch genomweite Assoziationsuntersuchungen identifiziert worden waren [1-3]. Gelegentlich sind diese genetischen Varianten in den Genen ZNF804A und CACNA1C. ZNF804A kodiert das Zink Finger Protein 804A, dessen Funktion bisher noch weitestgehend unbekannt ist, das aber vermutlich einen Transkriptionsfaktor darstellt. Bessere Kenntnis der

Funktion hat man für CACNA1C, das für eine Untereinheit des spannungsabhängigen Calcium-Kanals vom L-Typ kodiert. Diese Ionenkanäle spielen während der Synapsenaktivität eine wichtige Rolle bei der Regulation des Calcium-Einstromes in die dendritische Zelle. Ein interessanter Aspekt ist, dass viele wirksame Medikamente bei neuropsychiatrischen Störungen Ionenkanäle beeinflussen. Die jetzt untersuchten, mit Schizophrenie und bipolarer Störung assoziierten Risiko-Genvarianten treten statistisch signifikant häufiger bei erkrankten Personen auf, sind aber auch bei Gesunden häufig zu finden. Es wird vermutet, dass sich bei Trägern der Genvarianten (ob gesund oder krank) als intermediäres – also „zwischen Gen und klinischem Krankheitsbild liegendem“ – Erscheinungsbild Änderungen der Hirnfunktion nachweisen lassen, die letztlich bei den Erkrankten einen Beitrag zur Psychopathologie leisten. Genau das konnten Wissenschaftler im MoodS-Verbund nun mit Hilfe von „imaging genetics“ bestätigen.

Genvarianten öffnen die Tür zu einem tieferen Verständnis der Abläufe im Gehirn

Um die Schizophrenie-assoziierte Risikovariante des Gens ZNF804A zu untersuchen, wurde mit ca. 100 gesunden Personen ein neurokognitiver Test des Arbeitsgedächtnisses durchgeführt und die dabei vorhandene Gehirnaktivität mittels funktioneller Magnetresonanztomographie (fMRT) dargestellt [1]. Dieser Test erlaubt Einblicke in die Aktivität von Gehirnbereichen im dorsolateralen präfrontalen Cortex (DLPFC) und im Hippokampus (Abbildung 1). Es ist bereits in früheren Untersuchungen gezeigt worden, dass bei schizophrenen Patienten Störungen der Aktivierung sowie eine gestörte funktionelle Verbindung (Dys-Kon-

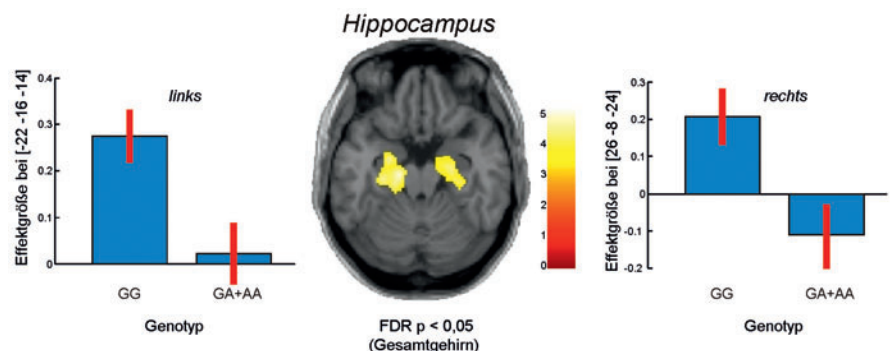


Abb. 3: Bereiche mit geänderter Hirnfunktion bei gesunden Personen, welche die Risikovariante für bipolare Störung im CACNA1C-Gen tragen (aus: Erk, Meyer-Lindenberg, Schnell et al. 2010) Während einer Gedächtnisaufgabe zeigt sich bei gesunden Personen normalerweise eine vermehrte Aktivierung im Bereich des Hippocampus. Gesunde Träger der CACNA1C-Risikovariante zeigen in der vorliegenden Untersuchung eine deutliche Mindereaktivierung in dieser Region. Darüber hinaus weisen sie eine verminderte Aktivierung im subgenualen Gyrus cinguli auf, einem Hirnareal, das eine wesentliche Rolle bei der Emotionsregulation spielt und dessen Funktion bei Patienten mit affektiven Erkrankungen gestört ist. Die Ergebnisse legen nahe, dass es sich hier um eine gestörte Stressadaptation handelt.

nektivität) dieser Hirnareale auftritt. Interessanterweise zeigte in den aktuellen Untersuchungen der Vergleich der Gehirnaktivität zwischen gesunden Trägern und Nicht-Trägern der *ZNF804A*-Risikovariante starke Unterschiede der Aktivierung des DLPFC und Hippokampus sowie auch Störungen der Konnektivität dieser Bereiche. Die beobachteten Störungen sind denen von schizophrenen Patienten sehr ähnlich. Aus den Ergebnissen muss man schließen, dass die *ZNF804A*-Risikovariante über eine Änderung der Gehirnaktivität und funktionellen Konnektivität in Bereichen des Arbeitsgedächtnisses zur Entstehung der Schizophrenie beiträgt.

Eine weitere Untersuchung der *ZNF804A*-Risikovariante in denselben gesunden Personen zielte auf die Erfassung von Störungen in der sozialen Wahrnehmung ab. Der Mensch ist mit Hilfe seines „sozialen Gehirns“ in der Lage, sich in andere Personen emotional hineinzusetzen und deren Gemütszustand quasi mitzuerleben. Diese Wahrnehmung, welche u. a. über die Spiegelneuronen vermittelt wird, ist bei Menschen mit verschiedenen neuropsychiatrischen Störungen (z. B. Schizophrenie, bipolare Störung, Autismus) stark beeinträchtigt. Bildgebungsstudien konnten den medialen präfrontalen Cortex, die Amygdala und den inferioren parietalen Cortex als „Sitz“ des sozialen Gehirns identifizieren. Unter Verwendung eines neurokognitiven Tests, der auf die Erfassung des Gemütszustandes anderer Personen abzielte (Abbildung 2), wurde im Rahmen des MoodS-Verbundes die Aktivität dieser Bereiche zwischen gesunden Trägern und Nicht-Trägern der *ZNF804A*-Risikovariante getestet [2]. Es zeigte sich, dass die Träger der Risikovarian-

te beim Durchführen des neurokognitiven Tests tatsächlich eine veränderte Gehirnaktivität dieser Bereiche aufwiesen, verglichen mit Nicht-Trägern. Es ist daher anzunehmen, dass die *ZNF804A*-Risikovariante auch über Änderung der Aktivität von Hirnarealen des „sozialen Gehirns“ an der Entstehung der Schizophrenie beteiligt ist.

Außer der *ZNF804A*-Risikovariante wurde auch die mit bipolarer Störung assoziierte Genvariante in *CACNA1C* mittels „imaging genetics“ untersucht. Hierbei wurden die bei den oben beschriebenen Untersuchungen bereits erwähnten ca. 100 gesunden Personen mittels fMRT und einem neurokognitiven Test untersucht, der die Aktivierung und Konnektivität von Amygdalabereichen erfasst. Diese Bereiche spielen für das sogenannte episodische Gedächtnis eine wichtige Rolle, welches persönliche Erinnerungen speichert und wichtig für die Selbstwahrnehmung und emotionale Regulation ist. Gerade letztere ist bei affektiven Störungen wie der Depression und der bipolaren Störung stark beeinträchtigt. Bei Trägern der *CACNA1C*-Risikovariante zeigte sich eine deutlich verminderte Aktivierung und eine gestörte Kommunikation zwischen den Hippokampusbereichen der rechten und linken Gehirnhälfte (Abbildung 3). Die Minderaktivierung war interessanterweise umso stärker, je mehr leichte depressionsartige Symptome bei den gesunden Probanden vorhanden waren [3].

Somit konnte für krankheitsassoziierte genetische Varianten in den Genen *ZNF804A* und *CACNA1C* mit Hilfe der „imaging genetics“ gezeigt werden, dass die untersuchten Risikovarianten Kernregionen der Schizophrenie und bipolaren Stö-

rung in ihrer Funktion beeinträchtigen. Dies stellt einen wichtigen Schritt dar zum Verständnis der biologischen Ursachen dieser häufigen neuropsychiatrischen Störungen.

Originalpublikationen

1. Esslinger C, Walter H, Kirsch P et al. (2009) Neural mechanisms of a genome-wide supported psychosis variant. *Science* 324: 605; doi: 10.1126/science.1167768 2. Walter H, Schnell K, Erk S et al. (2010) Effects of a genome-wide supported psychosis risk variant on neural activation during a theory-of-mind task. *Mol Psychiatry*, 2010 Mar 16, im Druck; doi: 10.1038/mp.2010.18 3. Erk S, Meyer-Lindenberg A, Schnell K et al. (2010) Brain function in carriers of a genome-wide supported bipolar disorder variant. *Arch Gen Psychiatry* 67: 803-11; doi: 10.1001/archgenpsychiatry.2010.94

Kontakt

Prof. Dr. Sven Cichon
Institut für Neurowissenschaften und
Medizin (INM-1)
Forschungszentrum Jülich
E-Mail: s.cichon@fz-juelich.de
und
Institut für Humangenetik
Life & Brain Center
Universitätsklinikum Bonn
E-Mail: sven.cichon@uni-bonn.de

Prof. Dr. Andreas Meyer-Lindenberg
Zentralinstitut für Seelische Gesundheit
Mannheim
E-Mail: A.Meyer-Lindenberg
@zi-mannheim.de

sequenziert

Ötzi ins Genom geblickt

Vor knapp zwanzig Jahren wurde die wohl berühmteste Eismumie in den Ötztaler Alpen gefunden. Dem „Ötzi“, wie der über 5.000 Jahre alte Mann getauft wurde, stehen nun turbulente Zeiten bevor. Erstmals liegt jetzt das gesamte Erbgut der weltbekannten Mumie vor. Damit sind die Weichen gestellt, um weitere Rätsel rund um den Eismann in nächster Zukunft aufzulösen. Um das komplette Ötzi-Erbgut zu erstellen, kooperierten Wissenschaftler aus Heidelberg, Tübingen und dem italienischen Bozen, wo der Eismann auch ausgestellt wird. Um die Fülle an Sequenzdaten zu entschlüsseln, entnahmen die Forscher dem Becken der Eismumie eine Knochenprobe. Aus diesem Material erstellten sie dann mithilfe der SOLID-Sequenzierertechnologie eine DNA-Bibliothek, die den mit Abstand größten DNA-Datensatz enthält, der jemals vom Mann aus dem Eis erarbeitet wurde. Die Arbeit am Eismann stellte sich für das For-

scherteam zur gleichen Zeit als besondere Pionierarbeit heraus, da an Ötzi die neu entwickelte Technologie erstmals zum Zuge kam. Da die DNA sehr alt ist, ist sie stark fragmentiert. Doch die moderne Sequenzierermethode mit ihrer geringen Fehlerrate erlaubte es den Wissenschaftlern das komplette Genom von Ötzi in diesem kurzen Zeitraum zu entschlüsseln. Der spannendste Teil der Arbeit wartet jedoch noch auf die Wissenschaftler: Die riesigen Datenmengen, die nun vorliegen, können nach ihrer bioinformatischen Aufarbeitung viele Fragen beantworten. Gibt es heute noch lebende Nachfahren von Ötzi und wo leben diese? Welche genetischen Mutationen kann man zwischen früheren und heutigen Populationen festmachen? Welche Rückschlüsse kann man aus der Untersuchung von Ötzis Genmaterial und seinen Krankheitsveranlagungen auf heutige Erbkrankheiten oder andere heutige Erkrankungen wie Diabetes oder Krebs ziehen? Wie wirken sich diese Erkenntnisse auf die heutige Forschung in der genetischen Medizin aus? Wenn Ötzi nächstes Jahr den „20. Geburtstag“ feiert, wollen die Forscher ihre Analyse der Daten und ihre daraus gezogenen Erkenntnisse vorstellen. *Quelle: IDW, 27.07.2010*

Wie ein kleines Kraut weltberühmt wurde

Pflanzengenom-Sequenz feiert 10. Geburtstag

Dirk Büsis

Vor zehn Jahren wurde das komplette Genom der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) veröffentlicht. Bei der Pflanze handelt es sich um ein unscheinbares Kraut, das zuerst im 16. Jahrhundert im deutschen Harzgebirge gefunden und beschrieben wurde. Forscher vieler Länder weltweit hatten über zehn Jahre daran gearbeitet, die vollständige Genomsequenz dieses unscheinbaren Krautes zu entschlüsseln. Die Veröffentlichung der Arabidopsis Genomsequenz war ein Durchbruch für die Pflanzen-genomforschung. Seitdem hat sich unser Wissen über das System Pflanze in großen Schritten weiterentwickelt. Inzwischen konnten auch die Genome weiterer Pflanzen entziffert werden, dabei wichtige Kulturpflanzen wie Reis, Wein und insbesondere Mais. Die Entschlüsselung der Genomsequenzen weiterer Kulturpflanzen eröffnet der Pflanzenzüchtung enorme Möglichkeiten, die Pflanzen für die Zukunft schnell und präzise zu entwickeln.

Sequenzierung der Ackerschmalwand

Die simple Bezeichnung „The Arabidopsis Genome Initiative“ steht als Autor für den 20-seitigen Artikel „Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*“, der am 14. Dezember 2000 in der Fachzeitschrift Nature erschien. Dieser Artikel ist wichtig, er ist die Titelgeschichte der Ausgabe. Hinter der „Arabidopsis Genom-Initiative“ stehen 21 Gruppen von Wissenschaftlern, die weltweit zusammengearbeitet haben. Weit über 100 Autoren haben beigetragen zu dem Artikel, in dem die Genomsequenz der Ackerschmalwand vorgestellt und analysiert wird. Es ist das erste veröffentlichte, komplette Pflanzengenom.

Warum ausgerechnet die Genomsequenz von diesem unscheinbaren Kraut? Dafür gibt es viele vernünftige Gründe. Schon früh haben Genetiker das Genom von Arabidopsis kartiert. *Arabidopsis thaliana* hat 5 Chromosomen und das Genom ist relativ klein, was eine Genomsequenzierung natürlich erleichtert. Es waren zudem viele natürliche Mutanten der Ackerschmalwand bekannt, die schon früh und analysiert wurden. Außerdem bietet die Pflanze viele weitere Vorteile für die Forscher. Sie hat eine kurze Generationszeit von 8 bis 12 Wochen. Weil es sich um ein kleines Kraut handelt, können viele Einzelpflanzen gleichzeitig in Gewächshäusern oder Klimakammern kultiviert werden. Nebenbei ist die Ackerschmalwand auch mit verschiedenen Nutzpflanzen, wie Kohl, Senf und Raps verwandt. Die Ackerschmalwand kommt zudem weltweit vor, sodass man genügend Biodiversität in dieser Pflanzenart findet für weitergehende

Analysen. All diese Gründe machen *Arabidopsis thaliana* zu einer idealen Modellpflanze. Es bot sich daher dringend an, das Genom dieser Modellpflanze als erstes zu entschlüsseln.

Wie bereits erwähnt ist das Genom der Ackerschmalwand mit „nur“ etwa 125.000.000 Basen für eine Pflanze recht klein. Zum Vergleich ist das menschliche Genom mit 23 Chromosomen und über 3 Milliarden Basen deutlich größer. Doch wieso brauchte es über 10 Jahre und über 100 Wissenschaftler, um das Arabidopsis Genom zu entziffern? Die Gründe dafür sind vielfältig. So steckte die Sequenzierung ganzer Genome in den 90er Jahren noch in den Kinderschuhen. Die Vorgehensweisen mussten zunächst ausgearbeitet und international abgestimmt werden.

Genomsequenzierung

Das Vorgehen bei der Genomsequenzierung gliedert sich in mehrere Schritte. Es ist nicht möglich, die Basenabfolge eines ganzen Genoms in einem Schritt zu sequenzieren. Also muss die gesamte Erbsubstanz in kleinere Einheiten zerkleinert werden. Um mit den kleineren Einheiten arbeiten zu können, werden sie in sogenannte Bacterial Artificial Chromosomes (BACs) eingebracht. Erst diese lassen sich dann in vielen Schritten entschlüsseln. Das Sequenzieren wurde bei der Entschlüsselung des Arabidopsis Genoms dabei mit der sogenannten Sanger-Methode durchgeführt. Diese Methode wurde 1975 von Frederick Sanger, einem britischen Biochemiker entwickelt. Es handelt sich dabei um eine sehr zuverlässige Methode, die allerdings recht zeitaufwändig und relativ kostspielig ist. Obwohl die Sequenzieretechnik während der Zeit der Arabidopsis Sequenzierung immer wieder verbessert wurde, dauerte es eine ganze Weile bis alle diese BACs sequenziert waren.

Hat man tatsächlich die Sequenzen aller BACs zuverlässig erstellt, beginnt ein enormes „Puzzlespiel“. Jetzt müssen die Sequenzen aus den BACs, die sich zufällig überschneiden, korrekt zusammengesetzt werden, das sogenannte Assemblieren der Genomsequenz. Was sich in der Theorie einfach anhört, gestaltet sich aus mehreren Gründen als enorm schwierig in der Praxis. Zum einen sind die Datenmengen enorm. Zum anderen sind viele Genomabschnitte hoch-repetitiv, d.h. kurze DNA Abschnitte, in denen sich die Basenabfolge ständig wiederholt. Selbst wenn nun die Sequenz, die Reihenfolge der Basen im Genom gelöst ist, kann man immer noch nicht von einer Entschlüsselung des Genoms sprechen. Hierzu müssen die DNA Sequenzen den Abschnit-

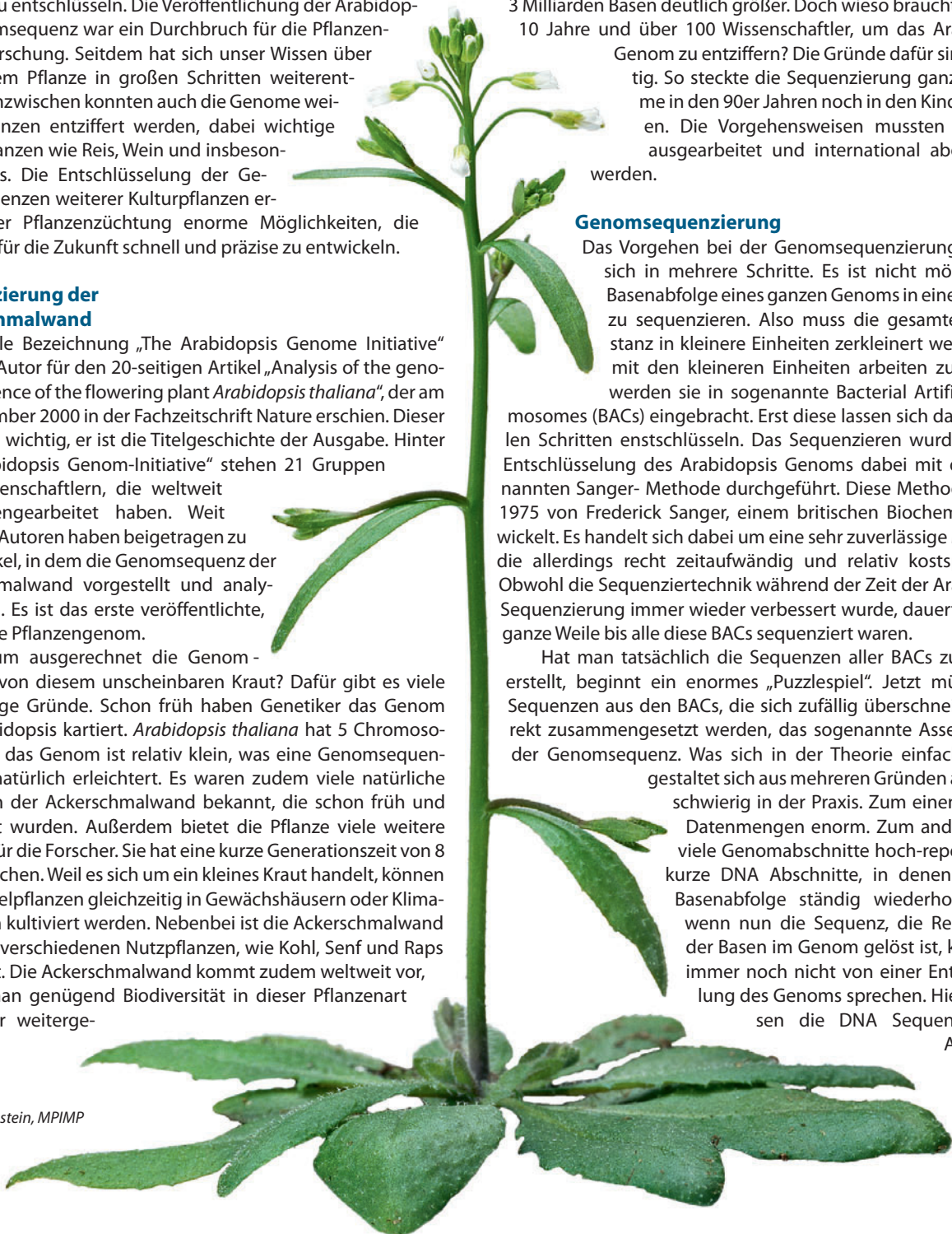


Foto: J. Bergstein, MPIMP

ten auf den Chromosomen zugeordnet werden. Erst wenn dieses Puzzle aus enorm vielen Teilen korrekt zusammengesetzt ist, kann man in der Tat von der Entschlüsselung eines Genoms sprechen.

Bedeutung der Genomsequenz für die Wissenschaft

Die Entschlüsselung des Genoms der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* bedeutete einen Quantensprung in der Pflanzenwissenschaft. Erst hierdurch wurde die Entwicklung von Methoden ermöglicht, die die Veränderung der Aktivität aller Gene einer Pflanze unter verschiedenen Bedingungen anzeigen können. Es wurde möglich, die Funktion von einzelnen Genen zu identifizieren. Es konnten ganze Genfamilien identifiziert werden, die zwischen drei bis zu mehreren hundert Mitgliedern haben. Die Diversität von Funktionen der einzelnen Mitglieder konnte geklärt werden. Nun wurde es außerdem möglich, die biologische Diversität der Modellpflanze *Arabidopsis*, die weltweit vorkommt, genetisch zu untersuchen. Dies alles sind Facetten, die vielfach mitgeholfen haben, von einer beschreibenden Wissenschaft zu einer funktionalen Analyse zu kommen. Dies hat unser Wissen in der Pflanzenforschung in den letzten 10 Jahren exponentiell steigen lassen.



Klein aber enorm wichtig für die Forschung: Modellpflanze Arabidopsis thaliana (Foto: M. Arlt).

Eine weitere Facette, die erst durch die Genomsequenzierung der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* ermöglicht wurde, war die Untersuchung der Genomabschnitte, die zwischen den eigentlichen Genen liegen. Diese wurden zunächst häufig als Junk-DNA bezeichnet. Inzwischen wissen wir, dass viele dieser Genomabschnitte Sequenzen enthalten, die zwar nicht in Proteine übersetzt werden, die aber dennoch wichtige regulatorische Funktionen besitzen.

Gerade für das Forschungsgebiet der Epigenetik war die Genomsequenz von *Arabidopsis thaliana* äußerst wertvoll. Bei der Epigenetik werden Mechanismen untersucht, durch die Aktivitäten von Genen vererblich verändert werden, ohne dass dabei die eigentliche Genomsequenz verändert ist. Dies geschieht beispielsweise über Methylierungen der Basen der DNA. Hierbei handelt es sich häufig um vererbliche Anpassungen der Pflanzen an veränderte Umweltbedingungen.

Insgesamt ist die Bedeutung der Genomsequenz der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* für die Pflanzenwissenschaft nicht zu unterschätzen.

Entwicklung seit 2000

Seit der Veröffentlichung des *Arabidopsis* Genoms hat sich im Bereich der Genomsequenzierung sehr viel getan. Insbesondere wurden seit 2000 die Genome mehrerer Nutzpflanzen veröffentlicht. Den Anfang machte 2005 das Reisgenom, nicht nur das erste einer Nutzpflanze sondern auch das erste einer grasartigen Pflanze. Es kamen hinzu die Genome von Wein, Papaya und im November 2009 das Maisgenom. Ein wichtiges entschlüsseltes Genom ist das der Zwencke (*Brachypodium distachyon*), einem Gras. Diese Pflanze ist ein Modell für die wichtigen Kulturarten der Triticeen, wie Gerste und Weizen.

Der allergrößte Durchbruch während der letzten Jahre war jedoch die Entwicklung neuer Sequenzierungstechnologien. Die next generation sequencing (NGS) Techniken erlauben die multiparallele Sequenzierung sehr vieler Genomabschnitte. Die Kapazität der neuen Methoden übersteigt die der Sanger-Sequenzierung um das Vielfache. Mit diesen Methoden wäre es prinzipiell

möglich, in einem einzigen Lauf das Genom von *Arabidopsis thaliana* 50-fach abzudecken. Dies eröffnet Möglichkeiten, die im Jahr 2000 nicht einmal ansatzweise absehbar waren. Dabei sind zurzeit Techniken in der Entwicklung, die eine weitere Steigerung des Durchsatzes bei der Sequenzierung ermöglichen, die Sequenzierung der dritten Generation. Hier zeichnet sich jetzt schon ab, dass die derzeitigen Computertechniken nicht mehr ausreichen werden, um die generierten Daten tatsächlich auch zu verarbeiten. In Zukunft wird die IT der Geschwindigkeits-bestimmende Schritt werden.

Weitere wichtige Genome werden derzeit entschlüsselt. Insbesondere werden die Genome von Gerste und Weizen durch internationale Konsortien sequenziert. Dabei ist Deutschland federführend



Genomsequenzen der Kulturpflanzen werden eine große Rolle in der Züchtung spielen (Foto: KWS).

bei der Gersten-Sequenzierung im Rahmen des BARLEX Projektes des deutschen Pflanzenbiotechnologie-Programms. Bei beiden Genomsequenzierungen werden inzwischen vorwiegend die NGS Techniken verwendet. Dies ist auch deswegen notwendig, da die Genome beider Nutzpflanzen größer als das menschliche Genom sind. So hat das Gersten-Genom

7 Chromosomen mit etwa 6 Milliarden Basen und der Weizen 3 mal 7 Chromosomen mit ca. 16 Milliarden Basen. Dies alles macht die Entschlüsselung dieser Genome äußerst aufwendig.

Genomsequenzen in der Pflanzenzüchtung

Die Genomsequenzen der Kulturpflanzen werden für die Züchtung der Pflanzen für die Zukunft eine entscheidende Rolle besitzen. Die Pflanzenzüchtung erhofft sich eine deutliche Verkürzung der Zeit, die es benötigt neue Pflanzensorten zu entwickeln. Hierzu benötigt man zum einen eine Referenzgenomsequenz, bei der die gesamte Erbsubstanz präzise den einzelnen Positionen auf den Chromosomen zugeordnet sind. Als zweites und genauso wichtig ist es, genetisch diverse den Kulturpflanzen verwandte Wildarten zu analysieren. In diesen nahen Verwandten steckt ein bisher wenig genutztes Potenzial, insbesondere was Schädlingsresistenzen sowie auch die Anpassung an extreme Umweltbedingungen angeht. Besitzt man eine saubere Referenzsequenz, kann durch NGS eine „schnelle“ Genomsequenz der verwandten Arten erstellt werden und die Genomabschnitte identifiziert werden, die die oben genannten Eigenschaften vererben. Diese Genomabschnitte können dann durch sehr präzise Marker-gestützte Selektion (SMART breeding) schneller als bisher in die Kulturarten eingebracht werden.

Die Entschlüsselung weiterer Genomsequenzen von Kulturpflanzen hat Potenzial, die Pflanzenzüchtung zu revolutionieren. Die vorhandene genetische Diversität der den Kulturarten verwandten Wildpflanzen wird viel präziser und zielgerichteter identifiziert und genutzt werden können. Hierzu muss in Zukunft die Sammlung und Erhaltung der genetischen Diversität in Genbanken deutlich verstärkt werden. Nur in dieser Kombination wird es möglich sein, die Pflanzen der Zukunft zielgerichtet und vor allem schnell zu erzeugen. Die Zeit ist bereits jetzt der vielleicht wichtigste Faktor zur Lösung der großen Herausforderungen unserer Zeit – Klimawandel, Ertragsstabilität, erhöhter Bedarf an pflanzlicher Primärproduktion. Das Zusammenspiel von Genomsequenzierung und Nutzung der vorhandenen Biodiversität sind damit Bausteine von zentraler Bedeutung, um das Problem Zeit bei der Pflanzenzüchtung zu lösen.

sequenziert

Die Evolution verstehen mit Grünalgen-Gen

Wie das Erbgut einer Grünalge helfen kann, die Evolution der Mehrzeller besser zu stehen, haben Wissenschaftler kürzlich ergründet.

Ein bisher ungeklärtes Rätsel der Evolution ist die Frage, wie sich aus einem Einzeller ein Vielzeller entwickelte. Bei Einzellern müssen alle „Leistungen“ von ein und derselben Zelle erbracht werden, da der gesamte Organismus aus nur einer Zelle besteht. Bei vielzelligen Organismen hingegen, wie dem Menschen, bilden viele Zellen eine Gemeinschaft, bei der eine Arbeitsteilung und Spezialisierung der Zellen stattfindet. Der Übergang von der Einzelligkeit zur Vielzelligkeit mit verschiedenen spezialisierten Zelltypen kann als eine der größten Leistungen in der Evolution komplexer Lebewesen betrachtet werden. Wie es zu dieser Entwicklung vom Einzeller zum Vielzeller kam, untersuchte ein internationales Forscherteam an der Grünalge *Volvox*.

Eine Grünalge als Modellorganismus der Evolution

Was macht diesen unscheinbaren Teichbewohner so attraktiv für die biologische Forschung? Die bis zu 2mm große, kugelförmige Süßwasser-Grünalge *Volvox carteri* ist in Teichen und Tümpeln der ganzen Welt zu finden, bevorzugt in wärmerem Wasser. Sie ist der denkbar einfachste Vielzeller und besteht nur aus zwei verschiedenen Zelltypen, was viele molekulare Untersuchungen erleichtert. Die Grünalge besitzt 2000 kleine, begeißelte Körperzellen, die den funktionellen Organismus aufbauen, und 16 große, reproduktive Zellen, aus denen die nächste Generation entsteht.

Zudem hat *Volvox* einen nahen, einzelligen Verwandten: Die Grünalge *Chlamydomonas reinhardtii*. Dieser Umstand erlaubt es den Forschern, die beiden Organismen auf molekularer Ebene zu vergleichen. Darüber hinaus haben die evolutionären Veränderungen bei der Entwicklung von *Volvox* aus einem *Chlamydomonas*-ähnlichen Urahnen eindeutige Parallelen in anderen vielzelligen Entwicklungslinien. Diese Gründe waren ausschlaggebend dafür, *Volvox* als Modellsystem für die Untersuchung der Evolution von Vielzelligkeit zu verwenden.

Viele Gene machen nicht automatisch einen Vielzeller

Den Wissenschaftlern ist es nun gelungen, das Erbgut des einfachen Vielzelllers zu entschlüsseln. Das Genom von *Volvox carteri* besteht aus etwa 140 Millionen Basenpaaren und enthält etwa 14.500 Gene, schreiben die Forscher in der Fachzeitschrift *Science*. Zum Vergleich: Der Mensch hat ca. 25.000 Gene und somit nicht einmal doppelt so viele Gene wie *Volvox*.

Nach der Sequenzierung verglichen die Forscher die Genomsequenz der vielzelligen Grünalge mit der Abfolge der DNA-Bausteine beim einzelligen Verwandten *Chlamydomonas*. Die Wissenschaftler wollten so herausfinden, wie sich das genetische Repertoire des einfachsten Vielzelllers von dem des Einzellers unterscheidet.

Das überraschende Ergebnis: Zwischen dem Genom des Einzellers *Chlamydomonas* und des Vielzelllers *Volvox* gibt es nur geringe Differenzen. Trotz der großen Unterschiede sowohl in der Komplexität beider Organismen also auch in deren Lebenszyklen haben die Genome beider Organismen ein ähnliches Potenzial zur Codierung von Proteinen. Nur sehr wenige Gene sind damit spezifisch für *Volvox*.

Für die Entwicklung von einem Einzeller zu einem Vielzeller scheint somit weniger eine dramatische Erhöhung der Anzahl an Genen entscheidend. Vielmehr ist es die Art und Weise wie und wann die Gene in Proteine übersetzt werden, die diesen Entwicklungsschritt ermöglichen, resümieren die Forscher ihre Ergebnisse.

Die Entschlüsselung des *Volvox*-Genoms ist ein wichtiger Schritt zum Verständnis des molekularen "Werkzeugkastens", der der Evolution von Einzellern zu Vielzellern zugrunde liegt. Langfristig soll die Untersuchung molekularer Prozesse bei primitiven Organismen es ermöglichen, auch die Funktionsweise und Entwicklungsgeschichte sehr viel komplexerer Lebewesen, wie die des Menschen, besser zu verstehen. Darüber hinaus rücken Algen als Produktionssysteme von nachwachsenden Rohstoffen und bei der Erzeugung von Biokraftstoffen mehr und mehr in den Fokus der Forscher. Grundlagenwissen hilft damit auch derartig vielfältige Anwendungen weiter zu optimieren.

Originalpublikation: Prochnik, SE et al. (2010): Genomic analysis of organismal complexity in the multicellular green alga *Volvox carteri*. *Science* (9. Juli 2010), DOI: 10.1126/science.1188800

Quelle: www.pflanzenforschung.de – das Webportal zur deutschen Pflanzenforschung

Der einfachste Vielzeller: die Grünalge *Volvox carteri*
(Foto: Armin Hallmann, Universität Bielefeld).

Christian Voigt, Juniorprofessor in Hamburg, will neue Wege gehen und eine Abwehrreaktion der Pflanzen nutzen, um Biokraftstoff zu gewinnen.

Text: Claudia Eberhard-Metzger, Fotos: Thies Rätzke

Der Querdenker

Christian Voigt im Wissenschaftlerportrait

Bedrohlich nahe schwingt der Betonträger am Arm des Krans vor dem Fenster vorbei und senkt sich laut polternd zu Boden. „Die Baustelle kostet Nerven“, sagt Christian Voigt, zieht seinen Laborkittel aus und setzt sich an den Schreibtisch in seinem kleinen Arbeitszimmer, das er sich mit einer Mitarbeiterin teilt. Der Neubau, der gerade zwischen dem Biozentrum Klein Flottbek der Universität Hamburg und dem Botanischen Garten mit seinen großen gläsernen Gewächshäusern errichtet wird, soll mehr Platz für die Pflanzenforschung schaffen.

Die Pflanzenforschung ist auch das Arbeitsgebiet von Christian Voigt

seit 2009 Juniorprofessor für Phytopathologie und Biochemie. Wieder schwebt ein Betonträger vor dem Fenster im ersten Stock vorbei. Christian Voigt beobachtet den Kran mit seinem hin und her taumelnden Anhängsel und sagt, dass er jetzt eigentlich auch da unten auf der Großbaustelle zwischen all den klopfenden und hämmernden Handwerkern stehen könnte. Denn bevor er mit dem Studium der Biologie in der Universität Hamburg begann, hat er Bauingenieurwesen und Umwelttechnik studiert, immerhin zwei Jahre lang bis zum Vordiplom. Schon sein Vater und Großvater waren Bauingenieure, auch sein älterer Bruder ist Ingenieur. „Da lag das irgendwie nahe“, begründet Voigt.

Christian Voigt hat mit der Familientradition und der Aussicht auf einen bodennahen Beruf gebrochen und sich seinem wahren Interesse, der Molekularbiologie, zugewandt. „Von den Betonmischern zu den Genen“, sagt Christian Voigt lachend und ist noch im Nachhinein sichtlich froh über seine Entscheidung, doch noch das Studienfach zu wechseln: „Ich hatte das Gefühl, wenn ich das nicht mache, verpasse ich etwas.“

Die faszinierenden Fortschritte der molekularen Biologie

in den 1990er Jahren haben Christian Voigt angezogen, ihn neugierig gemacht und seinen Forscherdrang geweckt. Überall, ob in Fachzeitschriften oder populären Medien, sei von Genen und Genomen, von neuen Untersuchungstechniken und Analysemethoden berichtet worden. „Da geht was!“, habe er sich gedacht: „Das sind spannende Zukunftsbereiche, in denen man noch wirklich Neues entdecken und etwas bewegen kann“ Dass er mit seinen Überlegungen Recht behalten hat, beweist sein bis dato bemerkenswert erfolgreicher Karriereweg als Forscher. „Als Bauingenieur“, meint Christian Voigt, „wäre ich vielleicht nur Mittelmäß geblieben – wirklich erfolgreich wird man nur mit dem, was auch Spaß macht.“

Voigts jüngster Erfolg ist der Gewinn des „Ideenwettbewerbs Bioenergie“. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) hatte junge Forscher vor zwei Jahren eingeladen, sich mit

„... wirklich erfolgreich wird man nur mit dem, was auch Spaß macht.“

„neuen wissenschaftlichen Ideen und Konzepten jenseits der eingetretenen Pfade“ um alternative Verfahren zur Bioenergiegewinnung zu bemühen. Die Potenziale der Bioenergie besser zu nutzen, ist nicht nur eine große Herausforderung an Forschung und Technik, sondern nicht weniger als eine zukunftsentscheidende Notwendigkeit, insbesondere für Deutschland, das bislang in großem Umfang

„In den USA wären seinerzeit solche innovativen Forschungsansätze nicht mit einem derart großen Budget unterstützt worden.“

von fossilen Energieträgern abhängig ist: 97 Prozent des hierzulande verbrauchten Mineralöls, 83 Prozent des Erdgases und 61 Prozent der Steinkohle stammen aus Importen.

Neue, mithilfe moderner biotechnologischer Verfahren ausgearbeitete Umwandlungsprozesse von Biomasse versprechen, den Anteil von Energie aus nachhaltiger heimischer Produktion zu erhöhen, um langfristig von fossilen Rohstoffen und Energieträgern unabhängig zu werden. Zudem gilt es, eine Konkurrenz zwischen Energie- und Nahrungsmittelproduktion zu vermeiden, wie es bei den bisherigen Biotreibstoffen der ersten Generation aus Getreide- und Maisstärke oder Zuckerrohr der Fall ist. In diesem komplexen Forschungsfeld arbeiten Christian Voigt und seine Mitarbeiter zurzeit. Ihr Vorhaben mit dem Kurztitel „CallBio“ zählt zu den vier Vorschlägen jüngerer Forscher, die den Ideenwettbewerb gewannen und nun vom Ministerium fünf Jahre lang mit insgesamt zehn Millionen Euro unterstützt werden. Die Aussicht, die Förderung seiner Forschungsarbeiten mit einer Juniorprofessur verknüpfen zu können, haben Christian Voigt von Kalifornien zurück nach Deutschland gelockt. „In den USA wären seinerzeit solche innovativen Forschungsansätze nicht mit einem derart großen Budget unterstützt worden“, sagt Voigt.

Zur Pflanzenforschung, erzählt der 35-Jährige, sei er schon recht früh während seines Studiums gekommen, weil die Molekularbiologie, sein Hauptinteressengebiet, in der Hamburger Universität hauptsächlich in der Botanik betrieben worden ist. Während eines mehrmonatigen Praktikums bei der Pharmafirma Roche in Penzberg lernte er die neuesten Methoden zur krebserregenden Wirkstoffanalyse kennen. Ein weiteres Praktikum bei der „BASF-Plant Science“ in Ludwigshafen ließ ihn Einblicke in die Pflanzenforschung einer großen Firma gewinnen und erweiterte sein molekularbiologisches Handwerkszeug. Sein Resümee nach dieser praktischen Zeit in der Industrie lautete, dass er mit seiner künftigen Forscherarbeit gerne „Grundlagen für die Anwendung“ schaffen wolle.

In seiner Diplomarbeit im Fachbereich Biologie,

Abteilung Molekulare Phytopathologie, der Universität Hamburg beschäftigte er sich folgerichtig mit der Frage, wie der Widerstand von Nutzpflanzen gegenüber Krankheitserregern mit gentechnischen Methoden erhöht werden kann. Während seiner Doktorarbeit, die er ebenfalls in der Abteilung für Molekulare Phytopathologie der Universität Hamburg fertigte, vertiefte Voigt das Verständnis der Krankheitsabwehr von Pflanzen auf molekularer Ebene. Eigentlich habe er nach dem Diplom zur ETH in Zürich wechseln wollen, erinnert sich Voigt. Dass er nicht in die Schweiz ging, sondern der Kontinuität den Vorzug gab, reut ihn nicht, denn sie hat sich für ihn ausgezahlt.

Der Schadpilz, mit dem sich Voigt während seiner Diplomarbeit und Dissertation beschäftigte, heißt *Fusarium graminearum*. Er löst die sogenannte Taubährigkeit bei Weizen, eine schwere Getreidekrankheit, aus. Sie führt zu großen Ernteverlusten und ist in der Nahrungs- und Futtermittelproduktion gefürchtet, weil der Pilz nicht nur die Weizenähre bleichen und absterben lässt, sondern auch Mycotoxine produziert, die Mensch und Tier gefährden.

Christian Voigt gelang es während seiner Doktorarbeit, das Gen für eine Lipase, die der Pilz nutzt, um Fette zu spalten, mit gentechnischen Methoden auszuschalten. Das Ergebnis war, dass der Pilz ohne dieses Lipase-Gen sowohl Weizen als auch Mais nur noch eingeschränkt infizieren konnte. Im weiteren Verlauf seiner Doktorarbeit konzentrierte sich Voigt darauf zu erfahren, welche Rolle die Lipase in der Infektionsstrategie des Pilzes spielt und über welche Mechanismen die Pflanze verfügt, um das Eindringen des Pilzes abzuwehren.

Im Laufe dieser Arbeiten

interessierte sich Christian Voigt mehr und mehr für die Callose, eine Substanz, die in der pflanzlichen Zellwand vorkommt. „Bei der Callose handelt es sich um ein Polysaccharid, das während der regulären Entwicklung der Pflanze produziert wird – immer aber auch dann, wenn die Pflanze in Stress gerät“, erklärt Voigt. Ein Stressor kann beispielsweise ein Pilz sein, der sich gerade anschickt, die Wand einer Zelle der Weizenähre zu durchdringen. Die Pflanzenzelle reagiert auf den Okkupationsversuch des Pilzes mit einer vermehrten Produktion von Callose. Dazu werden die einzelnen Bausteine (Glucose-Monomere) mithilfe eines speziellen Enzyms (Callosesynthase) zu einer langen Kette, einem Polymer, verbunden und in der Zellwand verankert. „An der Eintrittsstelle der Pilzhyphe entsteht eine Art Wundverschluss, der die Zelle vor dem Eindringling schützt“, erläutert Voigt.

Die „Calloseversiegelung“ ist eine Barriere, die entscheidend zur Abwehrkraft der Pflanze beitragen kann. Die Pflanzenzelle ist in der Lage, Callose bei Bedarf schnell in großen Mengen zu produzieren und ebenso rasch wieder abzubauen. Wie der Auf- und





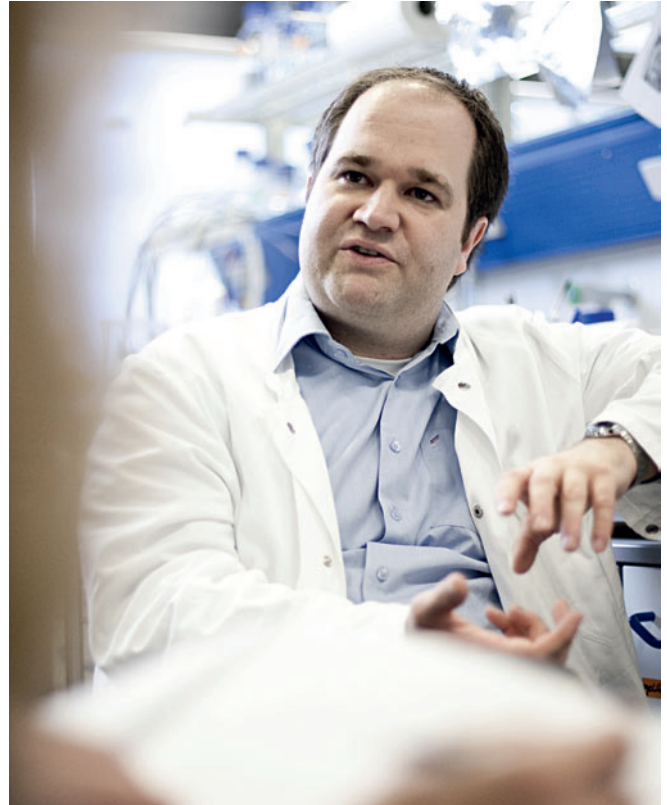
Abbau der Callose aber reguliert wird und welche Signalwege dabei durchlaufen werden müssen, ist noch weitgehend unbekannt. Der Einstrom von Kalzium-Ionen spielt dabei eine Rolle; auch die sogenannten G-Proteine, die eine Schlüsselposition in der Signalweiterleitung einnehmen, oder der Einfluss von Pflanzenhormonen werden diskutiert.

Christian Voigt wollte Genaueres über die Regulationsmechanismen dieser wichtigen Abwehrstrategie der Pflanzen wissen. Dazu wechselte er diesmal den Ort und forschte mit einem Stipendium der Deutschen Forschungsgemeinschaft von August 2006 bis Juli 2008 an der „Carnegie-Institution of Science“ in Stanford, Kalifornien, und am „Energy Biosciences Institute“ in Berkeley. Über eine E-Mail, erinnert sich Christian Voigt, habe er damals Kontakt zu seinen berühmten Kollegen in Übersee aufgenommen: „DFG-Stipendiaten“, weiß er heute, „sind stets willkommene Gäste.“

Während seines Forschungsaufenthaltes in den USA

ist es Christian Voigt gemeinsam mit seinen amerikanischen Kollegen bei der Acker-Schmalwand *Arabidopsis thaliana* – dem bislang am besten verstandenen Modell zum Studium der Abwehrstrategie von Pflanzen – gelungen, das für die Calloseversiegelung zuständige Gen mit gentechnischen Methoden dauerhaft anzuschalten. „Die Pflanze ist nach dieser Überexpression resistent und kann einen Befall durch Mehltau durch eine sehr früh einsetzende Calloseversiegelung komplett stoppen“, erläutert Voigt. Ein Patentverfahren mit der Idee, das gezielt angeschaltete Gen zu nutzen, um Pflanzen widerstandsfähiger gegen Schädlinge zu machen, ist in den USA eingereicht.

Nach Ablauf seines DFG-Stipendiums arbeitete Christian Voigt noch einige Monate am „Energy Biosciences Institute“ in Berkeley; Ende des Jahres 2008 kehrte er nach Hamburg zurück. Die finanzielle Unterstützung durch das BMBF und die Universität Hamburg haben ihn die Lage versetzt, die Laborräume im Biozentrum Klein Flottbeck komplett zu renovieren und mit den neuesten Gerätschaften auszustatten, darunter ein Mikroskop der neuesten Generation, das gerade angeliefert worden ist. Mit dem



modernisierten Interieur hoffen die Hamburger Forscher rasche Fortschritte in ihrem Projekt „CallBio“ zu machen: Dahinter steckt die Idee, die Calloseproduktion der Pflanze zur Gewinnung von Biotreibstoff zu nutzen.

CallBio ist die Abkürzung für „Resistente Pflanzen für eine vereinfachte Bioethanolgewinnung durch Optimierung der Biosynthese der Callose“.

Das Ziel dieser Forschung ist, eine Alternative für die Herstellung von Bioethanol aus Biomasse (zweite Generation) bereitzustellen. Bei den bisherigen Verfahren wird die Zersetzung des Vielfachzuckers Cellulose angewandt, was schwierig und energieaufwändig ist. Die Callose aufzuspalten, ist hingegen vergleichsweise einfach. Ein Mehr an Callose in Pflanzen sollte daher auch zu einem Mehr an Ethanolausbeute führen.

Die Zielpflanze der Hamburger Forscher heißt *Miscanthus giganteus*,

das Riesen-Chinaschilf. Die ursprünglich aus Asien stammende, genügsame und nicht zur Lebensmittelproduktion geeignete Pflanze zeichnet sich durch eine besonders hohe Biomasseleistung aus und kann auch im europäischen Raum bis zu vier Meter groß werden. Ein weiterer Vorteil ist, dass bislang kein Krankheitserreger bekannt ist, der dem Riesen-Chinaschilf etwas anhaben kann – alles Eigenschaften, die für eine Nutzung als Energiepflanze sprechen. Von *Arabidopsis thaliana* – der gut untersuchten Lieblingsmodellpflanze der Pflanzengenetiker – ausgehend und über eine weitere Zwischenstufe – dem Süßgras *Brachypodium distachyon* – versuchen Christian Voigt und seine Mitarbeiter, sich den komplexeren Verhältnissen des Riesen-Chinaschilfs anzunähern und es zu nutzen, um mit Callose – dem Versiegelungsmaterial der Pflanzen – die Biokraftstoffproduktion zu optimieren. Das ist ein in der Tat ungewöhnlicher, jenseits ausgetretener Pfade liegender Weg, um Energie zu erzeugen. Die Hamburger Pflanzenforscher haben viel vor, und das Ziel scheint noch weit. Dennoch will Christian Voigt sein Labor heute ausnahmsweise schon am späten Nachmittag verlassen. Es zieht ihn nach Hause. Dort will er in Ruhe an einer Publikation weiterschreiben: „Noch so eine Baustelle ...“, sagt er.

Treffen

Pflanzenforschung vom Labor bis auf den Acker

Mehr als 20.000 Besucher auf den DLG Feldtagen in Niedersachsen

Text und Fotos: Matthias Artl

Bunte Ballons und wehende Fahnen unterbrechen Mitte Juni die sonst eher beschauliche Kulturlandschaft im Süden von Hannover. Doch weder Jahrmarkt noch Zirkus gastierten im niedersächsischen Springe-Mittelrode. Das Rittergut Bockerode war vom 15. bis 17. Juni 2010 Veranstaltungsort der DLG-Feldtage. Veranstalter der landwirtschaftlichen Freiluftmesse ist die DLG (Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft) in Zusammenarbeit mit diversen Partnern. Sie zeigt auf den Feldtagen alle zwei Jahre die diversen Facetten des modernen Pflanzenbaus.

Mit 21.350 Fachbesuchern und einem Anteil von 7% ausländischer Gäste wurde das zweitbeste Ergebnis bei Feldtagen erzielt, berichtet die DLG. Landwirte stellen dabei traditionell den größten Anteil der Besucher. Die Schwerpunkte des Besucherinteresses waren die Bereiche Pflanzenschutz, Saatgut und Sorten, Düngung sowie Landtechnik. Aber auch GPS-gesteuertes „Precision-Farming“, automatisierter Pflanzenbau und der Einsatz moderner Informationstechnologie rückt zunehmend ins Interesse der Besucher. Dabei stellte die Pflanzenzucht sicherlich den sichtbarsten Teil der Ausstellung dar. Auf zahlreichen Flächen stellten die Saatgutunternehmen neue Sorten aus. Die Landwirte als Anwender hatten so die Chance, die Pflanzen auch genauer unter die Lupe zu nehmen.

Die Pflanzenforschungsprogramme des BMBF

präsentierten sich auf den DLG-Feldtagen erstmals mit einem eigenen Stand. Neben der Züchtungsgeschichte von Kohl und Weizen konnten sich die Landwirte auch über moderne Methoden der Pflanzenzucht informieren. Die Geschichte der Pflanzenzucht beginnt vor etwa 12.000 Jahren. Das Einkorn, Vorfahr der heutigen Weizenarten, war eine der ersten Pflanzen, die vom Menschen gezielt züchterisch bearbeitet wurden. Aber noch ein weiterer

Aspekt macht das Gras interessant: Weizen hat eines der größten Genome überhaupt. Die Ursache für das große Genom des Brotgetreides ist in der „Familiengeschichte“ zu finden. Im Laufe der Züchtung kam es zu gravierenden Veränderungen im Genom der Weizenarten. Der "Urweizen" besaß einen doppelten Chromosomensatz, wie etwa auch der Mensch. Durch Kreuzungen mit Wildgräsern entstand im Laufe der Jahrtausende unter anderem der tetraploide Hartweizen, der ohne den italienische Pasta undenkbar wäre, und der hierzulande kultivierte hexaploide Weichweizen.

vierte hexaploide Weichweizen.

Ein neueres Beispiel aus der Geschichte der Pflanzenzüchtung ist die Sortenvielfalt des Kohls. Von der Diversität der Kohlformen konnten sich die Besucher anhand verschiedener Kohlpflanzen überzeugen. Obwohl Blumenkohl, Rosenkohl und Kohlrabi unterschiedliche Gemüse mit unterschiedlichem Geschmack sind, handelt es sich bei allen dreien um die gleiche Art: *Brassica oleracea*. Alle verschiedenen Kohlsorten gehen auf einen "Urkohl" zurück. Nachfahren dieses „Urkohls“ findet man heute bei-



spielsweise noch als Klippenkohl auf Helgoland. Durch natürlich auftretende Veränderungen (Mutationen) und die gezielte Selektion vorteilhafter Eigenschaften durch den Menschen entstanden die unterschiedlichsten Kohlsorten. Weißkohl entstand vor etwa 1000 Jahren, Blumenkohl wenige Jahrhunderte später. Aus dem Wildkohl wurde so durch Menschenhand eine der variantenreichsten Nutzpflanzenarten, die wir kennen. Diese Vielfalt, die sich auch auf genetischer Ebene widerspiegelt, ist die Basis für die moderne Pflanzenzüchtung. Durch die Nutzung dieser Vielfalt lassen sich neue Sorten entwickeln, welche die Eigenschaften verschiedener Sorten in sich vereinen. Auch die moderne markergestützte Züchtung („Smart Breeding“) bedient sich der genetischen Diversität, um die Pflanzen von morgen zu entwickeln. Diese moderne Methode der Pflanzenzüchtung konnten die Standbesucher nun erstmals selbst ausprobieren. Anhand eines Modells, an dem sie selbst Hand anlegen konnten, erfuhren sie, welche großen Vorteile die Marker-gestützte Pflanzenzüchtung bringt. Die Verwendung von molekularen Markern beschleunigt die Auswahl vorteilhafter Sorten enorm. Wo unsere Vorfahren noch Jahrhunderte brauchten, um die Nutzpflanzen nach Ihren Wünschen zu formen, gelingt dies den Pflanzenzüchtern heute in wenigen Jahren. Die vielfältigen Ergebnisse dieser modernen Pflanzenzüchtung waren auf den Feldtagen zahlreich zu bestaunen. Und der eine oder andere Landwirt sah sie jetzt mit ganz anderen Augen.

Wenn klassische Züchtungsmethoden an ihre Grenzen stoßen,

kann die Pflanzenbiotechnologie bisweilen den Schlüssel zum Erfolg bieten. Eigenschaften, die mit herkömmlichen Methoden nicht in entsprechende Sorten einzubringen sind, können mitunter mit Hilfe der Grünen Gentechnik verfügbar gemacht



werden. Entsprechend groß ist der Erfolg dieser Züchtungsmethode weltweit. Im Jahr 2009 bauten 14 Mio. Landwirte auf 134 Mio. Hektar in 25 Ländern mehr als 11 Pflanzenarten mit verschiedensten gentechnisch veränderten Eigenschaften an. Doch während international die globale Entwicklung rasch voran schreitet, ist Europa immer noch ein Entwicklungsland, was die Pflanzenbiotechnologie angeht. Dabei sind gentechnisch veränderte Zusätze in Lebensmittel auch bei uns längst Realität. Dennoch tut man sich besonders in Deutschland schwer, wissenschaftliche Fakten anzuerkennen und Innovation in der eigenen Landwirtschaft zu ermöglichen. Vor allem die befürchtete Ablehnung von Verbrauchern wird dabei häufig als Begründung für die restriktive Haltung vorgeschoben. Verschiedene Umfragen zeigen jedoch, dass viele Verbraucher der Grünen Gentechnik gerade deshalb skeptisch gegenüberstehen, weil sie das Gefühl haben, über das komplexe Thema nicht ausreichend informiert zu sein.

Um diesem hohen Informationsbedürfnis nachzukommen, präsentierten verschiedene Partner der landwirtschaftlichen Wertschöpfungskette sich in einem Themenzelt zur Grünen Gentechnik. Aussteller aus Wissenschaft und Wirtschaft beleuchteten die verschiedenen Aspekte der Grünen Gentechnik und boten so die Grundlage für eine umfassende Meinungsbildung. Zentrale Fragen wurden anhand von Exponaten wie auch im direkten Dialog mit Experten aus den unterschiedlichen Bereichen beantwortet. Neben den Herausforderungen der Zukunft wurde ein Einblick in die vielfältigen Themen der Grundlagenforschung gegeben. Auch über Freisetzungen, Anbau und Importe von gentechnisch veränderten Pflanzen konnte man sich im Themenzelt informieren. Ein Überblick über die Zulassungsregularien und die Frage, wie viel Gentechnik bereits in unseren Lebensmitteln steckt, rundeten das umfassende Informationsangebot ab. Damit sich die Besucher nicht mit der Theorie abfinden mussten, konnten sie gentechnisch veränderte Pflanzen auch direkt bestaunen. In Glaskästen wurden diverse vielversprechende Pflanzen, wie die Phytophthora-resistente Kartoffel, eine Anti-Allergene Karotte oder Hybridweizen gezeigt. In Form von Schokoriegeln und Nelken mit violetter Blütenfarbe konnten die Besucher dann auch gentechnisch veränderte Produkte mit nach Hause nehmen.

Die DLG Feldtage 2010

boten nicht nur dem Landwirt eine Vielzahl von Informationsmöglichkeiten zu allen Facetten des Pflanzenbaus. Mit über 21.000 Besuchern erreichten die Feldtage 2010 das zweitbeste Ergebnis. Das vielfältige Informationsangebot kam gut bei den Besuchern an, so dass den nächsten Feldtagen im frühen Sommer 2012 nichts im Wege stehen dürfte. (ma)



Kick-Off für GenoMik-Transfer

Vom 7.-8. Juni 2010 trafen sich in Göttingen bei schönstem Wetter 78 Teilnehmer aus Wissenschaft, Industrie und Forschungsförderung zum ersten gemeinsamen Treffen aller Verbände der neuen BMBF-Förderinitiative GenoMik-Transfer – Anwendungsorientierte Forschung an nicht-pathogenen Mikroorganismen für Gesundheit, Ernährung und ressourceneffiziente Industrieproduktion. Organisiert wurde das Treffen durch das Zentrale Management dieser Förderinitiative, das an der Georg-August-Universität in Göttingen angesiedelt ist. Unter der Leitung von Rolf Daniel werden dort zentrale Aufgaben wahrgenommen, wie die Organisation von Treffen und Tagungen, die Öffentlichkeitsarbeit und die Förderung des Informationsaustauschs zwischen allen Protagonisten der Förderinitiative.

Petra Ehrenreich



Zu Beginn der Veranstaltung gaben dann auch die Mitarbeiter des Zentralen Managements einen kurzen Überblick über wichtige organisatorische Fragestellungen und die geplanten weiteren Aktivitäten in der kommenden Förderperiode, wie beispielsweise die fünfte Veranstaltung der internationalen Tagungsserie „ProkaGENOMICS 2011 – European Conference on Prokaryotic and Fungal Genomics“, die vom 18.-21. September 2011 wieder in Göttingen ausgerichtet werden wird. Im Rahmen dieser Tagung wird dann auch die Zwischenevaluierung aller an GenoMik-Transfer beteiligten Projekte stattfinden.

Hightech für alle

Neben dem Zentralen Management stellten sich als weitere zentrale Einrichtungen die Technologieplattformen vor. Rolf Daniel (Technologieplattform Göttingen: DNA-Sequenzierung, Annotation, Bioinformatik, Transkriptomics), Birgit Voigt (Technologieplattform Greifswald: Gel-basierte bzw. Gel-freie Proteomics) und Alfred Pühler (Technologieplattform Bielefeld: Bioinformatik) präsentierten die drei Hightech-Labore mit ihren technischen Möglichkeiten, den Erfolgen der vergangenen Jahre und den geplanten Kooperationsprojekten. Die Technologieplattformen haben sich bereits während der GenoMik und der GenoMik-Plus Förderung in den vergangenen Jahren bewährt und sind mit ihrer hochwertigen technischen Ausstattung und hochqualifiziertem Personal allen an der Förderinitiative beteiligten Wissenschaftlern über Kooperationen zugänglich.

In den weiteren Kurzvorträgen präsentierten sich die bisher innerhalb dieser Initiative geförderten Forschungsverbände und stellten die jeweils beteiligten Projektpartner mit ihren ambitionierten Forschungsprojekten kurz vor. Seit Ende 2009 bzw. Anfang 2010 werden 18 Konsortien aus Wissenschaft und Wirtschaft mit anwendungsorientierten Forschungsprojekten gefördert. Neben der Unterteilung der Projekte in die drei Förderungsmodul A (Transfer), B (Nachwuchsgruppen) und C (Industrie) lassen sich die geförderten Projekte thematisch in zwei große Gruppen unterteilen. Der erste Themenkomplex befasst sich mit der Nutzung des Potentials von Mikroorganismen für Produktionsprozesse, der

zweite Themenkomplex befasst sich mit Mikroorganismen mit Relevanz in dem Bereich Gesundheit und Ernährung, wobei sich nicht jedes Verbundprojekt ganz eindeutig nur einem dieser Themenkomplexe zuordnen lässt.

Themenbereich Mikroorganismen für Produktionsprozesse

Vier der vorgestellten Verbände befassen sich mit Mikroorganismen, die bereits in industriellen Prozessen eingesetzt werden. Aufbauend auf den bereits vorhandenen Genomsequenzen wird in diesen Projekten das jetzt zur Verfügung stehende breite Spektrum neuer (Hochdurchsatz-)Technologien zur Anwendung kommen und beispielsweise für funktionelle Genom-, Proteom-, Metabolom- bzw. Fluxomanalysen genutzt werden. Ziel ist die Optimierung von Mikroorganismenstämmen für die bereits etablierten Prozesse bzw. für die Synthese neuer Produkte.

- FlexFit: *Corynebacterium* – Verbesserung von Flexibilität und Fitness für die industrielle Produktion (Kordinator: M. Bott, Jülich)
- Autotrophe Produktion von isotope markierten Biomolekülen mit *Ralstonia eutropha* (Kordinator: B. Friedrich, Berlin)
- MiPro: Mikroorganismen als Produktionsstämme – ein Genombasierter Ansatz zur Konstruktion neuer industrieller Produktionsstämme (Kordinator: K.-E. Jaeger, Düsseldorf)
- Essigsäurebakterien als Biotransformationsfabriken (Kordinator: U. Deppenmeier, Bonn)

Drei weitere Verbände, die sich auf dem Kick-Off Meeting präsentierten, befassen sich mit der Methodenentwicklung zur Überwachung industrieller Produktionsprozesse bzw. zur effizienteren Identifizierung neuer industriell relevanter Enzyme oder anderer Biomoleküle:

- ExpresSys: Neue mikrobielle Expressionssysteme für industriell relevante Gene (Kordinator: W. Liebl, München)
- IPG: Integrierte Phänotyp-Genotyp-Plattform zur Identifizierung verborgener genetischer Targets und Targetkombinationen (Kordinator: H.-P. Fischer, Genedata Bioinformatik GmbH Planegg)
- On line Chipsystem für die Überwachung industrieller Bioproduktion (Kordinator: R. Hintsche, AJ eBiochip Itzehoe)

Themenbereich Mikroorganismen für Gesundheit und Ernährung

Wie auf dem Kick-Off Meeting deutlich wurde sind die bearbeiteten Fragestellungen zum zweiten großen Themenkomplex ‚Gesundheit und Ernährung‘ sehr divers. Sie reichen von der Suche nach antimikrobiellen Wirkstoffen, der sich der größte Forschungsverbund dieser Initiative GenBioCom: Genombasierte Produktion von bioaktiven Verbindungen aus Aktinomyzeten für



Abb. 1: Bei der gut besuchten Veranstaltung waren Vertreter aus allen geförderten Verbänden zugegen.

Gesundheit, Ernährung und Industrie (Koordinator: W. Wohlleben, Tübingen) sowie der Verbund DINaMid: Genom-basierte Findung neuer antimikrobieller Wirkstoffe in mikrofluidischen Chips (Koordinator: M. Nett, Jena) widmen, über die Bekämpfung von Biofilmen im Verbund ChemBioFilm: Innovative Strategien zur Verhinderung von Biofilmen und zur Proteinstabilisation (Koordinator: W. Streit, Hamburg) bis hin zur Bekämpfung von Tumoren mit probiotischen *E. coli* im Verbund PROTumor: modifizierte probiotische Bakterien für die Behandlung solider Tumoren (Koordinator: F. Gunzer, Dresden). Mit dem großen Themenkreis Pflanzengesundheit befasst sich der Verbund PathControl: Unterdrückung des pflanzenpathogenen Pilzes *Rhizoctonia solani* durch das pflanzenwachstumsfördernde Bakterium *Bacillus amyloliquefaciens* in der Wurzelzone (Koordinator: R. Borriss).

Gegenüber den früheren GenoMik-Ausschreibungen ist die GenoMik-Transfer Initiative offen für Forschungsprojekte, die sich mit eukaryotischen Mikroorganismen befassen. Aus diesem Bereich stellten sich drei Verbünde vor:

- BioFung: Integrative Untersuchung des biotrophen Wachstums des Pilzes *Verticillium longisporum* auf seiner Wirtspflanze Raps (Koordinator: G. Braus, Göttingen) (siehe auch Beitrag auf S. 4–6).
- SweePro: Nachhaltige und Ressourcen-schonende Produktion von süßen Proteinen für Gesundheit und Ernährung (Koordinator: Matthias Bureik, PomBioTech Saarbrücken)
- Anthelminth: Anthelminthika der Cyclodepsipeptid-Gruppe aus pflanzenassoziierten Pilzen und Bodenmikroorganismen für die veterinär- und humanmedizinische Parasitologie (Koordinator: Achim Harder, Bayer Animal Health)

Auch die einzige in Modul B dieser Initiative geförderte Nachwuchsgruppe MetaZyme – Ein neuer Ansatz für die kinetische Analyse von Stoffwechselwegen unter Ansgar Poetsch (Bochum) befasst mit einem eukaryotischen Mikroorganismus, genauer: mit der Sphingolipidsynthese in der Hefe *Pichia ciferri*.

Mehr Anwendungsnähe durch interdisziplinäre und integrative Forschungsansätze

Bereits in der BMBF-Ausschreibung zu dieser Förderinitiative war die interdisziplinäre Zusammenarbeit eine wesentliche Anforderung an die zu fördernden Verbundprojekte. Deutlich war dann auch bei den vorgestellten Verbänden der integrative Ansatz erkennbar. Neben Mikrobiologen und Molekularbiologen sind stets auch Wissenschaftler aus anderen Fachgebieten eingebunden – wie beispielsweise Verfahrenstechniker, Biophysiker, Informatiker oder Chemiker. Durch diese fächerübergreifende Betrachtung einzelner Fragestellungen eröffnen sich völlig neue Aspekte und Herangehensweisen und die Anwendungsorientierung rückt stärker in den Mittelpunkt der Projekte.

Alle vorgestellten Verbundprojekte können daher ein außer-



Abb. 2: Neben der verdienten körperlichen Stärkung dienen die Kaffeepausen auch dem ‚Networking‘.

ordentlich hohes Interesse seitens der gewerblichen Wirtschaft vorweisen, sei es – wie in den meisten Fällen – durch die direkte Beteiligung der jeweiligen Industrieunternehmen als Projektpartner oder gar als Verbundkoordinator, oder durch eine anderweitige Einbindung der Industriepartner. Diese enge Zusammenarbeit von Wirtschaft und Wissenschaft wird den Technologietransfer und damit die wissenschaftliche sowie wirtschaftliche Leistungsfähigkeit Deutschlands weiter verbessern. Viele der in GenoMik-Transfer eingebundenen Wirtschaftsunternehmen haben sich zusammen mit einigen weiteren in einem Industrieverbund Weiße Biotechnologie (IWBio e.V.) zusammengeschlossen, dessen Aktivitäten, Mitglieder und Ziele ebenfalls in einem kurzen Vortrag von Stephan Hans (Evonik) präsentiert wurden (Informationen unter www.iwbio.com).

Insgesamt bot das Kick-Off Meeting eine wichtige Gelegenheit für alle Teilnehmer, einen Überblick über die Initiative als Ganzes, ihre Zentralen Einrichtungen und die geplanten Aktivitäten zu erhalten. In den Kaffeepausen und beim gemeinsamen Abendessen bot sich ausreichend Gelegenheit zum gegenseitigen Kennenlernen, zum Erfahrungsaustausch und damit zur Stärkung der Vernetzung zwischen allen GenoMik-Transfer-Partnern aus Wissenschaft und Wirtschaft. In seinen abschließenden Worten zeigte sich daher auch Christoph Wennemann vom Projektträger Jülich sehr zufrieden mit der Beteiligung und den präsentierten Forschungsvorhaben auf diesem ersten gemeinsamen Treffen aller GenoMik-Transfer Partner. Das nächste Treffen dieser Art ist für Frühsommer 2011 geplant und wir dürfen auf die ersten Ergebnisse der hier vorgestellten Projekte gespannt sein.

Freier Zugang zum Wissen

Expertenkonferenz in Köln zu Open Access und Open Data



Vom 13. bis zum 14. Dezember 2010 findet in Köln die internationale Expertenkonferenz „Open Access – Open Data“ statt. Sechs Jahre nach der

ersten Open-Access-Konferenz in Köln gilt es, den Entwicklungsstand zu resümieren sowie die Herausforderungen für die nächsten zehn Jahre zu erörtern. Daneben sollen neue Wege für die immer bedeutender werdende Open-Data-Bewegung diskutiert werden. Die Konferenz wird von Goportis, dem Leibniz-Bibliotheksverbund für Forschungsinformation, organisiert. Dieser bestehend aus den drei deutschen zentralen Fachbibliotheken TIB (Technische Informationsbibliothek, Hannover), ZB MED (Deutsche Zentralbibliothek für Medizin, Köln/Bonn) und ZBW (Deutsche Zentralbibliothek für Wirtschaftswissenschaften – Leibniz-Informationszentrum Wirtschaft, Kiel/Hamburg). Goportis ist in Deutschland zentraler Ansprechpartner für die Kompetenzfelder Volltextversorgung, Lizenzen, nicht-textuelle Materialien, Langzeitarchivierung und Open Access. Weitere Informationen sind über die Webseite der Konferenz erhältlich: www.oaad2010.de *Quelle: IDW, 10.08.2010*


PROGRAM OF MEDICAL GENOME RESEARCH

**3rd Annual Meeting of
NGFN-Plus and NGFN-Transfer
in the
Program of Medical Genome Research
November 25 - 27, 2010
Berlin, Henry Ford Building**

Main Topics
Genomics of Common Disease
Animal, Cellular & Tissue Models
Systems Biology
New Technologies
Transfer from Genomics to Application

Poster Session
 Satellite Symposia
Next-Generation Sequencing
Small RNA

Company
**Satellite Sessions
Exhibition**

www.ngfn-meeting.de/2010









**INTERNATIONAL LATE AUTUMN SCHOOL on ADVANCED
TECHNIQUES in BACTERIAL GENOME
RESEARCH**
**ESF-CONFERENCE and
PRACTICAL COURSES**



**21st - 27th
November
2010
Bielefeld**

SPEAKERS
 Jozef Anné (BE)
 Eckhard Boles (DE)
 Roel Bovenberg (NL)
 Mirjam Czejek (FR)
 Sjeef Heijnen (NL)
 Akihiko Kondo (JP)
 Jens Nielsen (SE)
 Jose A. Salas (ES)
 Uwe Sauer (CH)
 Jin-Ho Seo (KR)
 Friedrich Srienc (US)
 Xinqing Zhao (CN)

CONFERENCE
 21st -24th November
 Park Inn, Bielefeld
*Microbes and Industrial
Biotechnology 2010*

COURSES
 24th - 27th November
 CeBiTec, Bielefeld
*Advanced Techniques in
Bacterial Genome Research*

Organizers:
 J. Kalinowski
 O. Kruse
 K. Niehaus
 T. Noll
 A. Pühler (Chair)
 V. Wendisch (Chair)

Instructors:
 A. Goesmann
 J. Kalinowski
 K. Niehaus
 T. Patschkowski
 Ch. Rückert
 R. Szczepanowski

For Application See:
www.esf.org/conferences/10347
 (grants available for early career researchers)

Veranstaltungen auf einen Blick

2010

11.10.-14.10.2010
**International Conference
on Systems Biology (ICSB)**
 Edinburg, Schottland
www.icsb2010.org.uk/

29.09.-01.10.2010
Systems Genomics 2010
 Heidelberg, Deutschland
www.SG2010.org

13.11.-16.11.2010
5th EMBO Conference
 Heidelberg, Deutschland
www.embl.de

25.11.-27.11.2009
**3rd Annual Meeting
of NGFN-Plus
and NGFN-Transfer**
 Berlin, Deutschland
www.ngfn-meeting.de/2010

21.11.-24.11.2010
**Microbes and Industrial
Biotechnology 2010**
 Bielefeld, Deutschland
[www.esf.org/
index.php?id=7123](http://www.esf.org/index.php?id=7123)

24.11.-27.11.2010
**Autumn School
"Adv. Techniques
in Bacterial Genome
Research"**
 Bielefeld, Deutschland
<http://tinyurl.com/2wjgcl8>

2011

15.01.-19.01.2011
**Plant and Animal Genome
XIX Conference (PAG)**
 San Diego, CA, USA
www.intl-pag.org/

15.03.-17.03.2011
**Statusseminar
Pflanzenforschung**
 Potsdam, Deutschland
www.gabi.de

03.04.-06.04.2011
VAAM Jahrestagung 2011
 Karlsruhe, Deutschland
<http://www.vaam2011.de>

04.05.-07.05.2011
**Plant Genomics European
Meeting (PLANT GEM 9)**
 Istanbul, Türkei
<http://www.plant-gem.org>

26.06.-30.06.2011
**4. FEMS Kongress für
Europäische Mikrobiologen**
 Genf, Schweiz
[www2.kenes.com/fems2011/
pages/home.aspx](http://www2.kenes.com/fems2011/pages/home.aspx)

28.8.-01.09.2011
**12th Intl. Conference on
Systems Biology**
 Heidelberg - Mannheim,
 Deutschland
<http://www.icsb-2011.net/>

18.9.-21.09.2011
ProkaGENOMICS 2011
 Göttingen, Deutschland
www.prokagenomics.org/

Aktuelles

Bienen online im Klassenzimmer Auszeichnung für das Würzburger Bienen-Projekt HOBOS

Warum wird ein Bienenstock leichter, wenn es kalt ist? Wovon hängt die Sammelaktivität einzelner Bienen ab? Solche und andere Fragen können Schüler mit den „Honigbienen-Online-Studien“ (HOBOS) der Universität Würzburg bearbeiten. Am Donnerstag, 22. Juli, wurde das Projekt ausgezeichnet – im bundesweiten Innovationswettbewerb „365 Orte im Land der Ideen“.

HOBOS: Dahinter verbirgt sich ein Bienenstock mit High-Tech-Ausstattung, an dem das Leben der Bienen in Echtzeit studiert werden kann. Übers Internet lassen sich Bilder und Daten aus dem Bienenstock abrufen. Eine Wärmebildkamera offenbart zum Beispiel, wie unterschiedlich stark die Körper der Insekten aufgeheizt sind. Hinzu kommen Daten über Temperatur, Luftfeuchtigkeit und andere Messgrößen. Die Bienen sind außerdem individuell mit RFID-Chips markiert: So lassen sich die Tagesabläufe einzelner Tiere genau verfolgen – vom Schlüpfen bis zum Tod.

„Damit haben Sie ein pädagogisches Werkzeug geschaffen, das global und fachübergreifend genutzt werden kann und für alle Schularten geeignet ist“, lobte Holger Opas. Der Repräsentant der Deutschen Bank überreichte Projektleiter Professor Jürgen Tautz und seinem Mitarbeiter Hartmut Vierle die Auszeichnung – einen Pokal und eine Urkunde des Bundespräsidenten. Die Deutsche Bank ist der offizielle Partner des Innovationswettbewerbs.

Global ist HOBOS in der Tat nutzbar: Elf Schulen aus neun Ländern machen bei dem Projekt mit, seit es im Sommer 2009 startete. Es eignet sich für Grundschüler ebenso wie für Gymnasiasten, weil sich einfache bis sehr komplexe Fragen damit angehen lassen. Ab dem Wintersemester sollen erstmals auch Bachelor- und Lehramtsstudierende der Uni Würzburg die Möglichkeiten von HOBOS nutzen können, wie Tautz in seinem Vortrag ankündigte.

Für das „sehr öffentlichkeits- und bildungswirksame Engagement“, das der Biologie-Professor mit seiner Bienenforschung verknüpft, dankte Universitätspräsident Alfred Forchel in seinem Grußwort. „Ich freue mich, dass die Universität in diesem Wettbewerb bereits zum vierten Mal ausgezeichnet wird“, so Forchel. Der Preis, den es seit 2006 gibt, ging bereits an die Wissenschaftsmeile Röntgenring, ans Rudolf-Virchow-Zentrum für dessen Schülerprojekte sowie ans Zentrum für Angewandte Energieforschung, das eng mit der Universität verbunden ist.

Nicht nur in der Biologie ist HOBOS vielseitig nutzbar. Die Bienen und ihr Leben eignen sich auch für den Mathematik-Unterricht. Das zeigte Professor Hans-Georg Weigand in seinem Vortrag. Aus den Temperatur- und Feuchtigkeitsdaten lassen sich Graphen erstellen, analysieren und interpretieren. Spannend sind auch die sechseckigen Waben, die Bienen bauen: Damit können Lehrer beispielsweise die Frage angehen, mit welchen Arten von regelmäßi-



gen Vielecken sich eine Fläche bedecken lässt.

Bert Eitschberger, Biologie- und Chemie-Lehrer am Würzburger Friedrich-König-Gymnasium, wies auf die Unterrichtsblock-Vorschläge hin, die das HOBOS-Team zur Biologie und Mathematik erarbeitet hat. Die Blöcke eignen sich für alle Schultypen, Zeitumfänge und Schwierigkeitsgrade bis hin zur gymnasialen Oberstufe. In Kürze werden die ersten Vorschläge auf der HOBOS-Homepage zur Verfügung stehen; dieses Angebot soll im Lauf der Zeit beständig erweitert werden:

www.hobos.biozentrum.uni-wuerzburg.de/educational_material/

Eitschberger zeigte, wie er das Bienen-Portal mit seiner Klasse 8b nutzt. Die Schüler waren bei der Feier dabei und lösten an den Computern in der Robotikhalle eifrig die Aufgaben auf den Arbeitsblättern: Wird die Temperatur im Bienenstock reguliert? Wenn ja: Wie stellen die Bienen das an? Ihr Lehrer beantwortete am Ende auch die Frage, warum ein Bienenstock bei Kälte leichter wird: Weil die Bienen dann mehr Honig fressen – mit der Energie aus dem süßen Stoff heizen sie ihre Körper und damit den ganzen Stock auf. *Quelle: IDW, 22.07.2010*

Bienen können mit HOBOS in Echtzeit studiert werden (Foto: alle – Fotolia.com).



Auszeichnung für das Würzburger Bienen-Projekt HOBOS: Holger Opas von der Deutschen Bank (Mitte) überreichte Urkunde und Pokal an Professor Jürgen Tautz (links) und dessen Mitarbeiter Hartmut Vierle (Foto: Robert Emmerich).

Genomforschung für die Schule

Erste Ausgabe des Magazins
GENOMXPRESS SCHOLAE
erschienen

Matthias Arlt

Erstmals ist jetzt ein Wissenschaftsmagazin zur Genomforschung und Biotechnologie speziell für die Schule erschienen: der GENOMXPRESS SCHOLAE. Das Heft ist ein Ableger des Wissenschaftsmagazin GENOMXPRESS. Es richtet sich speziell an Biologielehrer in der Sekundarstufe II. Aktuelle Forschungsergebnisse aus den Bereichen Genomforschung und Biotechnologie an Mensch, Tier, Pflanze und Mikroorganismus werden in didaktisch aufbereiteter Form dargestellt und können direkt im Unterricht eingesetzt werden. Das Magazin wird von den Koordinierungsstellen der vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Forschungsnetzwerke GABI (Pflanzenbiotechnologie), NGFN (Nationales Genomforschungsnetz), GenoMik (Genomforschung an Mikroorganismen) und FUGATO (Funktionelle Genomanalyse im tierischen Organismus) herausgegeben.

Eine besondere Rolle in der Wissenschaftskommunikation und der Vermittlung von aktuellen Forschungsergebnissen spielt vor allem der naturwissenschaftliche Unterricht. Der GENOMXPRESS SCHOLAE zielt genau auf diesen Bereich. Das Heft stellt ein zusätzliches Angebot für die Lehrer dar, neben Lehrbuchwissen auch aktuelle Forschungsthemen in den Unterricht einfließen zu lassen. Um Inhalt und Form auf die Zielgruppe abzustimmen, wurde das Magazin in enger Zusammenarbeit mit dem Gläsernen Labor in Berlin-Buch entwickelt. Das Schülerlabor hat langjährige Erfahrung in der Vermittlung komplexer naturwissenschaftlicher Sachverhalte an Schüler unterschiedlichster Altersgruppen.

„Unser zentrales Anliegen ist es, den Schülern wissenschaftliches Denken zu vermitteln“, erläutert Dr. Matthias Arlt, Redaktionsleiter des GENOMXPRESS, die Motivation für die neue Publikation. „Nur wer sich kritisch mit belegbaren Fakten auseinandersetzen kann, der ist auch fähig sich eine wissenschaftsbasierte Meinung zu bilden“. Gerade im Bereich von Genomforschung und Biotechnologie ist es wichtig, sich über die komplexen Hintergründe zu informieren, um in Diskussionen die eigene Meinungen vertreten und die Meinungen der Anderen auch bewerten zu können.



Das Heft gliedert sich in fünf Kapitel, die jeweils unterschiedliche Aspekte von Genomforschung und Biotechnologie beleuchten. Im Bereich der medizinischen Genomforschung steht die Krankheit Krebs im Mittelpunkt. Weitere Kapitel beschäftigen sich mit Krankheitsresistenzen beim Nutztier Honigbiene und bei der Nutzpflanze Wein. Ein weiteres Thema der Pflanzenbiotechnologie ist die Sicherheitsforschung an transgenem Mais. Das Kapitel zu angewandten Aspekten mikrobieller Systeme beschäftigt sich mit der biotechnologischen Nutzung der natürlichen Vielfalt, etwa für die Entwicklung neuer Antibiotika.

Ein anschließendes fachübergreifendes Thema stellt die Rolle von Modellorganismen in der Forschung dar. Um die Theorie auch in der Praxis ausprobierten zu können, bieten sich die zahlreichen Schülerlabore im Bundesgebiet an. Dort können Schüler und Lehrer unter fachkundiger Anleitung selber einmal Forscher sein. Ein redaktioneller Teil widmet sich diesen Einrichtungen und weist auf ihre Möglichkeiten hin.

Die alleinige redaktionelle und inhaltliche Verantwortung liegt bei den Koordinierungsstellen der Forschungsnetzwerke in Zusammenarbeit mit dem Gläsernen Labor in Berlin-Buch. Das Magazin wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert und daher kostenlos abgegeben. Neben der gedruckten Lehrerversion des GENOMXPRESS SCHOLAE gibt es auch eine Schülerversion, die als PDF unter www.genomxpresse.de heruntergeladen werden kann. Gerne senden wir Ihnen auch kostenlos gedruckte Exemplare zu und stehen Ihnen persönlich für Fragen zur Verfügung. Bitte wenden Sie sich dafür an: Dr. Matthias Arlt, Fax: 0331-567 89 8303, Email: marlt@mpimp-golm.mpg.de

Neues LOEWE-Zentrum für Zell- und Gentherapieforschung

Hessisches Ministerium für Wissenschaft und Kunst fördert Forschungsverbund der Goethe-Universität mit über 16 Millionen Euro



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Das menschliche Genom ist entschlüsselt und immer mehr krankheitsverursachende Mutationen werden identifiziert. Hierdurch wachsen mit enormer Geschwindigkeit die wissenschaftlichen Erkenntnisse

und das Verständnis der genetischen Kontrolle im menschlichen Körper. Zell- und Gentherapie sind daher zukunftsstrahlende Ansätze, um die Behandlung unterschiedlichster Erkrankungen in der gesamten Medizin zu verbessern. Die Goethe-Universität Frankfurt hat mit dem Georg-Speyer-Haus, dem Max-Planck-Institut

für Herz- und Lungenforschung Bad Nauheim und dem Paul-Ehrlich-Institut in Langen eine Kooperation gegründet. Diese soll durch Verstärkung vorhandener und Etablierung neuer Forschungsschwerpunkte einen international wettbewerbsfähigen und schlagkräftigen Forschungsverbund entstehen lassen. Zentrales Anliegen ist die Weiterentwicklung der Zell- und Gentherapie. Die Nutzung von gemeinsamer Infrastruktur und der regelmäßige Wissensaustausch liefern hierbei die Basis, um die Verfahren effizienter, spezifischer und sicherer zu machen. Überdies sollen zusätzliche klinische Disziplinen einbezogen und die Behand-

lung weiterer Erkrankungen fokussiert werden. Unter Federführung von Prof. Dr. Andreas Zeiher und Prof. Dr. Hubert Serve haben die Partner im Rahmen der Landesoffensive zur Entwicklung Wissenschaftlich-ökonomischer Exzellenz (LOEWE) einen Antrag auf Förderung an das Hessische Ministerium für Wissenschaft und Kunst gestellt. Im Sommer dieses Jahres wurde vom Land eine finanzielle Unterstützung in Höhe von 16,215 Millionen Euro über die nächsten drei Jahre bewilligt, zur Etablierung eines Zentrums für Zell- und Gentherapie in Frankfurt. Mit dieser Unterstützung wurde der Grundstein für ein national und international führendes Referenz- und Exzellenzzentrum gelegt mit Leuchtturmcharakter für den Wissenschaftsstandort Hessen. Die hessische Ministerin für Wissenschaft und Kunst, Eva Kühne-Hörmann, hat das Klinikum der J.W. Goethe-Universität kürzlich besucht, um sich vor Ort ein Bild vom künftigen Einsatz der Fördermittel zu machen.

In Frankfurt wurden in der Gen- und Zelltherapie bereits weltweit beachtete, innovative Verfahren zur Behandlung von Gendefekten, Tumor- und kardiovaskulären Erkrankungen erarbeitet und klinisch angewendet. Trotz erster Erfolge in der Zell- und Gentherapie ist dieses Feld noch sehr „jung“. Multiple Wege zur Effizienzsteigerung sind notwendig, die zunächst grundlagenwissenschaftlich entwickelt werden müssen. Gen- und Zelltherapie sind zudem mit neuen Sicherheitsrisiken konfrontiert, die besonders beachtet werden müssen.

Grundlagenwissenschaften und die innovative klinische Anwendung werden eng verknüpft; dies im Zusammenspiel einerseits mit regulatorischen Behörden, wie dem Paul-Ehrlich-Institut in Langen als Zulassungsautorität für Deutschland, sowie andererseits mit zahlreichen Biotech- und großen Pharmaunternehmen. Das Potential ist groß, mit dem LOEWE-Zentrum für Zell- und Gentherapie eine einzigartige, europaweit führende Institution zu schaffen. Diese soll nicht nur zur Entwicklung, sondern insbesondere zur klinischen Verbreitung und flächendeckenden Zulassung innovativer Behandlungsverfahren beitragen. Die Entwicklung von neuen Methoden und Therapien soll auch die Gründung von kleinen und mittleren Unternehmen in Hessen anstoßen. Ein Teil der Mittel wird zudem in die Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses und in die langfristige Bindung erfolgreicher Nachwuchswissenschaftler an die Universität investiert werden.

Quelle: IDW, 26.08.2010

Mit Genomforschung zu individueller Krebstherapie

Deutschland baut Beteiligung an internationalem Großprojekt aus



Eine maßgeschneiderte Behandlung für jeden Krebspatienten, um unwirksame oder übermäßige Therapien und unerwünschte Nebenwirkungen zu vermeiden, das ist das vorrangige Ziel heutiger

Krebsforschung. Eine wichtige Grundlage dafür ist das Wissen über die genetischen Ursachen der Krebsentstehung. Weltweit arbeiten Wissenschaftler im "Internationalen Krebs Genom Konsortium" (ICGC) daran, die Genome von 50 Krebsarten zu entschlüsseln. Mit den bundesweiten Forschungsverbänden zu den wichtigen Krebsarten Prostatakrebs und Maligne Lymphome werden sich

nun zwei weitere deutsche Projekte am Internationalen Krebs Genom Konsortium beteiligen. Das gab das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) am Dienstag in Berlin bekannt. Es fördert die Verbände bis 2015 mit insgesamt 15 Millionen Euro.

Das Internationale Krebs Genom Konsortium ist das größte und ehrgeizigste biomedizinische Forschungsprojekt seit dem Humangenomprojekt, bei dem es gelang, das Genom des Menschen vollständig zu entschlüsseln. Es soll die Grundlage für eine personalisierte Krebsmedizin legen. Dafür werden im Rahmen des ICGC die Genome von mehr als 25.000 Tumorproben und ebenso vielen Vergleichsproben analysiert. Die Ergebnisse werden Krebsforschern weltweit schnell und qualitätsgesichert für wissenschaftliche Analysen zur Verfügung gestellt. Bereits seit Anfang 2010 ermöglicht eine Zusammenarbeit des BMBF mit der Deutschen Krebshilfe eine aktive Teilnahme Deutschlands am ICGC. Beide Partner stellen für einen Zeitraum von fünf Jahren insgesamt 15 Millionen Euro zur Verfügung, um kindliche Gehirntumoren mit einer besonders hohen Sterblichkeit zu untersuchen. Mit zwei weiteren international renommierten Konsortien zu Prostatakrebs und zu Malignen Lymphomen wird die deutsche ICGC-Beteiligung nun maßgeblich verstärkt.

Prostatakrebs

Mit 64.000 neuen Fällen pro Jahr allein in Deutschland ist Prostatakrebs der häufigste Tumor bei Männern; 15.000 Männer sterben hierzulande jährlich an dieser bösartigen Erkrankung. Mit der Zunahme der Lebenserwartung werden diese Zahlen in den kommenden Jahren noch dramatisch steigen. Daher werden neue und bessere diagnostische Verfahren für Prostatakrebs dringend benötigt. Der neue ICGC-Forschungsverbund wird vom Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) und dem Universitätsklinikum und der Martini-Klinik in Hamburg-Eppendorf (UKE) koordiniert. Ziel ist es, in den kommenden fünf Jahren die vollständigen Genome von Prostata Tumoren von Männern unter 50 Jahren sowie von Kontrollgeweben zu entziffern. Die Forscher möchten mit dieser Mammutaufgabe eine Karte aller genetischen Veränderungen beim Prostatakrebs erstellen. Die Wissenschaftler setzen große Hoffnung darauf, so neue Möglichkeiten für die Diagnose und neue Therapieansätze von Prostatakrebs zu finden.

Maligne Lymphome

Maligne Non-Hodgkin-Lymphome (NHL) betreffen das Lymphsystem und gehören zu den häufigen Krebserkrankungen sowohl im Kindes- als auch im Erwachsenenalter. Für das Jahr 2010 werden in Deutschland etwa 13.400 Neuerkrankungen erwartet. In den vergangenen Jahren konnten beachtliche Einblicke in die Biologie dieser Tumoren gewonnen werden, an denen deutsche Wissenschaftler oft maßgeblich beteiligt waren. In Deutschland besitzt die Erforschung der molekularen Mechanismen der Lymphomentstehung sowie die Anwendung biologischer Marker für eine verbesserte Diagnostik, Klassifikation und Therapieplanung eine lange Tradition. So wurde in Kiel bereits 1974 die sogenannte "Kiel-Klassifikation der Lymphome" entwickelt. In dem neuen Forschungsverbund haben sich die sechs deutschen Referenzzentren für Hämatopathologie mit ihren Gewebesammlungen, die großen deutschlandweiten Studiengruppen zur Behandlung von Keimzentrums-B-Zell-Lymphomen im Kindes- (NHL-BFM) und Erwachsenenalter (GLSG, EuMCL, DSHNHL, NLLLN) sowie international ausgewiesene Wissenschaftler im Bereich der Genetik von Krebserkrankungen zusammengeschlossen. Sie wollen tumorspezifische Genveränderungen bei Keimzentrums-B-Zell-Lymphomen identifizieren. Die systematische Datensammlung innerhalb des ICGC-Verbundes stellt den Ausgangspunkt dar, um in zukünftigen unabhängigen Untersuchungen auch die klinische Bedeutung wiederkehrender Genveränderungen in Therapiestudien zu analysieren. Quelle: BMBF, 22.06.2010

Globale Herausforderung und einzigartige Chance für Innovation



BioÖkonomieRat übergibt erstes wissenschaftliches Gutachten an die Bundesregierung

Matthias Arlt

Wenige Wochen vor der Veröffentlichung der Forschungsstrategie der Bundesregierung zur Bioökonomie hat der BioÖkonomieRat sein Gutachten an Bundesforschungsministerin Annette Schavan (CDU) und Bundeslandwirtschaftsministerin Ilse Aigner (CSU) übergeben. Der Rat betont darin die Wichtigkeit einer Steigerung der Biomasse-Ertragsmengen und effizientere Produktionsverfahren im Nahrungsmittel- und Energiebereich.

Wo im auslaufenden 20. Jahrhundert noch Butterberge und überfüllte Kornspeicher das Bild der Nahrungsmittelproduktion prägte, zeigt sich heute ein anderes Bild. „Mit Blick auf die Anpassung an die globalen Herausforderungen wie den Klimawandel und die zunehmende Nachfrage nach Biomasse für Nahrungs- und Futtermittel sowie für Energie sind Ertragssteigerungen unerlässlich“, so der Vorsitzende des BioÖkonomieRats (BÖR) Prof. Dr. Reinhard F. Hüttl. Der verstärkte Einsatz von Biomasse als Ersatz für fossile Rohstoffe im Bereich der Kraftstoffe sowie der chemischen und pharmazeutischen Industrie verschärfe die Nachfragesituation – bei gleichzeitiger Knappheit der Ressourcen Boden, Wasser und Nährstoffe.

Um diesen großen Herausforderungen zu begegnen wurde im Jahr 2009 der BioÖkonomieRat gegründet. Er ist unabhängiges Beratungsgremium der Bundesregierung in Fragen der Bioökonomie und setzt sich aus Experten universitärer und außeruniversitärer Forschungseinrichtungen, der Ressortforschung des Bundes und der privatwirtschaftlichen Forschung zusammen. Der Rat wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und dem Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) unterstützt. Am 08.09.2010 übergab der BÖR in Berlin sein erstes Gutachten an Bundesforschungsministerin Annette Schavan (CDU) und Bundeslandwirtschaftsministerin Ilse Aigner (CSU).

Mit Vorstellung der Empfehlungen betonte Hüttl, dass die Intensivierung von Forschung und Technologieentwicklung zur nachhaltigen Anpassung an diese Entwicklungen unerlässlich sei. So komme es darauf an, die verfügbaren Anbauflächen effektiver zu nutzen. Zudem müssten die Wertschöpfungsketten stärker systemisch ausgerichtet werden, um die Effizienz der Verarbeitung und Nutzung der Biomasse durch innovative Technologien zu erhöhen. Der stellvertretende Ratsvorsitzende Joachim von Braun warnte vor weltweiten Nutzungskonkurrenzen bei Agrargütern. Er wies auf die Verknappung der Getreide-Mengen hin sowie auf die zunehmende Volatilität der Nahrungsmittelpreise.

Der mit Projektmitteln des BMBF unterstützte BioÖkonomieRat stellt im Gutachten noch einmal den fächer- und sektorenübergreifenden Blick der Bioökonomie in den Mittelpunkt. Auch die Forschung in Deutschland sei in vielen Bereichen noch immer stark sektoral aufgestellt, anstatt die Nutzungs- und Wertschöpfungsketten systemisch abzubilden. „Um die Ertragsmengen zu steigern und die Qualität der Nahrungsmittel und Energiepflanzen zu erhöhen, müssen Wissenschaft und Wirtschaft stärker übergreifend agieren, anstatt wie bisher weitgehend hochspezialisiert in Einzeldisziplinen zu forschen“, sagte Hüttl. Bei der Brückenbildung nehme die Bioökonomie eine Schlüsselstellung ein, indem sie helfe, Kooperationen zu organisieren. Konsequenterweise schlägt der Rat im Gutachten vor, eine „Nationale Plattform Bioökonomie“ einzurichten.

Die Ministerinnen begrüßten die Arbeit des Rates. „Politik funktioniert nur, wenn sie die Wissenschaftler ernst nimmt“ hob Schavan die Wichtigkeit des wissenschaftlichen Gutachtens hervor. Sie betonte die Bedeutung der erarbeiteten Inhalte für die im November angekündigte Forschungsstrategie zur Bioökonomie. Es sei bei den bevorstehenden Herausforderungen, die durch stei-



Reinhard Hüttl, Vorsitzender des BioÖkonomieRats, überreichte das erste Gutachten an die Ministerinnen Aigner und Schavan



In einer der Übergabe folgenden Podiumsdiskussion wurden die Inhalte des Gutachtens reflektiert und kommentiert (Fotos: M. Arlt)

Stichwort Bioökonomie

Die Bioökonomie umfasst alle wirtschaftlichen Sektoren und ihre dazugehörigen Dienstleistungen, die biologische Ressourcen produzieren, be- und verarbeiten oder in irgendeiner Form nutzen. Sie verbindet in der Regel sehr forschungsintensive wirtschaftliche Aktivitäten in der Land-, Forst- und Ernährungswirtschaft mit den innovativen energetischen und stofflichen Nutzungen nachwachsender Rohstoffe und ist aufgrund dieser integrativen Wirkung für den Wirtschafts- und Technologiestandort Deutschland von zukunftsweisender Bedeutung.

gende Weltbevölkerung bei weniger nutzbaren Flächen essentiell, dass alle relevanten Akteure gemeinsam auf das Ziel zuarbeiten. Der Bioökonomierat repräsentiere den starken systemischen Zusammenhang.

Auch Aigner lobte das Ergebnis. Sie betonte, dass Ressourcen nachhaltig genutzt werden müssen.

Nach Übergabe der Gutachten an die Regierungsvertreterinnen kamen unterschiedliche Akteure aus verschiedenen Bereichen des Feldes zu Wort. In kurzen Vorträgen reflektierten sie die Ergebnisse des Rates und gaben Anregungen für die Zukunft. Eine Podiumsdiskussion schloss den Tag ab. Bei all den großen Herausforderungen wohne dem Thema auch eine einzigartige Chance inne. Da sie die gesamte Wertschöpfungskette abbilde habe „Bio-Ökonomie (...) ein ähnliches Innovationspotential wie die IT-Branche“, resümierte Hüttl das Ergebnis des Tages.

Das vollständige Gutachten ist auf den Webseiten des Bioökonomierats verfügbar: www.biooekonomierat.de/gutachten.html

Vierter Runder Tisch zur Pflanzengenetik

Neue Förderinitiative zur biologischen Sicherheitsforschung beschlossen



Die biologische Sicherheitsforschung stand im Mittelpunkt des vierten Runden Tisches Pflanzengenetik am Mittwoch im Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBWF). "Der offene und intensive

Dialog beim Runden Tisch hat gezeigt, dass weiterhin eine sorgfältige, häufig auch interdisziplinäre wissenschaftliche Forschung zu den Auswirkungen von gentechnisch veränderten Pflanzen notwendig ist", sagte BMBWF-Staatssekretär Georg Schütte, der den Runden Tisch leitete. "Nur so können wir die notwendigen fachlichen Kompetenzen erhalten, um die weltweit dynamischen Entwicklungen auf dem Gebiet der Gentechnik zu beurteilen und verantwortlich zu nutzen."

Schütte kündigte für Ende des Jahres die Fortsetzung der Förderung zur biologischen Sicherheitsforschung an. Der Staatssekretär sicherte zu, die Vorschläge der Teilnehmer, die sich am Mittwoch zum letzten Mal zum Runden Tisch Pflanzengenetik getroffen hatten, bei der Ausgestaltung dieser Förderinitiative zu berücksichtigen. Hochrangige Vertreter aus der Wissenschaft, der Wirtschaft, der Verwaltung und von Verbänden hatten zuvor mit Staatssekretär Schütte und mit dem Staatssekretär Robert Kloos aus dem Bundeslandwirtschaftsministerium intensiv und durchaus auch kontrovers über die Sicherheitsaspekte der Pflanzengenetik diskutiert. Dabei ging es insbesondere um die Frage, welche

Risiken speziell von gentechnisch veränderten Pflanzen ausgehen.

"Für die Bundesregierung hat die Sicherheit für die Gesundheit von Mensch, Tier und Umwelt oberste Priorität", sagte Schütte. Das BMBWF beispielsweise unterstützt die biologische Sicherheitsforschung seit 1979 bis heute mit mehr als 100 Millionen Euro. "Mit der Förderung der biologischen Sicherheitsforschung werden die in der öffentlichen Debatte um die Grüne Gentechnik vorgebrachten und wissenschaftlich begründeten Einwände und Befürchtungen aufgegriffen", sagte Schütte. "Eine gute Kommunikation dieser Wissenschaft ist auch Voraussetzung dafür, dass die Pflanzen-genetik überhaupt erfolgreich sein kann."

Die Erweiterung des Wissens über das Verhalten gentechnisch veränderter Pflanzen unter Freilandbedingungen und die Beobachtung der Auswirkungen ihrer Anwendungen sind Gegenstand der Forschungsaktivitäten. In 300 Projekten haben sich an der Erforschung der biologischen Sicherheit von gentechnisch veränderten Organismen über 60 Hochschulen und außeruniversitäre Forschungseinrichtungen beteiligt. Schütte betonte: "Die beteiligten Forscherinnen und Forscher in Deutschland sind sich der Verantwortung für Mensch, Tier und Umwelt wie auch für das Wohlergehen nachfolgender Generationen sehr bewusst. Die Projekte zur biologischen Sicherheitsforschung werden mit äußerster wissenschaftlicher Sorgfalt geplant und durchgeführt. Die Ergebnisse sind in international anerkannten Fachzeitschriften veröffentlicht worden und haben Eingang bei Entscheidungen der Zulassungsbehörden gefunden. Viele klärende Ergebnisse liegen mittlerweile vor."

Bei den Projekten gab es keine wissenschaftlichen Belege für gesundheitliche oder ökologische Schäden von gentechnisch veränderten Pflanzen. Interessierte Bürgerinnen und Bürger können sich umfassend über die konkreten Forschungsthemen und Ergebnisse der geförderten Projekte unter www.biosicherheit.de informieren.



Informationsportal www.biosicherheit.de

Mit jährlich mehr als einer Million Besuchern hat sich die Internetseite www.biosicherheit.de zur zentralen Informationsplattform rund um die Sicherheit gentechnisch veränderter Pflanzen entwickelt. Jetzt präsentiert sich biosicherheit.de in neuem Layout und mit deutlich optimierten Funktionen. Neue redaktionelle Akzente und eine straffere Menüführung sorgen für mehr Transparenz und eine übersichtliche Struktur. Mit Hilfe eines leistungsstarken Navigationsinstrumentes zur Erschließung komplexer Themenbereiche findet der Nutzer künftig noch schneller und einfacher die für ihn wichtigen Fakten. Text- und Bildmaterial sowie Videodokumentationen zu den Forschungsprojekten stehen in der neuen Rubrik "Mediathek" zum Download bereit. Medienvertreter können sich im Pressebereich für den Presseverteiler von biosicherheit.de registrieren. *Quelle: BMBWF, 07.07.2010*

Bioenergie zum Anfassen

Hohenheimer Studierende vom BMBF für die besten Ideen zur Vermittlung von Energieversorgung und Energieforschung ausgezeichnet

Kindern und Jugendlichen das Thema Bioenergie näher bringen – das möchten Hohenheimer Studierende des Studiengangs „Nachwachsende Rohstoffe und Bioenergie“. Ihr Projekt „Powerpflänzchen – Bioenergie für junge Wissenschaftler“ prämierte das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) nun mit 10.000 Euro beim bundesweiten Wettbewerb „Energie für Ideen“. Mit dem Preisgeld realisiert das Projektteam eine Wanderausstellung für Schulen zum Thema Energie aus nachwachsenden Rohstoffen.



Ein Viertklässler tritt in die Pedale eines Fahrrads – und die Glühbirne beginnt zu leuchten. Eine Drittklässlerin hält eine Lampe in ihrer Hand und beleuchtet damit eine Photovoltaik Zelle. Kurze Zeit später biegt ein Mini-Auto um die Ecke, das

mit dem eigenhändig erzeugten Strom angetrieben wird. So können die Kinder unter Anleitung der Studierenden des Projekts „Powerpflänzchen – Bioenergie für junge Wissenschaftler“ selbst erzeugte Energie sichtbar machen. Insgesamt acht solcher „mobiler Ausstellungsinselformen“ entwarf die Projektgruppe unter Leitung von Prof. Dr. Wilhelm Claupein vom Institut für Kulturpflanzenwissenschaften der Universität Hohenheim. Mit dieser Idee möchte das Team Kinder und Jugendliche für die Energieforschung begeistern. Interaktiv und mit allen Sinnen sollen sie an ihren Schulen alternative Energien entdecken können und speziell die Entwicklung und Möglichkeiten der Bioenergie kennenlernen.

Die Wanderausstellung startet im Herbst 2010 in Stuttgart. Nach ihrer Reise durch Baden-Württembergs Schulen wird die Ausstellung ab Frühjahr 2011 dauerhaft im landwirtschaftlichen Technologiezentrum Augustenberg für die breite Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden. Begleitet werden die einzelnen Themeninseln der Ausstellung von Studenten des 4. und 6. Semesters des Studiengangs "Nachwachsende Rohstoffe und Bioenergie" der Universität Hohenheim sowie von Energieberatern der Fachagentur nachwachsende Rohstoffe e.V.

Eine siebenköpfige Jury von Wissenschaftlern und Kommunikationsprofis hat die 13 besten Projektideen zur Vermittlung der Energieforschung ausgewählt. Gesucht wurden im Wissenschaftsjahr 2010, das unter dem Motto „Die Zukunft der Energie“ steht, kreative und ungewöhnliche Ideen von Studierenden, die Kindern und Jugendlichen verständlich machen, worum es bei der Energieforschung geht und was jeder für die Zukunft der Energie tun kann. Die ausgezeichneten Projektideen erhalten für die Realisierung der Projekte im Wissenschaftsjahr Energie jeweils 10.000 Euro.

Mit dem seit 2007 in die Wissenschaftsjahre integrierten Wettbewerb für Studierende möchte das BMBF den direkten Dialog zwischen Hochschulen und der Öffentlichkeit zusätzlich stärken. Der Wettbewerb „Energie für Ideen“ ist Teil des Wissenschaftsjahres 2010 – Die Zukunft der Energie. Das Wissenschaftsjahr Energie wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gemeinsam mit der Initiative Wissenschaft im Dialog und der Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren ausgerichtet. Im Mittelpunkt steht die Bedeutung der Energieforschung für die Sicherung einer nachhaltigen Energieversorgung.

Quelle: IDW, 04.06.2010

Investition in den Wohlstand der Zukunft

Schavan legt Hightech-Strategie 2020 im Kabinett vor

Bundesforschungsministerin Annette Schavan hat am Mittwoch im Kabinett die "Hightech-Strategie 2020 für Deutschland" vorgestellt. In der Hightech-Strategie bündelt die Bundesregierung ihre Initiativen in der Forschungs- und Innovationspolitik. "Wir wollen aus Wissen und Ideen in Deutschland möglichst schnell Innovationen machen. Deshalb treiben wir politikfeldübergreifend eine ehrgeizige Innovationsstrategie voran", sagte Ministerin Schavan anlässlich der Kabinettsbefassung in Berlin. "Idee und Konzeption der Hightech-Strategie werden vom gemeinsamen Willen der Bundesregierung getragen."

"Gerade angesichts der Bemühungen um einen konsolidierten Haushalt gilt jetzt erst recht: Wir müssen in Forschung und Entwicklung investieren, um den künftigen Wohlstand unserer Gesellschaft zu sichern", sagte Schavan. Die Weiterentwicklung der Hightech-Strategie 2020 wird sich stärker am Nutzen des technologischen Wandels für die Menschen orientieren. Deshalb konzentrieren wir die Strategie auf fünf Schwerpunkte: Klima/Energie, Gesundheit/Ernährung, Mobilität, Sicherheit und Kommunikation. "Diese Felder stehen für Herausforderungen von globaler Dimension", sagte Schavan. "Dort entscheiden sich die wichtigsten Menschheitsfragen dieses Jahrhunderts." Wissenschaft und Wirtschaft

in Deutschland sollen zum Vorreiter für wichtige Lösungen werden. Schavan: "Die Hightech-Strategie wird auf diese Weise auch kräftige Impulse für Wachstum und Beschäftigung geben. Zu einer Politik, die auf Forschung und Innovation setzt, gibt es für Deutschland keine Alternative."

In jedem Feld werden Zukunftsprojekte identifiziert, die gesellschaftlich und global wünschenswerte Zielvorstellungen formulieren. Mit Hilfe von Wissenschaft und Technik sollen diese Ziele über einen Zeitraum von zehn bis fünfzehn Jahren verfolgt werden. Die Hightech-Strategie formuliert



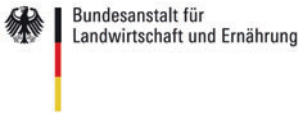
Hightech-Strategie 2020: Forschung als Schlüssel zum Wohlstand (Foto: Orkhan Aslanov - Fotolia.com).

die folgenden ersten zentralen Beispiele für Zukunftsprojekte:

- Die CO₂-neutrale, energieeffiziente und klimaangepasste Stadt
- Intelligenter Umbau der Energieversorgung
- Nachwachsende Rohstoffe als Alternative zum Öl
- Krankheiten besser therapieren mit individualisierter Medizin
- Mehr Gesundheit durch gezielte Ernährung
- Auch im hohen Alter ein selbstbestimmtes Leben führen
- Eine Million Elektrofahrzeuge in Deutschland bis 2020
- Effektiverer Schutz für Kommunikationsnetze
- Mehr Internet bei weniger Energieverbrauch nutzen
- Das Wissen der Welt digital zugänglich und erfahrbar machen
- Arbeitswelt und -organisation von morgen

Sie können die neue Hightech-Strategie herunterladen unter www.hightech-strategie.de/de/350.php. Quelle: BMBF, 14.07.2010

Förderung von Innovationen in der Agrartechnik



Die Erde wird im Jahr 2050 aller Voraussicht nach über 9,5 Milliarden Menschen ernähren müssen. Die globale Ernährungssicherheit ist eine der wichtigsten Zukunftsaufgaben der Menschheit. Zusätzliche landwirtschaftliche Nutzflächen stehen global allerdings kaum zur Verfügung. Eher ist mit dem Verlust weiterer Flächen durch Besiedlung, Degradierung und Erosion zu rechnen. Dies stellt die Agrar- und Ernährungswirtschaft weltweit besonders in Zeiten des Klimawandels vor große Herausforderungen. Die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung sucht innovative Projekte, die einen Beitrag zur Sicherung der Welternährung leisten.

Die Steigerung der Flächenproduktivität, die Verminderung von Nachernteverlusten, eine bessere Logistik aber auch verbesserte Pflanzenbausysteme und moderne Anwendungstechnik für den Pflanzenschutz bieten Ansatzpunkte für ein größeres Nahrungsmittelangebot. Auch die steigende Nachfrage nach hochwertigen pflanzlichen Eiweißen soll durch innovative Technik abgedeckt werden. Im Sinne einer nachhaltigen Agrarproduktion gilt es zudem, Gefährdungen von Mensch, Umwelt und Tier zu minimieren.

Die Förderrichtlinie unterstützt gemeinsame Bemühungen von Wirtschaft und Wissenschaft, Innovationen für die Agrarwirtschaft in Deutschland zu entwickeln. Dabei sollen auch technische Lösungen in Deutschland ansässiger Unternehmen für spezifische Probleme der Agrarwirtschaft im Ausland unterstützt werden. Vielversprechend erscheint der Einsatz von Informations- und Kommunikationstechnik zur Regelung, Steuerung, Überwachung und Automation in der landwirtschaftlichen Produktion und für das Management in und zwischen Betrieben. Darüber hinaus sollen Innovationen für eine bessere Anwendungstechnik im Pflanzen-



Innovation ist der Schlüssel zur Lösung den zukünftigen Herausforderungen der Agrarwirtschaft (Foto: AZPworldwide – Fotolia.com)

schutz und Systemlösungen für den Anbau von Körnerleguminosen, einschließlich Züchtungsforschung, unterstützt werden.

Mit dem Programm zur Innovationsförderung des BMELV sollen Forschung und Entwicklung, Wissenstransfer und bessere Rahmenbedingungen für Innovationen in der deutschen Agrar- und Ernährungswirtschaft sowie im Verbraucherschutz unterstützt werden. Es beinhaltet die Förderung von technischen und nicht-technischen Innovationen sowie von Vorhaben zur Steigerung der Innovationsfähigkeit einschließlich des Wissenstransfers. Jährlich stehen hierfür mehr als 25 Millionen Euro zur Verfügung.

Weitere Informationen sowohl zum Programm zur Innovationsförderung als auch zu spezifischen Richtlinien sind auf der BLE-Homepage unter <http://www.ble.de/innovationsfoerderung> verfügbar. *Quelle: IDW, 12.08.2010*

Biogasfläche legt weiter zu

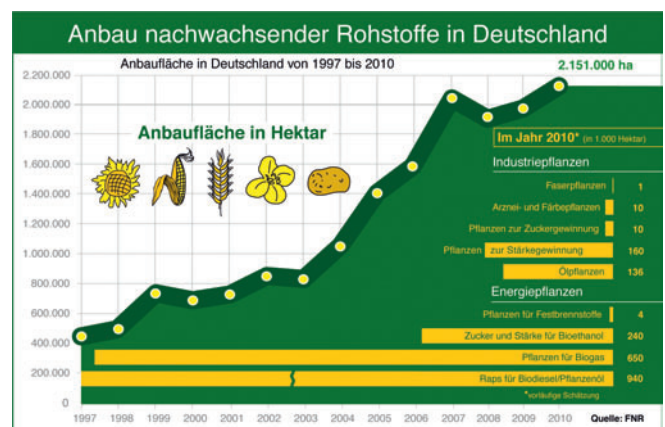
Anbau nachwachsender Rohstoffe 2010

Nachwachsende Rohstoffe wurden zur Ernte 2010 auf rund 2,15 Millionen Hektar angebaut. Nach Schätzungen der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) dienen rund 18 Prozent der heimischen Ackerfläche oder rund 2,15 Mio. Hektar der Erzeugung von pflanzlichen Rohstoffen für Energieerzeugung und Industrie. Den größten Zuwachs gegenüber dem Vorjahr verzeichnete die Produktion von Energiepflanzen für Biogasanlagen, die von 530.000 auf ca. 650.000 Hektar zulegen. Damit sind nachwachsende Rohstoffe auch ein bedeutendes Standbein der deutschen Landwirtschaft.

Die wichtigsten Energiepflanzen sind nach wie vor Raps für Biokraftstoffe und Mais, Getreide und Gräser für Biogasanlagen. Auch die stoffliche Nutzung nachwachsender Rohstoffe entwickelt sich erfreulich. Über die letzten fünf Jahre betrug die Steigerungsrate 17 Prozent, von 270.000 Hektar in 2006 auf 317.000 Hektar in diesem Jahr. Anders als bei der energetischen Nutzung, die in starkem Maße auf heimische Rohstoffe setzt, werden bei der stofflichen Nutzung nur rund 40 % der eingesetzten Agrarrohstoffe durch die heimische Landwirtschaft bereit gestellt.

Nach heutigen Schätzungen könnten im Jahr 2020 in Deutschland insgesamt zwischen 2,5 und 4 Millionen Hektar für den Anbau nachwachsender Rohstoffe nutzbar sein. Werden diese Potenziale genutzt, können nachwachsende Rohstoffe künftig einen noch stärkeren Beitrag zu Klimaschutz, Versorgungssicherheit und neuen Perspektiven in ländlichen Räumen leisten.

Quelle: FNR, 09.09.2010



9. NCL Kongress in Hamburg

Internationaler, wissenschaftlicher Austausch im Hinblick auf eine Gentherapie der tödlichen Kinderkrankheit „Neuronale Ceroid Lipofuszinose (NCL)“.

Morton Freytag

Erbblindung, motorischer und kognitiver Abbau, Krampfanfälle, Sprachverlust und schließlich der Tod – das sind die Stationen auf dem Leidensweg eines an einer Neuronalen Ceroid Lipofuszinose (NCL) erkrankten Kindes. Die juvenile Form (JNCL) dieser verheerenden Krankheit zeigt bereits im Einschulalter erste Symptome. Ursache ist ein Defekt im CLN3-Gen. Die Folge sind lysosomale Ablagerungen in allen Körperzellen mit besonders gravierender Wirkung auf die Neuronen des Zentralen Nervensystems und die Zellen der Retina. NCL zählt damit zu den lysosomalen Speicherkrankheiten und gehört außerdem zu den seltenen Erkrankungen des Kindesalters. Eine Therapie existiert nicht. Das Schicksal eines NCL Kindes ist bis heute der Tod.

Frank Husemann hat sich nach der Diagnose von JNCL bei seinem Sohn Tim nicht mit dieser Perspektive abgefunden und gründete 2002 die NCL-Stiftung. Ziele der NCL-Stiftung sind die Suche nach einer Therapie und die Aufklärung der Öffentlichkeit. Einmal im Jahr findet unter dieser Prämisse der NCL-Kongress statt, in diesem Jahr am 23. August in Hamburg. Der Titel: „Gene Delivery Methods – Viral and Nonviral“.

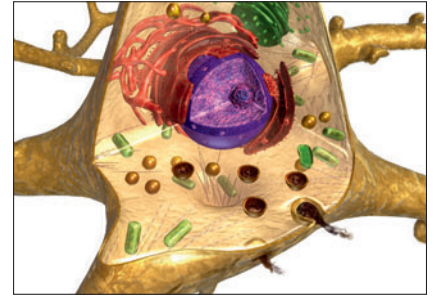
Robert Steinfeld (Göttingen) begann die Vortragsrunde mit einer klinischen Einführung in das Gebiet der NCLs. Er stellte die unterschiedlichen Formen und deren genetische Ursache kurz vor und übergab das Wort an David Begley (London), ein Spezialist für die Blut-Hirnschranke. Nach einer kurzen anatomischen Beschreibung diskutierte er die Bedeutung dieser als ein potentiell Hindernis für die Anwendung einer Gentherapie am Gehirn. Begleys Resümee: der Transport eines Vektors (Genfahre) über die Blut-Hirnschranke ist durch Endozytose und Transzytose möglich.

Jörg Kreuter (Frankfurt) referierte über Nanopartikel, künstlich erzeugte Kapseln mit denen Wirkstoffe die Blut-Hirnschranke überwinden können, was ihnen sonst nicht möglich ist.

Matthew Micsenyi und Frank Husemann



Es folgte ein Vortrag von Heiko Manniga (Bonn) über VLPs – Virus-ähnliche Partikel, die ähnlich eingesetzt werden können wie Nanopartikel, aber auch die Vorzüge eines viralen Vektors haben.



Den ersten viralen Vektor stellte Eric J. Kremer (Montpellier) vor. CAV2 ist ein Hunde-Adenovirus mit außerordentlich guter Eignung als Vektor für eine Gentherapie. Der Vektor ist spezifisch für Neurone und hat eine hohe Transportkapazität. Leider ist die Produktion sehr aufwändig, da CAV2 ein Helfer-abhängiger Virus ist und damit zur Vermehrung immer einen Helfervirus benötigt.



Der Recyclinghof der Zelle – das Lysosom – funktioniert bei NCL nicht mehr einwandfrei. Die Zelle verreckt und stirbt (unten).

Als Vertreter des verwandten Tay-Sachs Syndroms übernahm Timothy Cox (Cambridge) das Wort. Er präsentierte vielversprechende Ergebnisse einer Gentherapie am Gehirn von Mäusen und Katzen und plant erste klinische Studien an Patienten. Eine Erläuterung der Biologie in Abwesenheit von CLN3 gab Beverly Davidson (Iowa).

Ronald Crystal (New York) hat bereits eine Gentherapie am Patienten durchgeführt, allerdings litten diese an der spät-infantilen Form (CLN2). Er plant eine klinische Studie mit CLN3 Patienten und zeigte erste Ergebnisse von Versuchen am Mausmodell.

Jens Duebel stellte einen innovativen Ansatz vor indem er zeigte, dass mit einer Gentherapie das Sehvermögen von blinden Mäusen wiederhergestellt werden kann.

Im Anschluss folgte eine angeregte Podiumsdiskussion. Frank Husemann, Stiftungsgründer der NCL-Stiftung, übergab den mit 50.000 € dotierten 2. NCL-Forschungspreis an Matthew Micsenyi (New York). Anträge für den 3. Preis werden noch bis zum 31. Oktober 2010 entgegengenommen.



Morton Freytag

NCL-Stiftung
 contact@ncl-stiftung.de
 www.ncl-stiftung.de

Wissenschaft kompakt

Maus-Manipulation im Eiltempo

Um die Funktion von Genen zu verstehen, erzeugen Wissenschaftler Mutationen in diesen und überprüfen, wie der Organismus darauf reagiert. Für Säugetiergene nutzen Wissenschaftler dabei vor allem das Modellsystem Maus. Einem Forscherteam vom Helmholtz-Zentrum München gelang es nun, einen schnelleren und effizienteren Weg zu finden, Gene gezielt zu verändern. Der Trick: mit so genannten Zinkfinger-Nukleasen führen sie gezielte Veränderungen direkt in befruchteten Eizellen der Maus ein. Doch eignet sich diese Methode nicht nur für die Nager, auch andere Säugetiere könnten in Zukunft auf diese Weise manipuliert werden. Werkzeuge für die Umsetzung sind künstlich hergestellte Zinkfinger-Nukleasen. Die Enzyme erlauben es, die DNA an genau der gewünschten Stelle aufzuschneiden. Zusammen mit Genstücken, die die zu untersuchenden Veränderungen enthalten, werden die Enzyme direkt in einzellige Mäuseembryonen injiziert. Das zelleigene Reparatursystem baut mit einer Häufigkeit von 1,7 bis 4,5 Prozent Häufigkeit das gewünschte Genfragment in die Mäuse-DNA ein. So haben die Wissenschaftler bereits vitale Mäuse mit gezielt ausgetauschten Genen gezüchtet. Jetzt arbeiten die Forscher daran, die Wirksamkeit der Methode zu verbessern. Sie untersuchen außerdem die Anwendbarkeit auf andere Organismen, damit den Wissenschaftlern neben Mäusen weitere Modellsysteme zur Verfügung stehen. Gleichzeitig verheißt die Methode auch neue Ansatzmöglichkeiten für Therapeutika. Denn langfristig sei auch denkbar, dass mit dieser Methode nicht nur neue Gene eingebracht, sondern auch defekte Gene gegen gesunde Kopien ausgetauscht werden könnten, so die Hoffnung der Wissenschaftler.

Originalpublikation: Meyer, M. et al. (2010) *Gene targeting by homologous recombination in mouse zygotes mediated by zinc-finger nucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences; Early Edition, online am 02.08.2010. doi:10.1073/pnas.1009424107/*

Biologische Uhr regelt die Knochendichte

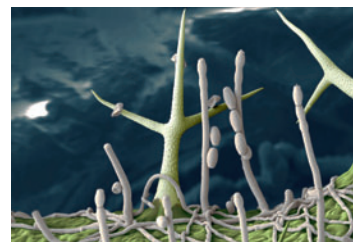
Osteoporose ist eine degenerative Erkrankung, die mit sinkenden Hormonspiegeln im Alter assoziiert wird. Ein internationales Forscherteam entdeckte jetzt einen Zusammenhang zwischen Genen, welche die Tag/Nacht-Rhythmik regulieren, und der Regulation der Knochendichte. Dabei sind sowohl die knochenaufbauenden Zellen, die Osteoblasten, als auch die knochenabbauenden Zellen, die Osteoklasten, in dieses Geschehen einbezogen. Da im Alter der Knochenabbau gegenüber dem Aufbau überhand nimmt, sind neue Prozesse, welche an diesen Vorgängen beteiligt sind, von großem Interesse für die Neuentwicklung von Medikamenten. Die Forscher untersuchten zwei Gruppen von Mäusen, in denen das Uhren-Gen „Period 2“ (Per2) beziehungsweise das Uhren-Gen Cryptochrome 2 (Cry2) ausgeschaltet war. Sie fanden, dass die Tiere in beiden Gruppen im Alter von 12 Wochen, in dem die Knochendichte bei den Kontrolltieren am höchsten ist, eine noch weiter erhöhte Knochendichte besaßen. In der Gruppe, in der das Uhren-Gen Per2 ausgeschaltet war, konnten die Forscher eine erhöhte Aktivität der Knochen aufbauenden Osteoblasten nachweisen. War das Gen Cry2 inaktiv, wurden die Knochen

abbauenden Osteoklasten gehemmt. Diese Ergebnisse könnten neue Ansatzpunkte für die Therapie beim Menschen bieten. Dies ist von besonderer Bedeutung, da die bekannten Behandlungsformen, wie die Gabe von Östrogen bei Frauen nach den Wechseljahren und andere Therapien mit Bisphosphonaten und Parathormon teuer und mit potentiell schwerwiegenden Nebenwirkungen behaftet sind. Die Hormonersatztherapie etwa geht mit einem erhöhten Krebsrisiko einher: Bei Frauen steigt die Brustkrebsrate, bei Männern die Prostatakrebsrate. Ziel einer verbesserten Therapie wäre es, die Aktivität der die Knochendichte regulierenden Uhren-Gene zu beeinflussen.

Originalpublikation: Maronde, E et al. (2010) *The Clock Genes Period 2 and Cryptochrome 2 Differentially Balance Bone Formation. PLoS ONE 5(7): e11527. doi:10.1371/journal.pone.0011527*

Auch in der Natur gibt es nichts umsonst

Pflanzen haben im Laufe der Evolution zahlreiche Wege entwickelt, um sich gegen Feinde zu wehren. Einige produzieren übelriechende oder –schmeckende Stoffe, andere entwickeln Stacheln oder haben eine besonders effektive Immunabwehr gegen Viren



Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme eines Blattes der Ackerschmalwand, das vom Echten Mehltau befallen ist (Foto: Jürgen Berger, Marco Todesco / Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie)

und Bakterien. Durch hohen Selektionsdruck wäre zu erwarten, dass immer nur diejenigen Individuen überleben, die sich am besten wehren können. In der Folge sollten die Erreger einen schweren Stand haben. Das ist aber nicht der Fall; tatsächlich unterscheiden sich die Abwehrkräfte einzelner Pflanzen sehr, und zwar sowohl von Art zu Art als auch innerhalb einer Art.

Eine Erklärung für diese Variation liegt in den unterschiedlichen Angriffsstrategien der Krankheitserreger und Fraßfeinde. Sie machen es der Pflanze schwer, sich gleichzeitig gegen jeden möglichen Feind zu verteidigen. Zum anderen vermutet man schon lange, dass besonders effiziente Abwehrmechanismen mit einem hohen Aufwand und dadurch mit erheblichen Kosten für die Pflanze verbunden sind. Diese Investition lohnt sich deshalb nur in Jahren oder an Standorten, in beziehungsweise an denen die Feinde tatsächlich auftreten. Wie hoch die Kosten dafür ausfallen, war bislang jedoch unklar. Tübinger Wissenschaftler haben nun eine Variante des ACD6 Gens dingfest gemacht, das eine Universalwaffe im Abwehrkampf gegen Pflanzenschädlinge darstellt: Es bewirkt, dass die Pflanzen in erhöhter Konzentration Chemikalien bilden, die entweder direkt für Krankheitserreger giftig sind oder die als Signalstoffe für die Immunantwort dienen. Die Ackerschmalwand ist damit in der Lage, nicht nur Bakterien und Pilze abzuwehren, sondern auch Insekten, wie zum Beispiel Blattläuse. Jedoch besitzt längst nicht jede Sorte der Ackerschmalwand diese Genvariante: Sie ist zwar an allen Standorten zu finden, an denen die Ackerschmalwand wächst – von Nordafrika bis Skandinavien, und von Zentralasien bis Westeuropa – aber immer nur in etwa zwanzig Prozent der Individuen. Dies deutet bereits darauf hin, dass die Genvariante auch nachteilige Eigenschaften hat. Die Forscher

konnten zeigen, dass das Gen die Pflanzen zwar resistent gegen verschiedene Krankheitserreger macht, aber gleichzeitig das Blattwachstum stark beeinträchtigt. Die Pflanzen bleiben wesentlich kleiner. Sobald Feinde auftauchen, sind die Pflanzen ihren Artgenossen gegenüber im Vorteil. An Standorten oder in den Jahren, in denen es wenige Feinde gibt, sind sie aber im Nachteil. Denn die geringere Blattmasse verringert die Samenproduktion und führt somit zu einer geringeren Anzahl an Nachkommen. Das Fazit der Forscher: „Auch in der Natur gilt: Nichts ist umsonst!“

Originalpublikation: Todesco M et al. (2010) *Natural allelic variation underlying a major fitness tradeoff in Arabidopsis thaliana*. *Nature* 465, S. 632–636. doi:10.1038/nature09083

Wo die wilden Gemüse wohnen

Die Gurke gehört zu den „Top Ten“ der weltweit angebauten Gemüsesorten und auch der Umsatz der Honigmelone boomt. Selbst in der Forschung sind Cucumis-Arten beliebt. So ist die Gurke – neben Berühmtheiten wie dem Reis oder dem Wein – eine von nur sechs Blütenpflanzen, deren Genom vollständig entziffert wurde. In den letzten zehn Jahren wurden mehrere Tausend wissenschaftliche Arbeiten veröffentlicht, in denen es um Gurke oder Melone ging, etwa als Modellpflanzen für die Geschlechtsbestimmung bei Blüten. Dafür ist vergleichsweise wenig über die Verwandtschaft der Cucumis-Arten bekannt. So wurde lange vermutet, dass die botanische Gattung Cucumis, zu der auch Gurke (*Cucumis sativus*) und Melone (*Cucumis melo*) gehören, aus Afrika stammt, weil es dort zahlreiche wilde Cucumis-Arten gibt. Wissenschaftler aus München gelang es nun die Verwandtschaftlichen Verhältnisse genau zu untersuchen. Dabei analysierten die Wissenschaftler genetisches Material von mehreren 100 Cucumis-Herbarbelegen, die aus Afrika, Australien und Asien stammen. Dabei hat sich gezeigt, dass die wilde Schwesternart der Melone aus Australien stammt, von der sie sich vor etwa drei Millionen Jahren abgespalte. Beide Spezies trennten sich von ihren verbleibenden asiatischen und australischen Verwandten vor etwa zehn Millionen Jahren. Die Zahl der Cucumis-Arten in Asien und Australien umfasst nun mindestens 25 Arten, die sich vor rund 12 Millionen Jahren von ihren afrikanischen Verwandten trennten. Neun dieser Spezies wurden in der vorliegenden Studie erstmals genetisch nachgewiesen. Die Beschreibung und lateinische Benennung werden Renner und ihr Team zu einem späteren Zeitpunkt veröffentlichen. Insgesamt sprechen die Daten für Asien als die Ursprungsregion des gemeinsamen Vorfahren von Gurke und Melone: Für beide Spezies lassen sich Vorgängerpopsulationen im Himalaya nachweisen. In Indien und China finden sich genetisch besonders diverse Rassen von *Cucumis melo*. Die Daten belegen auch, dass die der Gurke nächste verwandte Art die Spezies *Cucumis hystrix* aus dem Östlichen Himalaya stammt. Untersuchungen dieser wilden Arten sollten sich künftig also auf Asien

Die Gurke ist eine der beliebtesten Gemüsearten. Jetzt konnte nachgewiesen werden, dass ihre Ursprünge in Asien und nicht – wie vermutet – in Afrika liegen (Foto: mache – Fotolia.com).

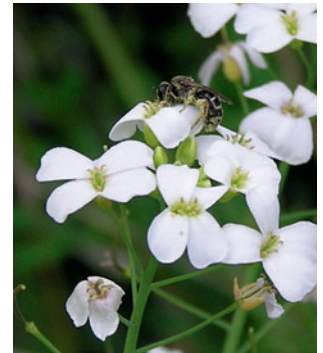


und Australien konzentrieren, so die Forscher. Diese Ergebnisse unterstreichen auch die Bedeutung jahrhundertealter Bestände an Botanischen Sammlungen. Ein großer Teil der Pflanzen, den die Wissenschaftler genetisch untersuchten, wurden bereits im 19. Jahrhundert gesammelt – und in vielen Fällen dann wieder vergessen. Heute könnten diese Schätze kaum mehr gesammelt werden: Manche Fundorte gibt es nicht mehr, weil dort, wo früher *Cucumis debilis* wuchs, inzwischen ein Vorort von Hanoi entstanden ist.

Originalpublikation: Sebastian, P et al. (2010) *Cucumber (Cucumis sativus) and melon (C. melo) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia*. *PNAS* Vol. 107, No. 32, S.14269–14273. doi:10.1073/pnas.1005338107

Das Temperaturgedächtnis der Pflanzen

Viele Pflanzen blühen im Frühjahr, da sie die längere Kälteperiode des vorangegangenen Winters erkennen können. Dabei müssen Pflanzen unempfindlich sein gegenüber kurzfristig schwankenden Temperaturen, wie sie aufgrund des Tag-Nacht-Rhythmus oder von Wetterveränderungen über mehrere Tage respektive Wochen auftreten. Diese Temperaturschwankungen sind oft dem saisonalen Trend entgegenlaufend und müssen als solche erkannt werden. Ohne ein Langzeitgedächtnis für vorangegangene Temperaturen wäre es für Pflanzen schwierig, die richtige Saison für die Blüte zu erkennen. Pflanzenforscher haben jetzt einen Weg gefunden, dieses Temperaturgedächtnis der Pflanzen zu messen. Forschungsobjekt war die Hallersche Schaumkresse (*Arabidopsis halleri*), die sich vom Tiefland bis hin zu alpinen Regionen in Europa und Ostasien ausgebreitet hat. Diese Art ist eine nahe Verwandte des genetischen Modellorganismus *Arabidopsis thaliana* (Acker-schmalwand), in welchem die genetischen Grundlagen der Blütenentwicklung ausgiebig untersucht wurden. In diesem Modell ist bekannt, dass der Hauptschalter im Netzwerk zur Regulation der Blütezeit unter natürlichen Bedingungen das sogenannte FLC-Gen ist. Als erstes isolierten die Forscher das FLC-Gen aus *Arabidopsis halleri* und wiesen nach, dass es auch in diesem Organismus die Blütezeit reguliert. Danach wurden von sechs in der Natur wachsenden Individuen dieser mehrjährig blühenden Spezies Gewebeprobe entnommen. Und zwar über zwei Jahre hinweg jede Woche, auch unter extremen Wetterbedingungen wie Schnee, Gewitter oder Sturm. Mit diesem Ansatz konnten die Forscher zeigen, dass die Gedächtnis- und Pufferfunktion des FLC-Gens als Filter für kurzfristige Temperaturschwankungen dient. Das regulatorische System dieses Gens Informationen über vorherrschende Temperaturen der letzten sechs Wochen gespei-



Blüten der Hallerschen Schaumkresse und ein bestäubendes Insekt (Foto: Shinichiro Aikawa).

chert hat. Durch statistische Analyse über zwei Jahre hinweg zeigte sich, dass man 83 Prozent der Variation der FLC-Expression durch die Temperaturen der vorangegangenen sechs Wochen erklären kann, nicht aber durch die Temperaturen über längere oder kürzere Zeiträume. Die Praxistauglichkeit dieses Modells konnte mit Experimenten nachgewiesen werden, in denen Pflanzen künstlich unterschiedlichen Temperaturbedingungen ausgesetzt wurden. Dabei variierte die Expression des FLC-Gens entsprechend den modellbasierten Vorhersagen. Die mathematischen Modelle, welche die genetischen Grundlagen der Blütezeit berücksichtigen, können also mithelfen, die Reaktion von Pflanzen auf einen Klimawandel vorherzusagen.

Originalpublikation: Aikawa S et al. (2010) Robust control of the seasonal expression of the *Arabidopsis FLC* gene in a fluctuating environment. *PNAS*. doi/10.1073/pnas.0914293107.

Ein Schattenplatz an der Sonne

In der Photosynthese wird Kohlendioxid zu energiereichen Verbindungen reduziert, die Energie für das Biosystem Erde liefern. Der molekulare Apparat der Photosynthese ist wohl seit mehr als zwei Milliarden Jahren weitgehend unverändert geblieben. Als Schlüsselpigmente fungieren die Chlorophylle, das „Blattgrün“. Diese Moleküle übernehmen eine Vielzahl von Funktionen in der Photosynthese, darunter die Absorption des Lichts, den Energietransfer und den Elektronentransfer. Bis vor Kurzem wurde vermutet, dass das Chlorophyll a, die häufigste Variante in grünen Pflanzen, einzig in der Lage ist, den eigentlichen Energiewandlungsprozess in den Reaktionszentren auszuführen. Das dabei verwendete rote Licht von weniger als 700 Nanometer Wellenlänge würde damit eine Art energetische Grenze markieren. Ein internationales Forscherteam hat nun ein neues Chlorophyll-Molekül nachgewiesen, das besonders langwelliges Licht im nahen Infrarotbereich absorbieren kann. Ihre Überlegung war, dass in dichten Algenmatten die zuoberst lebenden Organismen so viel Sonnenstrahlung abfangen, dass für unten liegende Schichten im sichtbaren Bereich nichts bleibt und ein hoher Selektionsdruck zur Nutzung des durchgelassenen Infrarotlichts besteht. Die im Schatten darunter hätten dagegen das Nachsehen – und einen enormen Selektionsdruck das wenige durchgedrungene sichtbare Licht zu nutzen oder aber das von Chlorophyll a nicht absorbierte nahe Infrarotlicht. Genau in solchen Lebensgemeinschaften wurden weitere Chlorophyll d-haltige Organismen entdeckt. Die Untersuchung sogenannter Stromatolithe in Australien durch das Team lieferte aber noch eine weitere und ungleich größere Überraschung – das Chlorophyll f. Stromatolithe sind dichte Matten von Cyanobakterien, die zu den ältesten bekannten Organismen-Gemeinschaften gehören. Die Forscher zogen die Organismen gezielt mit Infrarotlicht an, und konnten so jene Organismen anreichern, die das neue Chlorophyll f enthielten. Sie konnten zeigen, dass dieses Molekül dem Chlorophyll a strukturell sehr ähnlich ist, aber tiefer im infraroten Bereich absorbieren kann als die anderen vier bekannten Chlorophylle. Eine sogenannte Formyl-Gruppe bewirkt die Änderung der Absorption, wobei die genaue Position dieser Gruppe im Molekül für die langwellige Verschiebung der Absorption entscheidend ist. Das Chlorophyll f ist das erste neue Chlorophyll der oxigenen Photosynthese, das in über 60 Jahren entdeckt wurde. Die Entwicklung technischer oder Hybrid-Anlagen, die Licht als Energiequelle nutzen, könnte von diesem Fund profitieren, so die Forscher. Chlorophylle, die im Infrarotbereich absorbieren, spielen auch bei manchen Krebstherapien eine Rolle.

Originalpublikation: Chen, M et al. (2010) A red-shifted chlorophyll. *Science online*, 19. August 2010. DOI: 10.1126/science.1191127.

Immunabwehr bei Säugetier und Pflanze

Auch Pflanzen haben ein lernfähiges Immunsystem, eine sogenannte systemische Resistenz. Diese erwerben sie – ähnlich dem menschlichen Immunsystem – im Laufe ihres Lebens. Münchner Wissenschaftler haben jetzt herausgefunden, dass dabei dieselben Redox-Prozesse eine zentrale Rolle spielen, die sich auch bei Säugetieren finden lassen. Die Abwehr von Krankheitserregern bei Pflanzen wird durch Stickstoffmonoxid (NO) aktiviert, einem weit verbreiteten Botenstoff zur Übertragung von Signalen. Dieser spielt sowohl bei Pflanzen als auch Tieren eine wichtige Rolle. Der molekulare Schalter zu dieser Abwehr ist das Protein NPR1 (non-expressor of pathogenesis-related genes 1). Ausgeschaltet liegt es in der Zelle als Oligomer vor: das bedeutet, mehrere Einheiten sind zu einem Komplex verbunden. Wird NPR1 durch NO aktiviert, so fallen die Einheiten auseinander, wandern einzeln in den Zellkern und aktivieren dort die zur Abwehr notwendigen Gene. Stickoxid als Botenstoff der angeborenen Immunität (Innate Immunity), spielt sowohl bei Säugetieren wie auch bei Pflanzen eine wichtige Rolle. Die Arbeit der Forscher zeigt, wie die Abwehrkaskade aktiviert wird und tragen darüber hinaus zum grundsätzlichen Verständnis der komplexen Redox-Regulation bei. Redoxreaktionen sind außer bei angeborener Immunität auch bei Reaktionen auf Stress und Zelltod wichtig. Von besonderem Interesse ist dabei, wie bei der Abwehr die Signalübertragung in der Zelle funktioniert und wie die Abwehr-Gene aktiviert werden.

Originalpublikation: Lindermayr, C et al. (2010) Redox Regulation of the NPR1-TGA1 System of *Arabidopsis thaliana* by Nitric Oxide. *Plant Cell Advance Online Publication*, Published on August 17, 2010. doi: 10.1105/tpc.109.066464.

Spucke von Mottenlarven steigert Ernteertrag

Wenn Kartoffelpflanzen von der Guatemala Kartoffelmotte befallen werden, kann sich ihr Ertrag unter Umständen verdoppeln. Zu dieser überraschenden Erkenntnis kamen Forscher, die eigentlich untersuchen wollten, welche Schäden die Larven der südamerikanischen Motte *Tecia solanivora* auf Kartoffelfeldern in den kolumbianischen Anden anrichten. Stattdessen fanden sie heraus, dass der Speichel der Larven Wirkstoffe enthält, die die Pflanze anregen, größere Knollen zu produzieren. Wie die Wissenschaftler herausfanden, gleicht die Kartoffelpflanze den Fraßverlust des Schädlings aus, indem sie als Reaktion auf den Speichel der Mottenlarven besonders große Kartoffelknollen bildet. Die befallene Knolle selbst bleibt zwar kleiner, die gesunden Knollen werden jedoch

deutlich schwerer. Wenn die Schädlinglarven weniger als 10 Prozent der Knollen befallen, produziert die Pflanze einen 2,5-fach höheren Ertrag als ohne Schädlingsfraß. In Feldstudien, bei denen bis zu 20 Prozent der Kartoffelpflanzen infiziert waren, fiel die Ernte immerhin doppelt so hoch aus wie bei gesunden Pflanzen. Und selbst wenn die Hälfte der Kartoffeln befallen war, entsprach der Ertrag immer noch dem von Pflanzen ohne Schädlingsbefall. Für die Kartoffelan-



Larve der Motte *Tecia solanivora*
(Foto: Universität Göttingen)

bauer haben die Ergebnisse der Studie möglicherweise weitreichende Konsequenzen, wenn es gelingen könnte, den Speichel der Mottenlarven gezielt zur Ertragssteigerung zu nutzen. Generell zeigen Pflanzen eine Reihe von Reaktionen auf Fraßschäden, beispielsweise einen veränderten Stoffwechsel und eine erhöhte Produktion von Giftstoffen, die Pflanzenfresser abschrecken sollen. Im Gegenzug haben die Pflanzenfresser – wie die Guatemala Kartoffelmotte – Strategien, um diese Giftstoffe abzuwehren. Wo sich Pflanzen und Pflanzenfresser zeitgleich entwickelt haben, ergeben sich durch die gemeinsame Evolution manchmal sogar Vorteile für beide Seiten. Die Studie der Göttinger Wissenschaftler gibt Hinweise auf eine solche gelungene Ko-Evolution bei Wirt und Schädling: Die Kartoffelpflanze gleicht den Fraßverlust durch besonders schwere Knollen aus – und der Motte steht so mehr Nahrung zur Verfügung. Außerdem glauben die Forscher, dass der Fraßschaden der Kartoffelmotte die Photosyntheserate der Kartoffelpflanze beeinflusst. Eine Erhöhung der Photosynthese könnte auch die Stärkeproduktion der Pflanze steigern und dadurch zur Produktion von größeren Knollen führen.

Originalpublikation: Poveda, K. et al. (2010) *The enemy as ally: herbivore-induced increase in crop yield. Ecological Applications online. doi: 10.1890/09-1726.1.*

Den Widerstand von Bakterien brechen

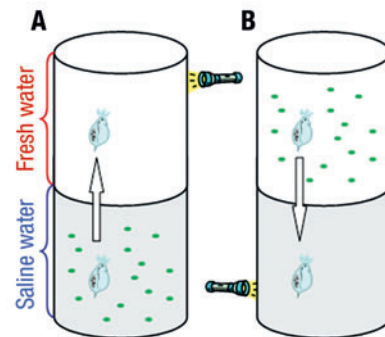
Multiresistente Bakterien stellen ein immer größeres medizinisches Problem dar. Antibiotika zeigen bei ihnen keine Wirkung mehr, was insbesondere in Krankenhäusern und Altenheimen zu „Superinfektionen“ mit kaum behandelbaren Lungenentzündungen, Blutvergiftungen und anderen Leiden führen kann. Viele Antibiotika hemmen die Zellwandsynthese von Bakterien, während andere dieser Wirkstoffe in die Proteinsynthese der Erreger eingreifen. Dies ist ein lebenswichtiger Prozess in den Ribosomen, den Proteinfabriken der Zelle. Dabei wird die Erbinformation der DNA über das Botenmolekül RNA – eine der DNA verwandte Nukleinsäure – in lange Ketten von Aminosäuren übertragen. Am Ende dieses mehrstufigen Prozesses stehen Proteine, die wichtigsten Funktionsträger der Zelle. Sogenannte Makrolid-Antibiotika spielen bei der Bekämpfung resistenter Bakterienstämme eine wichtige Rolle. Sie hemmen die Proteinsynthese, indem sie verhindern, dass die Aminosäureketten um weitere Bausteine verlängert werden. Ein Forscherteam hat jetzt erstmals nachgewiesen, dass sogenannte Makrolid-Antibiotika, die im Tunnel der Ribosomen andocken, je nach Art des bakteriellen Ribosoms unterschiedlich effektiv wirken. Das Team untersuchte, wie Makrolid-Antibiotika sich mit Bestandteilen des ribosomalen Tunnels verbinden und die Herstellung neuer Proteine verhindern. Dazu synthetisierten die Moskauer Wissenschaftler verschiedene Makrolid-Antibiotika, die jeweils unterschiedliche Aminosäuren und Peptide – kurze Ketten von Aminosäuren – enthielten. Die Wissenschaftler konnten beobachten, dass die Antibiotika die Maschinerie der Ribosomen tatsächlich hemmen können. Überraschenderweise treten aber nur bestimmte Aminosäure- und Peptidketten in Wechselwirkung mit dem ribosomalen Tunnel und ermöglichen so, dass das Antibiotikum seine Wirkung entfalten kann. In manchen Fällen aber entfernten die neu entstehenden Aminosäureketten bestimmte Makrolid-Antibiotika aus dem Ribosom – und verhinderten so deren therapeutischen Effekt. Dieser Mechanismus könnte zur Entwicklung von Resistenzen beitragen, vermuten die Forscher. Denn wenn das Antibiotikum im Ribosom erkannt ist, löst dies möglicherweise einen Mechanismus aus, der das Bakterium gegen den Wirkstoff unempfindlich macht. Diese Erkenntnisse könnten zur Entwicklung neuartiger Antibiotika beitragen, die bestimmte Bakterientypen – und möglicherweise auch multiresi-

stente Stämme – gezielt angreifen. Sogar weitere Resistenzen könnten auf diesem Weg verhindert werden: Wird bei einer Infektion immer das jeweils effektivste Antibiotikum eingesetzt, sinken auch die Überlebenschancen von Erregern, die nicht auf den Wirkstoff ansprechen.

Originalpublikation: Starosta, AL et al. (2010) *Interplay between the Ribosomal Tunnel, Nascent Chain, and Macrolides Influences Drug Inhibition. Chemistry & Biology, Band 17, S. 504-514. doi:10.1016/j.chembiol.2010.04.008.*

Per Anhalter durch die Wassersäule

Tiefe Seen weisen meist Zonen mit unterschiedlichen Lebensbedingungen auf. So finden sich nahe der Wasseroberfläche Bereiche mit erhöhten Konzentrationen von Sauerstoff und organischem Material (beispielsweise von Algen), während in der Tiefe anorganische Nährstoffe in höherer Konzentration vorliegen. Die meisten größeren Lebewesen im Gewässer können sich je nach ihren Bedürfnissen in der Wassersäule bewegen, nicht so Kleinlebewesen, z.B. Bakterien. Für Mikroorganismen sind viele Grenzschichten im Gewässer, die sich beispielsweise entlang von Temperatur- oder Salzgradienten bzw. von chemischen Gradienten ausbilden, ohne fremde Hilfe unüberwindbar. Die Bakterien, so klein sie auch sind, bilden die Hauptlebensform biologischer Vielfalt. In Gewässern nehmen sie wichtige Funktionen ein und tragen wesentlich zum Stoffumsatz und daher zur Selbstreinigung von Seen bei. Doch wie bewegen sich die Winzlinge zwischen Wasserschichten, die für sie alleine unüberwindbar sind? Ein internationales Team von Gewässerökologen hat dazu eine „Förderband-Hypothese“ aufgestellt, die sie nun belegen konnten. Die Forscher untersuchten in so genannten Migrationssäulen (siehe Abbildung) untersucht, wie



Schematische Darstellung des Versuchsansatzes: Migrationssäulen mit einem oberen (salzfreien) Wasserkörper und einem unteren (salzhaltigen, dichteren) Wasserkörper. Die Bewegung der Wasserflohkrebse wurde durch Licht induziert (Grafik: IGB).

Gewässerbakterien durch – für sie alleine unüberwindbare Grenzschichten – gelangen können, indem sie Wasserflohkrebse (*Daphnia magna*) aktiv als Transportmittel nutzen. Sie isolierten drei unterschiedliche Bakterienarten aus dem Stechlinsee, markierten sie mittels grün fluoreszierendem Protein (GFP) und gaben sie entweder in die obere oder in die untere Wasserschicht. Die

Wasserflöhe fungierten als effektives Transportmittel. Die Ergebnisse zeigen, dass Bakterien sich aktiv durch das Aufspringen auf Wasserflöhe transportieren lassen. Dabei wechseln täglich bis zu einem Prozent der Bakterien die Wasserschicht. Die Wissenschaftler konnten zudem zeigen, dass sich die Zusammensetzung der auf Wasserflöhen angehefteten Bakteriengemeinschaften entsprechend ihrer Tag- und Nachtwanderung deutlich voneinander unterscheidet. Im Nehmitzsee in Brandenburg konnte die „Förderband-Hypothese“ auch im Freiland belegt werden.

Originalpublikation: Grossart, H-P et al. (2010) *Bacteria dispersal by hitchhiking on zooplankton. PNAS vol. 107 no. 26, S. 11959-11964. doi: 10.1073/pnas.1000668107.*

Vom angeborenen Schutz vieler Menschen lernen

Jedes Jahr sterben mehr als zwei Millionen Menschen an Tuberkulose. Die Erkrankung hat sich im Zuge der AIDS-Epidemie vor allem in Afrika weiter ausgebreitet. Auch für uns in Deutschland sind Tuberkulosebakterien, die kaum noch auf Medikamente ansprechen und aus dem Ausland eingeschleppt werden, besonders bedrohlich. Ein internationales Team von Wissenschaftler hat jetzt erstmals durch systematische Suche einen kleinen Bereich im menschlichen Genom entdeckt, in dem sich Menschen mit Tuberkulose eindeutig von nicht Erkrankten unterscheiden. Seitdem das menschliche Genom vor fast zehn Jahren sequenziert wurde, konzentrieren sich Wissenschaftler darauf, die Funktion von Millionen von Mutationen bei Empfänglichkeit und Resistenz gegenüber Erkrankungen zu studieren. So wurden bei Europäern bereits über 150 Mutationen der Veranlagung für bestimmte Erkrankungen wie Diabetes oder Herzinfarkt zugeordnet. Obwohl die Empfänglichkeit für Infektionskrankheiten in besonders hohem Maße von der genetischen Ausstattung des Menschen beeinflusst wird, stellte sich die Suche nach entscheidenden Mutationen als schwierig heraus. Dabei verschwinden Mutationen, die das Risiko von lebensbedrohlichen Infektionen wie Tuberkulose deutlich erhöhen, offenbar schnell aus dem Gen-Pool der Menschheit. Die Sterblichkeit an diesen Infektionen im Kindesalter verhindert eine Vererbung auf die nächsten Generationen. Das machte die Suche bei Tuberkulose außergewöhnlich aufwändig. Dazu kam, dass die Untersuchungen an Patienten in Ghana und Gambia durchgeführt wurde. Da die genetische Vielfalt der afrikanischen Bevölkerung besonders groß ist, mussten die Wissenschaftler besonders viele Patienten einbeziehen. Dabei konnten sie erstmals zeigen, dass genomweite Assoziationsstudien auch bei Afrikanern mit Erfolg durchgeführt werden können. Erst als die Forscher die Daten aus den verschiedenen Gruppen zusammenlegten, konnten sie die entscheidenden Unterschiede zwischen Erkrankten und Gesunden identifizieren. Insgesamt wurden bei nahezu 6000 Personen jeweils Hunderttausende von Mutationen im Genom untersucht, und interessante Bereiche im Genom wurden bei weiteren 5000 Personen überprüft. Jetzt gilt es herauszufinden, welche Gene von dem Unterschied betroffen sind und welche Funktionen sie im menschlichen Körper haben, um die neuen Befunde für die Entwicklung von Impfstoffen oder neuartigen Medikamenten nutzen zu können.

Originalpublikation: *Thye, T et al. (2010) Genome-wide association analyses identifies a susceptibility locus for tuberculosis on chromosome 18q11.2. Nature Genetics Vol. 42, S. 739–741. doi:10.1038/ng.639.*

Gen bringt Zähne in Form

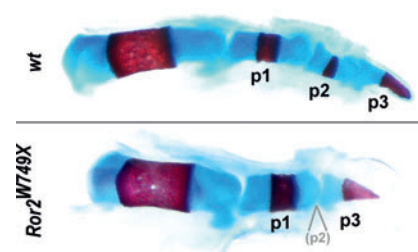
Keine gesunden Zähne ohne dieses Gen: Wird bei der Zahnbildung das so genannte Jagged2-Gen deaktiviert und so der Notch-Signalweg unterbrochen, sind Missbildungen der Zahnkronen und fehlendes Zahnschmelz die Folgen. Da dieser Signalweg bei der Entwicklung von allen Geweben und Organen beteiligt ist, sind diese Erkenntnisse von Forschenden der Universität Zürich von weiter reichender Bedeutung. Mittels Signalwege reagieren Zellen auf äussere Signale. Einer der wichtigsten und am weitesten verbreiteten Signalwege ist der Notch-Signalweg. Er ist evolutionsgeschichtlich mit grosser Konstanz überliefert, und er ist bei der Entwicklung aller Organe und Gewebe in tierischen und in menschlichen Embryonen beteiligt. Benachbarten Zellen ermöglicht der Notch-Signalweg, verschiedene Formen anzunehmen. So kontrollieren die über Notch-Rezeptoren zwischen nachbarschaftlichen Zellen ausgetauschten Signale die Formung, Entwicklung und

Ausbildung von Organen. Auch die Formung und Ausdifferenzierung der Zähne wird von Notch-Rezeptoren kontrolliert und beeinflusst. Die Forschergruppe der Universität Zürich, hat nun anhand von Mäusen zeigen können, dass das Jagged2-Gen unabdingbar ist für die gesunde Entwicklung der Zähne. Wird dieses Gen nämlich deaktiviert und der Notch-Signalweg so unterbrochen, sind gravierende Missbildungen die Folge: Die Zahnkronen der Molaren (Mahlzähne) waren bei den entsprechend mutierten Mäusen deformiert, und es formten sich zusätzliche Spitzen. Bei den Schneidezähnen waren Zellteilung und Zahnschmelzbildung blockiert. Den Notch-Signalweg zu verstehen und die Gene zu kennen, welche Form und Gestalt von Gewebe und Organen steuern, ist für viele Bereiche bedeutungsvoll. Auf dem Gebiet der Zahnmedizin verweist Thimios Mitsiadis auf den grossen Nutzen, den dieses Wissen insbesondere für die Stammzellenforschung hat: Denn das Ziel sei hier, das Potential von Stammzellen nicht nur für die Reparatur von Zähnen zu nutzen, sondern für die Herstellung gänzlich neuer Zähne – so genannten Biozähnen. Benötigt werden hierfür Kenntnisse der genauen genetischen Mechanismen, welche die Zahnform bestimmen. Einen neuen Zahn zu generieren, dessen Form den individuellen Patientenbedürfnissen angepasst ist, ist heute noch nicht möglich. Eine kombinierte Lösung aber ist bereits mit dem heutigen Wissensstand denkbar, so die Forscher. Eine Kombination von Stammzellen mit künstlichen Stützgerüsten könnte eine Lösung für das Problem sein.

Originalpublikation: *Mitsiadis, TA et al. (2010) BMPs and FGFs target Notch signalling via jagged 2 to regulate tooth morphogenesis and cytodifferentiation. Development, Vol. 137, Issue 18. doi:10.1242/dev.049528*

Wie unsere Finger wachsen

Die menschliche Hand ist ein Kunstwerk. Wohl jeder hat schon einmal die Virtuosität eines Klavierspielers bewundert, dessen Finger sich mit fast unglaublicher Geschicklichkeit und Präzision über die Tasten bewegen. Die außerordentlichen mechanischen Leistungen menschlicher Hände beruhen auf der individuellen Gestalt und Funktionsfähigkeit ihrer Finger. Wie die korrekte Entwicklung der Hand und das Wachstum der einzelnen Finger gesteuert werden, war bislang jedoch unbekannt. Berliner Wissenschaftler deckten nun auf, wie das Längenwachstum der Finger durch ein fein abgestimmtes Netzwerk von unterschiedlichen Signalwegen gesteuert wird. Um normale Entwicklungsprozesse im menschlichen Körper zu verstehen, untersuchen Wissenschaftler häufig Krankheiten, bei denen genau diese Prozesse gestört sind. Bisher wusste jedoch niemand, wie bei Säugetieren, also auch beim Menschen, die Finger genau entstehen und wie ihr Wachstum gesteuert wird. Die Forscher untersuchten daher eine Reihe von Erkrankungen, die alle mit einer Verkürzung der einzelnen Fingerglieder einhergehen. Diese sogenannten Brachydaktylien können durch Mutationen an verschiedenen Genen verursacht werden. Sie untersuchten zwei Gruppen von Mäusen,



Störung des Längenwachstums der Fingerknochen einer Maus mit einer genetischen Veränderung, die der Mutation einer menschlichen Brachydaktylie entspricht. wt bezeichnet den Wildtyp ohne genetische Änderung, W749X die genetisch veränderte Maus. Bei den W749X-Mäusen ist spezifisch das Auswachsen der Fingerknochen (phalangen = p) gestört. Dies resultiert in Fingern, welchen das mittlere Fingerglied (p2) fehlt (Abbildung: MPI für molekulare Genetik).

Die Finger genau entstehen und wie ihr Wachstum gesteuert wird. Die Forscher untersuchten daher eine Reihe von Erkrankungen, die alle mit einer Verkürzung der einzelnen Fingerglieder einhergehen. Diese sogenannten Brachydaktylien können durch Mutationen an verschiedenen Genen verursacht werden. Sie untersuchten zwei Gruppen von Mäusen,

bei denen jeweils ein Gen so verändert war, dass es der Mutation bei den menschlichen Brachydaktylien A1 bzw. B1 entsprach. Die Wissenschaftler stellten fest, dass bei beiden Mäusegruppen die Aktivität des „Knochenmorphogenetischen Protein“ (bone morphogenetic protein, BMP) -Signalweges betroffen war. BMPs sind eine Gruppe von Signalproteinen, die von einigen Zellen eines Organismus ausgeschüttet werden, um direkt benachbarte Zellen zu beeinflussen. Sie fungieren vor allem als Wachstumsfaktoren, dies ist jedoch nicht ihre einzige Funktion. Bei allen Tieren fanden sie ein Signalzentrum direkt vor dem sich neu bildenden Skelettelement bzw. Fingerglied, welches eine besonders hohe Aktivität des BMP-Signalweges aufwies. Dieses Signalzentrum ist dafür verantwortlich, unspezifische embryonale Bindegewebszellen (Mesenchymzellen) zur Umwandlung in Knorpelzellen anzuregen. Die Knorpelzellen entwickeln sich im nächsten Schritt zu Knochenzellen, das bedeutet, der Finger wächst in die Länge. Durch genetische und molekulare Experimente konnten die Wissenschaftler zeigen, dass das Signalzentrum durch eine Reihe weiterer Signalmechanismen (IHH, ROR2, WNT) gesteuert wird. Ihre Arbeit beschreibt zum ersten Mal den genetischen und molekularen Mechanismus des Fingerwachstums bei Säugetieren und beleuchtet dessen Rolle bei der Entstehung von menschlichen Brachydaktylien.

Originalpublikation: Witte, F et al. (2010) *ROR2 and Indian Hedgehog regulate digit outgrowth mediated by the phalanx-forming region. PNAS, July 26, 2010, doi: 10.1073/pnas.1009314107*

Genvariante entscheidet über hohen Cholesterinspiegel

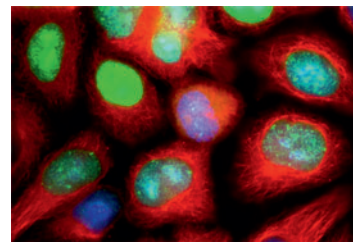
Weshalb haben manche Menschen einen zu hohen Cholesterinspiegel und erleiden einen Herzinfarkt, während andere offenbar geschützt sind? Forscher in Dänemark und Deutschland haben darauf jetzt eine Antwort gefunden: „schuld“ ist ein Gen. Es tritt in verschiedenen Varianten auf – eine Variante des Gens schützt, die andere nicht. Ein internationales Forscherteam konnte zeigen, dass das fragliche Gen bestimmt, wie viel Cholesterin die Leber ins Blut freisetzt. Bei dem Gen handelt es sich um SORT1, das auch eine Rolle im Bereich der Herz-Kreislauf-erkrankungen spielt. Dies ergaben so genannte Genom-weite Assoziationsstudien. Dabei schauen Genetiker, ob zwischen gewöhnlichen genetischen Varianten im menschlichen Erbgut und bestimmten Erkrankungen eine Verbindung besteht. In diesem Fall interessierte Forscher, ob zwischen dem Risikofaktor für Herz-Kreislauf-erkrankungen – einem zu hohen Cholesterinspiegel – und winzigen genetischen Varianten einzelner Personen Zusammenhänge bestehen. In groß angelegten internationalen Genomstudien war vor kurzem eine bestimmte Region auf dem menschlichen Chromosom 1 identifiziert worden, welche einen hohen Cholesterinspiegel verursacht. Die Funktion dieser Genregion auf Chromosom 1 konnten die Wissenschaftler jetzt mit Hilfe von Mäusen klären. Sie hatten in diesen Mäusen das Gen für das Protein SORT1 gezielt ausgeschaltet. Die Mäuse hatten trotz fettreicher Ernährung 20 Prozent weniger Cholesterin im Blut, als Mäuse mit SORT1. Mit weiteren Untersuchungen fand das internationale Forscherteam aus Dänemark und Deutschland auch heraus, wie SORT1 wirkt. Es bildet einen Faktor, welcher dafür sorgt, dass die Leber effizienter Cholesterin freisetzt. Das bedeutet, Personen mit einer aktiven SORT1-Genvariante schütten viel Cholesterin ins Blut aus und haben damit ein höheres Risiko einen Herzinfarkt zu erleiden. Menschen dagegen, welche eine weniger aktive Genvariante tragen, schütten weniger Cholesterin aus – und sind geschützt. Der Körper benötigt Cholesterin

unter anderem für seine Zellen zum Aufbau von Zellmembranen oder als Baustein für Hormone. Cholesterin wird vom Körper selbst gebildet oder über die Nahrung aufgenommen. Es wird zunächst in der Leber gespeichert und bei Bedarf ins Blut abgegeben. Überschüssiges Cholesterin muss die Leber wieder zurücknehmen, damit es nicht die Blutgefäße verstopft (Arteriosklerose). Wer einen zu hohen Cholesterinspiegel hat, läuft Gefahr einen Herzinfarkt zu erleiden, wenn er nicht mit einer entsprechenden Diät und Medikamenten gegensteuert. Nach Ansicht der Forscher könnte das SORT1-Gen einen Angriffspunkt für neue Medikamente bieten, um die Freisetzung von „schlechtem“ Cholesterin aus der Leber ins Blut zu blockieren. Allerdings ist SORT1 nur einer von vielen Herzinfarkttrisikofaktoren. Es genügt dabei jedoch nicht, zu testen, welche Genvariante von SORT1 jemand hat. Herz-Kreislauf-Risiken hängen mit vielen verschiedenen Faktoren zusammen, betonen die Autoren der Studie. Auch Menschen mit der „gesunden Genvariante“ können einen hohen Cholesterinspiegel bekommen, wenn andere ungünstige Faktoren wie ungesunde Ernährung oder Übergewicht im Spiel sind. Daher plädieren die Forscher für einen gesunden Lebensstil – keine fettreiche Ernährung und viel Bewegung.

Originalpublikation: Mads Kjolby, M et al. (2010) *Sort1, Encoded by the Cardiovascular Risk Locus 1p13.3, Is a Regulator of Hepatic Lipoprotein Export. Cell Metabolism, Volume 12, Issue 3, 213-223. doi:10.1016/j.cmet.2010.08.006*

Gene sind nicht alles

Die menschliche Erbsubstanz (DNA) liegt nicht ungeordnet in der Zelle vor. Wie um Spulen ist das zwei Meter lange Molekül um spezielle Proteine (Histone) gewickelt, damit es in den Zellkern mit einem Durchmesser von nur 0,006 Millimetern passt. Den so verpackten Komplex aus DNA und Proteinen nennen Forscher Chromatin. Bis in die 90er-Jahre nahmen Wissenschaftler an, dass Histone nur für die Organisation und Stabilisierung der DNA verantwortlich sind. Doch mittlerweile ist klar, dass sie auf vielfältige Weise in die Regulation von Genen eingreifen können. Histone bilden jedoch nicht nur das Gerüst des Chromatins, sondern spielen auch eine essentielle Rolle bei der Entscheidung, welche Gene abgelesen



Im Zellkern (blau und grün) ist die DNA um Histone gewickelt. Diese Proteine sind jedoch nicht nur Gerüst, sondern können auch in die Genregulation eingreifen. Rot markiert ist das Zellskelett (Foto: Martina Augsburg / MPI für Molekulare Zellbiologie und Genetik).

lesen und in Proteine übersetzt werden und welche nicht. Obwohl in einem Organismus alle Zellen die gleichen Gene besitzen, werden diese unterschiedlich abgelesen und es entstehen verschiedene Zelltypen mit jeweils anderer Proteinzusammensetzung. Die Wissenschaft, die sich mit diesem Phänomen beschäftigt, heißt Epigenetik. Fehler können zu Störungen in der Entwicklung eines Embryos oder zu Krankheiten wie Krebs

führen. Obwohl Histone eine so bedeutende Rolle in der Genregulation spielen, ist der genaue Mechanismus noch nicht im Detail verstanden. Eine wichtige Rolle spielen Veränderungen in der Struktur der Histone: Durch das Anfügen von chemischen Gruppen werden die Histone so modifiziert, dass sie von unveränderten Histonen unterscheidbar sind. Auf diese Weise können sie eine gezielte Funktion an dieser speziellen Stelle im Genom ausführen. Eine der häufigsten Modifikationen ist die Methylierung, die dazu führt, dass weitere Proteine an die modifizierten Histone binden. So können sie das Ablesen eines Gens erleichtern oder aber ver-

hindern. Obwohl dies schon seit langem bekannt war, war die Identität der daran beteiligten Proteine größtenteils unbekannt. Ein Forscherteam konnte jetzt für die fünf wichtigsten Methylierungen Proteine identifizieren, die an die veränderten Histon-Proteine binden. Diese Proteine zu bestimmen war bisher extrem schwierig, doch die Entwicklung neuer Techniken der quantitativen Massenspektrometrie brachte schließlich den Erfolg. Die Ergebnisse der Wissenschaftler bilden die Grundlage für weitere Experimente, die ans Licht bringen sollen, welche Rolle die an die Histone bindenden Proteine genau spielen. Die Arbeiten stellen einen weiteren großen Schritt dar, die vielfachen Mechanismen aufzuklären, durch die Histon-Modifikationen die Genregulation beeinflussen. Da auch bei einigen Krebserkrankungen Veränderungen der Histone sowie der Proteine, die an Histone binden, eine Rolle spielen, könnten die Ergebnisse auf lange Sicht auch zum besseren Verständnis dieser Erkrankungen und somit zu neuen Therapieansätzen führen, hoffen die Forscher.

Originalpublikation: Vermeulen, M et al. (2010) *Quantitative interaction proteomics and genome-wide profiling of epigenetic histone marks and their readers.* *Cell*, Volume 142, Issue 6, pp. 967-980. doi:10.1016/j.cell.2010.08.020

Wir laden herzlich ein:



3. Jahrestagung von NGFN-Plus und NGFN-Transfer im Programm der Medizinischen Genomforschung

vom 25. bis 27. November 2010 in Berlin
im Henry-Ford-Bau der Freien Universität Berlin

Das Programm bringt die wissenschaftliche Exzellenz in der medizinischen Genomforschung zusammen. Folgende Themen werden in Symposia, Keynote Vorträgen internationaler Experten und in Poster Ausstellungen behandelt:

- *Genomics of Common Disease*
- *Animal, Cellular & Tissue Models*
- *Systems Biology*
- *New Technologies*
- *Transfer from Genomics to Application*

Weitere wissenschaftliche Höhepunkte bilden der große Abendvortrag über ethische Aspekte in der medizinischen Genomforschung und Satellite Symposia zu den aktuellen Themen *Next-Generation Sequencing* und *small RNA*.

Die neuesten technologischen Entwicklungen werden auf einer Industrieausstellung und in Company Satellite Sessions präsentiert. Die Konferenz ist ein ideales Forum für wissenschaftliche Diskussionen und das Teilen von Ergebnissen und Informationen.

Alle Mitglieder sind eingeladen, durch Vorträge und Poster aktiv teilzunehmen. Die Konferenz ist externen Teilnehmern offen. Es wird keine Teilnahmegebühr erhoben; Anmeldung ist erforderlich. Alle Informationen zur Konferenz finden Sie unter:

www.ngfn-meeting.de/2010

Stellenmarkt



The **Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology** at the Science Center Golm in Potsdam has an opening for a position as a

Group Leader

in the Department of Molecular Plant Physiology under leadership of Prof Lothar Willmitzer.

The Department strives to investigate fundamental questions in molecular plant physiology applying systems approaches with a focus on growth and biomass. Applications are invited from individuals with a strong interest in establishing an innovative and multidisciplinary research program in this research area. The successful applicant will be provided with funds allowing to run a small research group and is expected to acquire competitive grants for further growth of the group.

Applicants should have several years of post-doc experience and provide a proven track record covering molecular biology, plant protein biochemistry and experience in 'omics technologies. Of specific advantage is operating experience in the field of GC-MS- and LC-MS-based metabolomics and lipidomics next to shot-gun and fractionation-based proteomics. In addition to this experimental know-how experience in integrative analysis of complex data sets is requested. The salary will be according to the German public service scale (TVöD) including fringe benefits.

The Max Planck Institute provides an excellent infrastructure for modern cross-disciplinary training. With three Max Planck Institutes, two Fraunhofer Institutes, and a new center for start-up companies, the Science Center Golm is the largest research center in the state of Brandenburg. It is located in close proximity to the University of Potsdam and also offers fast access to the many research and educational facilities in Berlin. Further information about the institute can be found at www.mpimg-golm.mpg.de.

Applications including a curriculum vitae, a full list of publications, names of three referees, and a three-page summary of current and future research interests should be submitted as an e-mail attachment to otto@mpimg-golm.mpg.de or sent by mail to reach the Institute by 15th October 2010 and should be addressed to:

Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie

Personalverwaltung, Wissenschaftspark Golm
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

Abonnieren Sie den
GENOMXPRESS.
So kommt das Magazin
kostenlos direkt zu Ihnen
ins Haus. Wie es geht
finden Sie auf
www.genomxpress.de



UniversitätsKlinikum Heidelberg

Die **Abteilung Wissenschaftsmanagement** an der **Abteilung Innere Medizin III** (Ärztlicher Direktor Prof. Dr. Hugo A. Katus) des **Universitätsklinikums Heidelberg** sucht zum nächst möglichen Zeitpunkt eine/n

Wissenschaftler/in mit Erfahrung in Wissenschaftskoordination (in Vollzeit, ggf. Teilzeit möglich)

Die Stelle ist zunächst auf 1 Jahr befristet, eine Verlängerung ist möglich.

Die Aufgabe des/der Stelleninhabers/-inhaberin besteht in der Unterstützung der Leiterin bei der Erstellung von wissenschaftlichen Anträgen und Berichten, dem Entwurf von Präsentationen, der Mitarbeit im Vertragsmanagement und der Öffentlichkeitsarbeit sowie Pflege des Internetauftritts verschiedener großer Konsortien der kardiovaskulären Genomforschung sowie großer interdisziplinärer Projekte.

Voraussetzung ist ein Studium im biomedizinischen Bereich und entsprechende wissenschaftliche Erfahrung. Erfahrungen im Wissenschaftsmanagement sowie gute Kommunikationsfähigkeit sind sehr erwünscht. Der sichere Umgang mit dem Microsoft-Office Paket, insbesondere Word und Powerpoint sowie mit allgemeinen PC-Anwendungen, ist erforderlich. Kenntnisse in Bildbearbeitung (Photoshop oder Corel Draw) sind von Vorteil.

Die Vergütung erfolgt nach TV-L /Drittmitteln.

Bitte richten Sie Ihre Bewerbung mit den üblichen Unterlagen innerhalb von zwei Wochen nach Bekanntgabe der Stellenausschreibung an:

Frau Dr. Tanja M. Weis
Medizinische Klinik III, - Kardiologie -, INF 410
 69120 Heidelberg.

Telefonische Informationen vorab erteilt: Dr. Tanja Weis,
 Tel. 06221-56-8010, oder per E-Mail: tanja.weis@med.uni-heidelberg.de

Das Universitätsklinikum strebt die Erhöhung des Frauenanteils in den Bereichen an, in denen sie unterrepräsentiert sind. Entsprechend qualifizierte Frauen werden um ihre Bewerbung gebeten.

Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung vorrangig eingestellt.



Im **Bereich Mikrobiologie**, Arbeitsgruppe Prof. Dr. Kirsten Jung, der **Ludwig-Maximilians-Universität München** ist zum nächstmöglichen Zeitpunkt die Stelle einer/eines

Wissenschaftlichen Mitarbeiterin/Mitarbeiters (VergGr. EG13/2)

für die Dauer von drei Jahren zu besetzen. Die Promotion ist in einem wissenschaftlich ausgezeichneten Umfeld (Exzellenzcluster CiPSM) möglich.

Das Projekt fokussiert auf die Zell-Zell-Kommunikation sowie die molekularen Mechanismen, die phänotypische Varianz klonaler Bakterienpopulationen verursachen. Die Bearbeitung der Thematik erfolgt durch eine Kombination molekularbiologischer, genetischer, protein-chemischer und mikroskopischer Methoden.

Einstellungsvoraussetzung ist ein abgeschlossenes naturwissenschaftliches Hochschulstudium (vorzugsweise Biologie oder Biochemie).

Interessentinnen und Interessenten richten bitte ihre Bewerbungen mit den üblichen Unterlagen spätestens bis zum 31. Oktober 2010 an

Prof. Dr. Kirsten Jung
LMU München, Biozentrum, Bereich Mikrobiologie,
 Großhaderner Strasse 2-4, 82152 Martinsried.



ulm university universität
uulm

Am **Institut für Angewandte Physiologie** in der **Arbeitsgruppe Molekulare Neurophysiologie** an der **Universität Ulm** ist zum nächstmöglichen Zeitpunkt die Stelle eines

Wissenschaftlichen Mitarbeiters (Postdoc, 100%) (m/w)

sowie eines

Wissenschaftlichen Mitarbeiters (Doktorand, 50%) (m/w)

zunächst jeweils für zwei Jahre befristet zu besetzen. Eine an die Befristung anschließende Weiterbeschäftigung ist möglich.

Wir untersuchen zellspezifische Funktion und Genexpression von Dopamin-produzierenden Neuronen im Mittelhirn vor dem Hintergrund Ihrer differentiellen Pathophysiologie im Morbus Parkinson. Methodisch kombinieren wir auf Einzelzell-Ebene insbesondere elektrophysiologische Funktionsanalysen (Hirnschnitt Patch-Clamp Techniken), sowie UV-Laser-Mikrodissektion mit quantitativen mRNA- und DNA-Analysetechniken.

Wir bieten ein wissenschaftlich attraktives Umfeld in einer modernen Arbeitsgruppe mit hervorragender Ausstattung und die Arbeit in einem interdisziplinären Team mit internationalen Kooperationen.

Ihre Aufgaben

- Wissenschaftliche Forschungsarbeiten (ggf. Promotion) im Rahmen von Drittmittelprojekten

Ihr Profil

- Bewerben sollten sich hochmotivierte Naturwissenschaftler oder Mediziner (m/w) mit sehr gutem Studienabschluss (Promotion für die Postdoc-Stelle) im Bereich der Neuro- oder Bio-Wissenschaften
- Überdurchschnittliches Engagement und Teamfähigkeit
- Selbstständiges analytisches Arbeiten sowie Computerkenntnisse und sicheres Englisch in Wort und Schrift werden vorausgesetzt
- Vorkenntnisse der molekularen oder zellulären Neurophysiologie sind von Vorteil

Unser Angebot

- Bezahlung nach TV-L sowie betriebliche Altersvorsorge
- Unterstützung bei der Vereinbarkeit von Beruf und Familie
- Vielfältige Fort- und Weiterbildungsmöglichkeiten, betriebliche Gesundheitsförderung

Weiterführende Informationen zur Arbeitsgruppe, Forschungsthematik; Literatur finden Sie auf unserer Webpage: www.uni-ulm.de/med/angewphys.html. Für weitere Informationen zum Graduiertenprogramm Molekulare Medizin der Universität Ulm siehe: www.uni-ulm.de/einrichtungen/mm.html.

Wir freuen uns auf Ihre aussagekräftigen Bewerbungsunterlagen (keine Originaldokumente) inkl. Referenzen. Diese senden Sie bitte schriftlich (in deutsch oder englisch, bitte keine e-mail Bewerbung) an:

Professor Dr. Birgit Liss
Universität Ulm, Institut für Angewandte Physiologie
 AG Molekulare Neurophysiologie, N27
 Albert-Einstein-Allee 11, 89081 Ulm

Bewerbungsschluss ist der 15.10.2010. Bitte geben Sie auf dem Briefumschlag die Kennziffer 111 an.

Die Universität Ulm strebt eine Erhöhung des Anteils von Frauen an und bittet deshalb qualifizierte Kandidatinnen ausdrücklich um ihre Bewerbung.

Behinderte, insbesondere schwerbehinderte Frauen, werden bei gleicher Qualifikation bevorzugt eingestellt bzw. ausgebildet. Die Einstellung erfolgt durch die Verwaltung des Klinikums im Namen und im Auftrag des Landes Baden-Württemberg.



Internal Job Advertisement

For our Working Group Biotechnology in Cereals Breeding we are seeking for a fulltime

Scientific Assistant Biostatistics (m/f)

to start at the earliest possible date.

Job Description:

- Introduction, establishment and development of genomic selection in cereals
- Standardizing, optimizing and extending statistical data analysis at the interface breeding/ molecular breeding in cereals
- Collaboration in planning, implementation and evaluation of marker analysis
- Evaluation and interpretation of molecular marker and genomic data for breeding
- Collaboration in research projects and co-operations in cereals
- Data analysis for QTL valuation, associative mapping and for genomic selection
- Interface to biostatistics INS-DV
- Optimizing the use and evaluation of molecular markers

Your profile:

- Master or PhD degree in statistics, plant, forest tree or animal breeding or biology
- Broad statistical know-how, e. g. on evaluation and interpretation of genetic studies (QTL, LTM) and field tests
- Experience in plant/animal breeding or quantitative genetics
- Routined application of standard-statistic-software (R, SAS, Genstat) and data bases (MS Access, Oracle)
- Own programming capabilities (e. g. VB, C++, Fortran)
- Well developed ability to work in a team and readiness to communicate
- Confident English in speech and writing
- High degree of own initiative and sense of responsibility

Your complete applications should be submitted by November 15 to:

Dr. Reinhard von Broock KWS LOCHOW GMBH
Ferdinand-von-Lochow-Str. 5 · 29303 Bergen-Wohldede
Phone: 05051 477-114 · E-Mail: v.broock@kws-lochow.de

Member of the KWS Group



Impressum

GENOMXPRESS 3.10

Band 10, Ausgabe 3 – September 2010

Der GENOMXPRESS ist ein vierteljährlich erscheinendes Magazin mit Informationen aus der deutschen Genomforschung und Systembiologie. Der GENOMXPRESS erscheint im März, Juni, September und Dezember. Redaktionsschluss für die Ausgabe 4.10 ist der 5. November 2010.

Herausgeber

MPI-MP, Geschäftsstelle Pflanzenforschung
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

Redaktion

Dr. Matthias Arlt, Dr. Dirk Büssis
Geschäftsstelle Pflanzenforschung
c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

Dr. Silke Argo, Dr. Anke Bentmann (NGFN)
NGFN Geschäftsstelle, c/o DKFZ, V025
Im Neuenheimer Feld 580, 69120 Heidelberg

Dr. Petra Ehrenreich, Dr. Gabriele Gerlach,
Dr. Dietrich Trzeciok (GenoMik)
c/o Georg-August-Universität Göttingen
Grisebachstraße 8, 37077 Göttingen

Dr. Janet Staack (FUGATO)
FUGATO Sekretariat
Adenaueralle 174, 53113 Bonn

Der Inhalt von namentlich gekennzeichneten Artikeln liegt in der Verantwortung der jeweiligen Autoren.

Layout und Satz Dirk Biermann (www.dirkbiermann.net)
Druck GS Druck und Medien GmbH, Potsdam

ISSN 1617-562X

Aboservice Das Magazin wird durch Mittel des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert und kostenlos abgegeben. Wenn Sie das Magazin beziehen möchten, wenden Sie sich bitte an:

Dr. Matthias Arlt · GENOMXPRESS
c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam
marlt@mpimp-golm.mpg.de

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
IFAM
Institut für Allgemeine Mikrobiologie

Am Institut für Allgemeine Mikrobiologie der
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel ist zum
01.01.2011 die Stelle einer/eines

wissenschaftlichen Mitarbeiterin/Mitarbeiters (VerGr.EG 13/2)

mit der Zielrichtung Promotion zu besetzen. Die Stelle ist zunächst auf 2 Jahre befristet und kann gegebenenfalls verlängert werden. Voraussetzung sind ein abgeschlossenes Hochschulstudium in Biologie oder Biochemie mit Schwerpunkt Mikrobiologie und entsprechende Laborpraxis. Der/die Bewerber/In soll im Rahmen einer Dissertation auf dem Gebiet der regulatorischen RNAs in dem methanogenen Archaeon *Methanosarcina mazei* arbeiten.

Hierbei wird schwerpunktmäßig der molekulare Wirkmechanismus von kleinen RNAs bearbeitet. Hierzu sind insbesondere fundierte Kenntnisse in molekularbiologischen, genetischen und biochemischen Methoden erforderlich, sowie die Bereitschaft in enger Zusammenarbeit mit den weiteren Mitgliedern des DFG-geförderten Schwerpunktes 'Regulatorische RNAs in Prokaryoten' zu kooperieren. Erfahrungen mit anaerober Zellzucht sind wünschenswert. Die Hochschule ist bestrebt, den Anteil von Wissenschaftlerinnen in Forschung und Lehre zu erhöhen und fordert deshalb entsprechend qualifizierte Frauen nachdrücklich auf, sich zu bewerben. Frauen werden bei gleichwertiger Eignung, Befähigung und fachlicher Leistung vorrangig berücksichtigt. Die Hochschule setzt sich für die Beschäftigung schwer behinderter Menschen ein. Daher werden schwer behinderte Bewerberinnen und Bewerber bei entsprechender Eignung bevorzugt berücksichtigt.

Bewerbungen sind unter Beilage von Zeugnissen und eines Lebenslaufes innerhalb von drei Wochen nach Erscheinen dieser Anzeige zu senden an:

Frau Prof. Dr. R. Schmitz-Streit
Institut für Allgemeine Mikrobiologie
Am Botanischen Garten 1-9, 24118 Kiel.

GENOMXPRESSPORTAL

- Kostenloses Abo der Druckausgabe
- Alle Ausgaben und Sonderhefte als PDF
- Umfangreiche Suchfunktion im Archiv
- Informationen zu den Netzwerken

www.genomxpress.de



GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

NGFN
Nationales
Genomforschungsnetz

