

Sicherheitsforschung zu MON810 – ist ein Verbot wirklich angebracht? · Fütterungsstudie von Kühen mit MON810 · Horizontaler Gentransfer in gepfropften Pflanzen · Gestörte Kommunikation nach Übertragung von Klonembryonen · Entschlüsselung des Rindergenoms
Hyperaktives »Dornröschen« in der Genomforschung



Der Boden lebt

Ein Blick in das WaldLabor
auf dem Campus Berlin-Buch

Seite 25

Foto:

Thomas Oberländer
HELIOS Klinikum Berlin-Buch

Inhalt

2 Inhalt

3 Editorial

Forschung

4 **MON810 – ist ein Verbot wirklich angebracht?**

Zum Stand der ökologischen Sicherheitsforschung zu Bt-Mais

7 **Fütterung von Kühen mit MON810**

Gentechnisch modifizierter Mais im Futter verändert die Milch nicht

8 **Über Artgrenzen hinweg**

Horizontaler Gentransfer in gepfropften Pflanzen nachgewiesen

9 **Gestörte embryo-maternale Kommunikation nach Übertragung von Klonembryonen**

11 **Der Schlüssel aller Gene**

Die Entschlüsselung des Rindergenoms

12 **Hyperaktives »Dornröschen« als herausragendes Werkzeug für die Gen- und Genomforschung**

Treffen

14 **German Symposium on Systems Biology 2009:**

Deutsche und internationale Wissenschaftler diskutierten in Heidelberg neueste Ergebnisse systembiologischer Forschung

16 **ERA-NET PathoGenoMics: Vom Labor in die Klinik**

17 **Pflanzen-Phänotypisierung – das neue heiße Thema der Pflanzenforschung**

Erstes Symposium zur Pflanzen-Phänotypisierung in Canberra, Australien

18 **Veranstaltungen auf einen Blick**

Aktuelles

20 **Weltweite Bedeutung der Infektionsforschung wächst**

Neue BMBF-Broschüre zur Infektionsforschung erschienen

20 **Vortragswettkampf zur Pflanzenzüchtung**

Kurt von Rümker Preis für Nachwuchsforscherin in der Pflanzenzüchtung verliehen

21 **Fotowettbewerb »Bilder der Forschung 2009«**

22 **KID – Information zum Thema Krebs**

BMBF fördert Aufbau des Krebsinformationsdienstes am Deutschen Krebsforschungszentrum in Heidelberg

22 **Die ganze Welt der Infektionsforschung**

Das Helmholtz-Internetportal für Forscher und Journalisten

23 **Wissenschaft am Zug**

Der Ausstellungszug »Expedition Zukunft« tourt durch deutsche Städte

24 **Biomasse statt Erdöl**

50 Millionen Euro für Forschungszentrum am Chemiestandort Leuna

25 **Der Boden lebt**

Ein Blick in das WaldLabor auf dem Campus Berlin- Buch

26 **Das Leben ist kein Supermarktregal mit fertigen Konsumgütern...**

Gespräch mit Dr. Ulrich Scheller, Leiter des Gläsernen Labors und Geschäftsführer der BBB Management GmbH Campus Berlin-Buch

28 **Nützliche Naturstoffe aus Bakterien**

Merck-Stiftungsprofessor Helge Bode verstärkt biotechnologische Forschung in Rhein-Main

28 **Mit Forschung aus der Krise**

Expertenkommission Forschung und Innovation legt zweites Gutachten vor

29 **Forschen gegen Schweinegrippe**

Das BMBF-Projekt FLURESEARCHNET

30 **Die Ästhetik des Unsichtbaren**

Pflanzenoberflächen unter dem Elektronenmikroskop: Ausstellung in Berlin

31 **Genomprojekt Ozean: Die unsichtbaren Bewohner unserer Weltmeere**

Forschungssegelyacht Sorcerer II zu Besuch auf Helgoland

32 **Der Motor der antarktischen Artenvielfalt**

Biologe erhält Forschungspreis der Barthelt-Stiftung

32 **Der jungen Forscher neue Wege**

BMBF fördert die Zukunft der Bioenergie

34 **Forschung von Alge bis Zwenke**

Projekte der ersten PLANT-KBBE-Ausschreibung gestartet

35 **Exzellente Abschlussarbeiten gesucht**

bis 31. Juli für den BIOTECHNICA Studienpreis 2009 bewerben

35 **Buch-Neuerscheinung**

Welt der Bakterien – Die unsichtbaren Beherrscher unseres Planeten

36 **Gene aus dem Eis**

Forscher erhalten international einmaliges Projekt, um das Erbgut eines polaren Ökosystems zu entschlüsseln

36 **Forschen zum Leben**

Eröffnung des Zentrums für Biosystemanalyse (ZBSA) der Universität Freiburg

37 **Wissenschaft kompakt**

45 **Stellenmarkt**

51 **Impressum**

Editorial

Liebe Leserinnen und Leser,

selten folgte auf ein Verbot ein derart promptes und einstimmiges Votum der wissenschaftlichen Institutionen in Deutschland, wie auf das Anbauverbot des Bt-Mais MON810 im April dieses Jahres. Obwohl die oberste europäische Zulassungsbehörde EFSA keine Bedenken geäußert hatte, verhängte die Landwirtschaftsministerin Ilse Aigner ein sofortiges Anbauverbot. Sie berief sich dabei auf eine „Schutzklausel“ im europäischen Gentechnik-Recht. Es gebe neue wissenschaftliche Erkenntnisse, dass der Anbau dieser Pflanzen möglicherweise schädlich für die Umwelt sein könnte. Studien zur Auswirkung des Bt-Proteins auf Marienkäfer und auf Wasserflöhe seien der Hintergrund für das Verbot. Unter Fachleuten sind die beiden Publikationen jedoch stark umstritten. In einer gemeinsamen Erklärung der großen Wissenschaftsorganisationen äußerten diese ihre Bedenken, dass diese Entscheidung den Trend verstärken werde, mit einer aller Voraussicht nach wichtigen Zukunftstechnologie irrational umzugehen und dadurch irreparable Schäden für den Standort Deutschland herbeizuführen.

Besonders deutlich, wenn auch auf ganz anderem Niveau, wird der irrationale Umgang mit diesem Thema in der stetigen Propaganda der Protestindustrie. Hier zählen keine nachweisbaren Fakten oder wissenschaftliche Argumente, hier wird an das Bauchgefühl appelliert und ein verklärtes, retrospektives „Idealbild“ der Landwirtschaft gezeichnet. Wissenschaftler werden als „Handlanger geldgieriger Großkonzerne“ denunziert, wissenschaftliche Arbeiten als „gekauft“ abgekanzelt. Problematisch ist hierbei vor allem das geringe Wissen um die (grüne Gentechnik) in der Bevölkerung. Komplexe Themen lassen sich nur schwer vermitteln, da fallen viele auf die Agitationen der Gegner herein. Die aufgeheizte Stimmung gipfelte in den letzten Jahren in kriminellen Aktionen wie der Besetzung und Verwüstung von Versuchsfeldern. Die Zerstörung der Apfelbäume am Pfingstmontag in Pillnitz ist ein weiterer trauriger Höhepunkt. Der Schaden in den Projekten des Julius-Kühn-Instituts wird auf etwa 700.000 Euro geschätzt – Steuergelder. Die Täter machen es sich leicht: Pflanzen zu zerstören ist eben einfacher als sich mit dem Thema wissenschaftlich auseinander zu setzen.

Doch es geht auch anders. Um die Diskussion zu versachlichen, lud die Forschungsministerin Annette Schavan Akteure aus Wissenschaft, Politik, Kirchen und Verbänden zu einem runden Tisch nach Berlin ein. Die grüne Gentechnik sollte auf wissenschaftlicher Basis fundiert diskutiert werden. Man müsse das Potenzial der Gentechnik nutzen, aber zugleich die Risiken ernst nehmen und Akzeptanz schaffen, so die Ministerin nach dem ersten Treffen. Ein positives Signal.

Als Redaktionsteam sind wir stets bemüht, Ihnen aktuelle Informationen zu den diversen Bereichen der Genomforschung, Systembiologie und Biotechnologie zu liefern. Denn nur wer sich mit den wissenschaftlichen Hintergründen auseinandersetzt, kann sich auch eine fundierte Meinung bilden. Zum Streitfall

MON810 bieten wir Ihnen daher einen Bericht aus dem Programm der Sicherheitsforschung des BMBF. Stephan Rauschen von der RWTH Aachen untersucht, wie sich Bt-Mais auf Nicht-Ziel-Organismen auswirkt. Der Artikel auf Seite 4 skizziert, wie der Bt-Mais funktioniert, und ob ein Verbot aus Sicht der ökologischen Sicherheitsforschung Sinn macht. Neben möglichen ökologi-



schen Einflüssen ist auch die Verfütterung der transgenen Maispflanzen ein Thema in der Risikobewertung. Die Kernfrage ist hier, ob sich die Verfütterung von MON810 negativ auf die Nutztiere auswirkt. Um dies wissenschaftlich zu analysieren, führte die TU München einen zweijährigen Versuch an Kühen durch. Die Ergebnisse dieser Studie sind in einem kurzen Bericht auf Seite 7 zusammengefasst.

Neues gibt es aber nicht nur im Pflanzenbereich zu berichten. Das ebenfalls kontrovers diskutierte Klonen von Nutztieren ist Thema eines Artikels auf Seite 9. Die Autoren untersuchten, warum das Klonen von Rindern nicht den gewünschten Erfolg bringt. Außerdem berichten wir über Transposons, einem natürlichen Mechanismus der Genomveränderung. Wie man diese Sequenzen gezielt einsetzen kann zeigt der Bericht auf Seite 12. Das springende Gen „Dornröschen“ erlaubt mit nie dagewesener Effizienz, Gene in Zellen einzuschleusen und ist damit ein potentielles Werkzeug für die Genterapie.

Mit dem GENOMXPRESS möchten wir Ihnen interessante und bemerkenswerte Erkenntnisse aus der systemorientierten Genomforschung und den angrenzenden Wissenschaftsdisziplinen näher bringen. Denn nur wer neue Erkenntnisse berücksichtigt kann sich in emotional geführten Debatten auch eine fundierte Meinung bilden. Bildung ist der Schlüssel für die Zukunft und Wissen muss schon in frühester Zeit vermittelt werden. In diesem Sinne besonders hervorzuheben ist die bemerkenswerte Arbeit der Schülerlabore. Die engagierten Wissenschaftler und Lehrer vermitteln Kindern hier bereits im Kindergartenalter die faszinierende Welt der Naturwissenschaften. Eine dieser Institutionen, das Gläserne Labor in Berlin-Buch, feierte vor kurzem zehnjähriges Bestehen. Einen Bericht über die erfolgreiche Arbeit und die Motivation dahinter finden Sie ab Seite 25 in diesem Heft.

Im Namen des gesamten Redaktionsteams wünsche ich Ihnen viel Freude mit der neuen Ausgabe. Bleiben Sie neugierig und hinterfragen Sie „einfache Wahrheiten“.

Mit besten Grüßen aus Potsdam
Matthias Arlt

MON810 – ist ein Verbot wirklich angebracht?

Zum Stand der ökologischen Sicherheitsforschung zu Bt-Mais

Seit 1996 werden mit Genen des *Bacillus thuringiensis* veränderte Maispflanzen auf weltweit stetig wachsenden Flächen angebaut. In Spanien waren es zuletzt fast 100.000 Hektar, rund 15% der gesamten Anbaufläche von Mais. Dennoch läuft eine sehr hitzige Debatte über das Für und Wider der Nutzung von Bt-Mais als Futter- und Nahrungsmittel. Oft wird behauptet, es sei nur wenig über die möglichen Auswirkungen dieser Pflanzen auf die Umwelt, den Boden, Tier und Mensch bekannt. Dabei gibt es schon seit Jahren eine intensiv betriebene Sicherheitsforschung, die schon viele Antworten auf brennende Fragen gefunden hat. So zum Beispiel zur Wahrscheinlichkeit einer Beeinträchtigung von geschützten oder bedrohten Schmetterlingen.

Stefan Rauschen



Eine Schmetterlingsraupe frisst im Laborversuch an einer mit Bt-Maispollen behandelten Blattscheibe (Foto: Mechthild Schuppener, RWTH Aachen)

Eigentlich ist die Sache mit *Bacillus thuringiensis* ganz einfach. 1911 wurde dieses Bakterium von Ernst Berliner in Thüringen als Verursacher der „Schlaffsucht“ bei Raupen von Mehlmotten identifiziert und beschrieben. Man stellte fest, dass die Sporen von *B. thuringiensis* gegen Schmetterlingsraupen wirksam sind und verwendete bereits in den späten 20er Jahren des letzten Jahrhunderts dieses Wissen, um den Mais-

zünsler *Ostrinia nubilalis* zu bekämpfen. Doch erst mit der Entdeckung der Tatsache, dass die toxische Wirkung durch in den Sporen enthaltene Proteine verursacht wird, wurde Mitte der 50er Jahre der Grundstein für die Anwendung dieser biologischen Kontrollmaßnahme gegen eine Reihe von schädlichen Schmetterlingen gelegt. Seitdem werden Spritzmittel auf Basis von *B. thuringiensis* angewendet, um im Obst-, Gemüse- und Forstbau und in der Landwirtschaft Schädlinge zu bekämpfen. Auch die Mückenbekämpfung in sumpfigen Gebieten wurde so durchgeführt. Die Spezifität der Spritzmittel bei gleichzeitiger Nützlings-

schonung machten sie schnell beliebt. Ihr größter Nachteil ist die nur sehr kurzfristige Wirksamkeit.

In den folgenden Jahrzehnten wurde viel geforscht. Man fand viele verschiedene Stämme von *B. thuringiensis*, die viele unterschiedliche Proteine bilden. Diesen ist gemein, dass sie als Kristalle in den Sporen des Bakteriums zu finden sind. Daher werden sie Cry-Proteine genannt, und auf Grund ihrer strukturellen Eigenschaften und Gemeinsamkeiten werden sie in verschiedene Familien eingeteilt. Eine weitere Gemeinsamkeit der Proteine ist, dass sie zwar auf unterschiedliche Gruppen von Gliedertieren wirken, dies aber sehr spezifisch. So fand man Cry-Proteine, die gezielt gegen Zweiflügler (Fliegen und Mücken), solche, die gegen Käfer, und wiederum andere, die gegen Fadenwürmer (Nematoden) wirken.

Letztlich konnte man die Gene, die für die Bildung der jeweiligen Cry-Proteine verantwortlich sind, identifizieren und isolieren. Damit eröffnete sich nun die Möglichkeit, durch gentechnische Verfahren Pflanzen zu erzeugen, die selbst in der Lage sind, Cry-Proteine zur Abwehr von Schädlingen zu produzieren.

Wirkungsweise von Bt-Proteinen und ihre Spezifität

Die Kristalle aus Bt-Proteinen werden durch Fraß aufgenommen und im Darm der Insekten aufgelöst. Anschließend durchlaufen die freigesetzten Proteine eine Spaltung durch spezifische Enzy-



Der Bt-Mais MON810 enthält ein Cry-Protein, das spezifisch auf bestimmte Schmetterlingsarten wirkt (Foto: Matthias Arlt).



Der Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis*) ist ein wichtiger Schädling. Auch in Deutschland breitet er sich zunehmend aus (Foto: © Entomart.be).

me. Diese Prozessierung liefert erst die eigentlich aktiven Cry-Toxine. In einem nächsten Schritt kommt es zu einer Anlagerung der aktiven Proteine an spezifische Rezeptoren in den Zellmembranen des Darmepithels. Diese Wechselwirkung führt zur Bildung von Oligomeren aus mehreren Proteinen, die dann einen Poren-förmigen Komplex bilden. Dieser wiederum interagiert mit anderen Rezeptoren und wird daraufhin in die Zellmembran eingelagert, was zur Störung der Funktion, zur Lyse der Zelle und letztlich zum septischen Tod des Insekts führt.

Noch sind nicht alle Schritte und Reaktionen dieser sehr komplexen Wechselwirkungen und Abläufe genau bekannt. Klar ist aber, dass es spezifischer Rezeptoren und der Erkennung der Cry-Proteine bedarf, damit die verschiedenen Stufen der Interaktion durchlaufen werden können. Nur dies führt zur toxischen Wirkung und begründet die außerordentliche Spezifität der verschiedenen Bt-Proteine. Von Kritikern der Bt-Technologie wird häufig angeführt, dass in den gentechnisch veränderten Pflanzen bereits die aktivierten Formen der Bt-Proteine gebildet werden. Und das somit, da die ersten Schritte der Wechselwirkungen zwischen Protein und Organismus übersprungen werden, die Wirkbreite der Proteine erhöht sei. Dabei wird übersehen, dass es letztlich nur auf die Reaktion der Proteine mit spezifischen Rezeptoren in der Darmwand ankommt. Sind diese Rezeptoren nicht vorhanden, kann es auch nicht zu einer Giftwirkung kommen.

Kommerzialisierte Bt-Pflanzen und Spritzmitteleinsatz

Die ersten Kulturpflanzen, die mit Genen aus *B. thuringiensis* verändert wurden, waren Baumwolle und Mais. In beiden haben Landwirte mit Schmetterlingsraupen als gravierenden Schädlingen zu kämpfen. Das Spritzen von Insektiziden ist in beiden Kulturen technisch aufwändig. Ein besonderes Problem stellt zudem dar, dass die Larven der Schmetterlinge sich in die Pflanzen selbst einfrassen, und damit durch von außen aufgebraachte Insektizide nicht bekämpft werden können.

Mittlerweile sind neben Baumwolle und Mais auch verschiedene Bt-Kartoffeln und eine Bt-Tomate hinzugekommen. In Europa dürfen allerdings nur Bt-Maissorten auf Basis von MON810 angebaut werden.

Die Bt-Pflanzen schützen sich also durch die Bildung eines Inhaltsstoffes, der auf bestimmte Fraßschädlinge giftig wirkt, selbst; im Idealfall ohne dass der Mensch zusätzliche Maßnahmen

ergreifen muss. Dies trifft aber nicht bei allen angebauten Bt-Kulturpflanzen zu. Während Bt-Mais MON810 eine fast 100%ige Kontrolle des Maiszünslers gewährleistet, ist die Kontrolle der diversen schädlichen Schmetterlinge in Bt-Baumwolle bei weitem nicht so hoch. Dies liegt daran, dass nicht alle Schädlinge gleich sensibel auf die in den Pflanzen gebildeten Cry-Proteine reagieren. Häufig reicht die Konzentration, die man in den verschiedenen Pflanzengeweben vorfindet, dann nicht aus, um ein hohes Maß an Schädlingskontrolle zu gewährleisten. In diesen Fällen sind dann weitere Kontrollmaßnahmen, zum Beispiel weiterhin das Spritzen von Insektiziden, von Nöten. Dies ist natürlich auch dann der Fall, wenn auch gegen Schädlinge vorgegangen werden muss, gegen die die Bt-Pflanze gar nicht resistent ist. Ein Beispiel wäre ein schädlicher Käfer in einer Bt-Kultur mit Resistenz gegenüber Schmetterlingen. Dieser Umstand führt dann mitunter dazu, dass nicht in allen Bt-Kulturen und auch nicht in allen Anbaubereichen eine Reduktion des Spritzmitteleinsatzes stattgefunden hat. Auch dies wird häufig als Kritikpunkt angeführt, übersieht aber einfach, dass die Bt-Technologie Resistenzen gegen einzelne Schädlinge vermittelt, diese nicht gegenüber allen Schädlingen gleich gut funktioniert, und dass es darüber hinaus natürlich Schädlinge gibt, gegen die die jeweilige Bt-Pflanze gar nicht resistent ist.

Wirkung auf geschützte oder bedrohte Schmetterlingsarten in Naturräumen

Durch Bescheid des Bundesamtes für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit wurde der Anbau von MON810 im April dieses Jahres vorübergehend verboten. Es wurde eine Reihe von Studien angeführt, die die Möglichkeit von Risiken für Nichtziel-Organismen, darunter Schmetterlinge, Marienkäfer und auch Wasserorganismen, belegen sollen. Im folgenden soll auf die mögliche Wirkung auf Nichtziel-Schmetterlinge eingegangen werden.

Das im MON810 gebildete Cry1Ab-Protein wirkt spezifisch auf Schmetterlinge. Daher ist es prinzipiell möglich, dass neben den eigentlich anvisierten Arten auch andere Schmetterlinge beeinträchtigt werden könnten. Ob es dazu kommt, hängt von einer ganzen Reihe von Faktoren ab.

Das Risiko für einen Organismen leitet sich im wesentlichen von zwei Parametern ab, der Exposition gegenüber einem Gift-



Schmetterlinge wie der Kleine Fuchs (*Aglais urticae*) sind so genannte "Nicht-Zielorganismus" des Bt-Mais. Inwiefern sich der Mais auf diese Schmetterlingsarten auswirkt steht im Fokus der Sicherheitsforschung (Fotos: Mechthild Schuppener, RWTH Aachen).

stoff und der Stärke der Auswirkung, die der Giftstoff auf den Organismus ausübt.

Die Exposition hängt für Nichtziel-Schmetterlinge wieder von einer Reihe von Faktoren ab. Nahezu alle Nichtziel-Schmetterlinge können nur über den auf ihren Futterpflanzen abgelagerten Maispollen in Kontakt mit den Bt-Proteinen kommen, da sie nicht direkt an Mais fressen. Das heißt, es müssen empfindliche Larvenstadien genau dann auftreten, wenn der Mais Pollen schütet. Der Pollen von Mais ist schwer und wird nur geringfügig über längere Distanzen verfrachtet. Damit auf den Futterpflanzen merkliche Pollenmengen deponiert werden, müssen diese zudem in unmittelbarer Nähe zu den Maisfeldern vorkommen. Es muss also zunächst einmal eine räumlich-zeitliche Koinzidenz zwischen Maisblüte, Futterpflanze und Larvenstadien der Schmetterlinge geben, damit überhaupt eine Exposition angenommen werden kann.

Die Stärke der Auswirkung des Giftstoffes auf den Nichtziel-Organismus ist der zweite Parameter, der entscheidend zur Größe des Risikos beiträgt. Hier ist zum einen von Bedeutung, wie eine bestimmte Giftmenge auf ein einzelnes Individuum wirkt. Es können dabei letale oder auch subletale Effekte auftreten. Zum anderen ist wichtig, wie stark sich der Effekt über einzelne betroffene Individuen auf die Population im Agrarraum oder den Gesamtbestand auswirkt. Hier stellt sich die Frage, wie groß der Anteil der möglicherweise gefährdeten Population ist, und inwieweit ein Effekt durch die Bt-Proteine eine neben den natürlichen Mortalitätsfaktoren bedeutende Quelle zusätzlicher Einflüsse ist.

Eine solch umfassende Risiko-Abschätzung wurde bereits im Jahr 2001 für den Monarchfalter in den Vereinigten Staaten von Amerika durchgeführt und publiziert (Sears *et al.*, 2001). Hierbei wurden zwei Bt-Maissorten betrachtet, nämlich Bt176, der nicht mehr auf dem Markt ist, und MON810. Es zeigte sich, dass die Auswirkungen von MON810 auf die gesamte Population des Monarchfalters verschwindend gering sind. Dies liegt vor allem daran, dass sich nur geringe Spuren des Cry1Ab-Proteins im Pollen von MON810 finden, und deswegen selbst Pollenmengen von 1.000 Körnern je Quadratmeter Oberfläche der Futterpflanze nicht ausreichen, um eine Beeinträchtigung der Larven oder gar eine Mortalität zu verursachen (Hellmich *et al.*, 2001). Solch hohe Pollendeckungen werden aber allenfalls direkt im oder am Maisfeld selbst erreicht, nicht aber in der weiteren Umgebung des Maisfeldes, und erst recht nicht in größeren Entfernungen. Dies wurde auch durch Messungen des Pollenflusses im FFH Gebiet „Ruhlsdorfer Bruch“ bestätigt, wo im Abstand von 5 Metern zu einem Maisfeld bis zu 175 und im Abstand von 120 Metern noch 10 Pollenkörner je Quadratmeter gefunden werden konnten (LUA, 2008).

Über die Empfindlichkeit der vielen Schmetterlingsarten gegenüber Cry1Ab gibt es nur wenige Daten. Letztlich lassen sich natürlich nicht alle Arten testen. Das Bundesnaturschutzgesetz verbietet darüber hinaus die Testung mit besonders geschützten Arten. Für diese Fälle lässt sich nur von den besten vorhandenen Daten ausgehen, also von den bislang als empfindlichsten erkannten Arten. Das ist im Falle des Cry1Ab die Kohlmotte *Plutella xylostella*, für die Felke und Langenbruch (2005) zeigen konnten, dass einzelne bis wenige Pollenkörner der Maissorte Bt176 ausreichen, um deutliche Beeinträchtigungen hervorzurufen. Für Pollen von MON810 fanden sie dahingegen, dass 80

Pollenkörner pro Quadratmeter zu keinerlei Beeinträchtigungen führen. In einem Feldversuch zeigten zudem Gathmann *et al.* (2006), dass die Kohlmotte auch dann nicht beeinträchtigt ist, wenn sich ihre Larven auf Futterpflanzen direkt neben MON810-Beständen entwickeln. Hier wurden Pollendeckungen von mehr als 600 Körnern je Quadratmeter dokumentiert.

Zusammenfassend erscheint eine Beeinträchtigung von Schmetterlingspopulationen in der Agrarlandschaft durch MON810 als äusserst unwahrscheinlich.

Ausblick

In Zukunft werden vermehrt gentechnisch veränderte Pflanzen auf den Markt kommen, die mehrere Resistenzmerkmale in sich vereinen. Derzeit werden beispielsweise in den Vereinigten Staaten Sorten auf den Markt gebracht, die resistent sind gegen den Maiszünsler *O. nubilalis* und gegen den Westlichen Maiswurzelbohrer *Diabrotica virgifera virgifera*. Letzterer ist ein aus Mittelamerika stammender Käfer, der ein bedeutender Schädling im Mais ist und sich seit den 90er Jahren stark in Europa ausbreitet.

In zunehmendem Maße werden nun auch in einzelnen Bt-Sorten mehrere verschiedene Bt-Proteine kombiniert, die sich gegen denselben Schädling richten. Oder es werden modifizierte Cry-Proteine genutzt, die stärker gegen bestimmte Schadorganismen wirken sollen.

Alle diese Sorten müssen auf ihre Umweltverträglichkeit im Vorfeld ihrer Zulassung geprüft werden. Die Erkenntnisse, die wir bislang an gentechnisch veränderten Pflanzen gewonnen haben, sind hierbei von großem Nutzen. Dies bedeutet aber keineswegs, dass damit das Urteil „unbedenklich“ für diese zukünftigen Sorten schon gefällt wäre. Vielmehr wissen wir jetzt, worauf geachtet werden muss, wie man wissenschaftlich an die sich auftuenden Fragen herangeht, und wie man mit restlichen Unsicherheiten umgehen kann. Somit bleiben, trotz vieler grundlegender Erkenntnisse, noch Fragen offen, die auch in Zukunft durch unabhängige Biosicherheitsforschung beantwortet werden müssen.

Referenzen

Gathmann A *et al.* (2006) Impact of Bt maize pollen (MON810) on lepidopteran larvae living on accompanying weeds *Mol Ecol* 15: 2677-2685 • Felke, M. & Langenbruch, G.A. (2005) Auswirkungen des Pollens von transgenem Bt-Mais auf ausgewählte Schmetterlingslarven. *BfN-Skripten* 157 www.bfn.de/fileadmin/MDb/documents/skript157.pdf • Hellmich RL *et al.* (2001) Monarch larvae sensitivity to *Bacillus thuringiensis* purified proteins and pollen. *PNAS* 98: 11925-11930 • LUA (2008) Fachbeiträge des Landesumweltamtes, Titelreihe, Heft-Nr. 109, Durchführung eines Pollenmonitorings von Mais im Naturschutzgebiet Ruhlsdorfer Bruch 2007 – Umweltbeobachtung gentechnisch veränderter Kulturpflanzen – www.mluv.brandenburg.de/cms/media.php/2320/fb_109.pdf • Sears MK *et al.* (2001) Impact of Bt corn pollen on monarch butterfly populations: A risk assessment. *PNAS* 98: 11937-11942

Kontakt

Dr. Stefan Rauschen

Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen

E-Mail: rauschen@bio3.rwth-aachen.de

Fütterung von Kühen mit MON810

Gentechnisch modifizierter Mais im Futter verändert die Milch nicht

Kann gentechnisch veränderter Mais bedenkenlos an Tiere verfüttert werden, die uns Lebensmittel liefern? Viele Verbraucher sind hier skeptisch. Nach einem mehr als zweijährigen Langzeit-Fütterungsversuch können Molekularbiologen der Technischen Universität München (TUM) diese Frage jetzt zumindest für Milchkühe beantworten: Der gentechnisch modifizierte Mais MON810 wird demnach von Milchkühen genauso verdaut wie herkömmlicher Mais, es existieren keinerlei Hinweise auf einen Transfer transgener Komponenten in das Lebensmittel Milch.

MON810, dieses Kürzel steht für transgenen Mais: In das Erbgut einer Sorte wurde ein Gen des Bodenbakteriums *Bacillus thuringiensis* eingeschleust, das sog. *cry1Ab*-Gen. Dieses ursprünglich artfremde Gen lässt die Maispflanze ein Protein produzieren, das ihren ärgsten Feind tötet – den auch in Bayern verbreiteten Maiszünsler. Befürworter halten diesen GM-Mais (GM = genetically modified) für eine elegante Art, auf klassische Insektizide zu verzichten. Doch die Gegner sind skeptisch: Sie befürchten, dass das für den Maiszünsler giftige Cry1Ab-Protein auch Mensch und Säugetier schadet. Ein Team um Prof. Heinrich H.D. Meyer vom TUM-Lehrstuhl für Physiologie hat dieses Unbehagen gemeinsam mit Kollegen von der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) ab Mai 2005 zur leitenden Forschungsfrage einer Fütterungsstudie gemacht: Wie wird das Cry1Ab-Protein und die *cry1Ab*-DNA aus transgenem Mais von Milchkühen abgebaut?



Die Kühe der Versuchsgruppe (im Bild) bekamen im Gegensatz zur Vergleichsgruppe gentechnisch modifizierten Mais zu fressen (Foto: Patrick Gürtler / TUM).



Zwei in Anzahl, Alter und Art exakt vergleichbare Milchkühe-Gruppen wurden gefüttert: die Versuchsgruppe (links) mit transgenem Mais, die Vergleichsgruppe (rechts) mit herkömmlichem Mais (Foto: Kerstin Steinke / TUM).

Um das Futter für die Studie vergleichbar zu halten, baute die LfL herkömmlichen und transgenen Mais speziell an – gesondert, doch unter gleichen Bedingungen. Anschließend wurden auf der LfL-Versuchsstation Grub große Mengen des GM-Mais nach einem festgelegten Plan an 18 Milchkühe verfüttert, 25 Monate lang. Parallel dazu bekam eine Kontrollgruppe von weiteren 18 Kühen konventionelles Maisfutter in gleicher Menge. Während der über zweijährigen Fütterungsperiode nahmen die Forscher monatlich Proben von Blut, Milch, Exkrementen sowie wöchentlich vom jeweiligen Futter. Zur Analyse entwickelten sie spezielle DNA-Extraktionsverfahren und eine besonders empfindliche Methode zum Aufspüren des Cry1Ab-Proteins. "Aufgrund dieser Verbesserungen der Methodik konnten wir die Nachweisgrenzen viel niedriger ansetzen als alle Wissenschaftler bisher", betont Prof. Meyer.

Insgesamt haben die Forscher von TUM und LfL über 38.000 Datensätze von 36 Milchkühen ausgewertet. Dabei zeigte sich zunächst: Die verfütterte Maissorte macht in der körperlichen Entwicklung der Tiere keinen Unterschied. Egal, was die Tiere im Langzeit-Experiment fraßen, Milchleistung, Kondition und Gewicht waren bei allen 36 Tieren vergleichbar. Auch bei näherem Hinsehen scheinen Gesundheit und Fruchtbarkeit – getestet anhand diverser Stoffwechselformen und dem Gehalt von Schwangerschaftshormonen – stabil: Trotz der relativ hohen Aufnahme an Cry1Ab-Protein von rund 5,3 mg pro Tag zeigten die mit GM-Mais gefütterten Kühe weder in der Organfunktion noch in der Fruchtbarkeit Unterschiede zur Kontrollgruppe.

Doch kann das Cry1Ab-Protein oder die *cry1Ab*-DNA aus dem gentechnisch veränderten Mais vielleicht in den Organismus der Kuh übertreten – und damit auch in das Lebensmittel Milch? Nein, so die Datenlage: Das Protein ist nicht "stabiler" im Tier als andere Eiweiße, sondern sogar eher leichter verdaulich. Keine der insgesamt 450 Blutproben ergab Hinweise auf einen Transfer der fremden *cry1Ab*-DNA oder des Cry1Ab-Proteins vom GM-Mais zum Tier. Insgesamt 900 Milchproben beider Versuchsgruppen bestätigten den Befund: Die Milch der Kühe war zu keinem Zeitpunkt unterscheidbar, auch nicht mit der derzeit besten Technologie. "Ein Gefährdungspotential von gentechnisch verändertem Mais MON810 in der Verfütterung an Milchkühe ist aus unseren Studienergebnissen nicht ersichtlich" – davon ist Prof. Meyer überzeugt.

Kontakt

Prof. Heinrich H.D. Meyer

Wissenschaftszentrum Weihenstephan

Technische Universität München

Tel. 08161 /71-3508, E-Mail: physio@wzw.tum.de

Über Artgrenzen hinweg

Horizontaler Gentransfer in gepfropften Pflanzen nachgewiesen

Im Obst- und Weinanbau werden Pflanzen gepfropft, um eine hohe Qualität des Ertrags, eine verbesserte Schädlingsresistenz oder eine stabilere Wuchsform zu gewährleisten. Diese traditionelle Züchtungsmethode hat, wie Wissenschaftler am Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam zeigen konnten, überraschende Auswirkungen auf den Genbestand dieser Pflanzen. Sandra Stegemann und Ralph Bock konnten erstmals nachweisen, dass zwischen den Zellen funktionsfähige Gene ausgetauscht werden können. Dies wirft allgemein ein neues Licht auf den Austausch von genetischem Material zwischen Pflanzen.

Joachim Rinder

Tauschen Lebewesen genetische Information außerhalb der geschlechtlichen Fortpflanzung aus, sprechen Wissenschaftler von horizontalem Gentransfer. Solche Übertragungen von Genmaterial konnten nun erstmals bei höheren Pflanzen direkt nachgewiesen werden. In den Versuchen mit genetisch markierten Tabakpflanzen vermischte sich in den Zellen um die Pfropfungsstelle die genetische Information der Pfropfungspartner. Dies ist insofern überraschend, als dass man bisher davon ausging, dass die Pflanzen zwar verwachsen, ihren Genbestand aber separat erhalten. Diese Annahme wurde nun widerlegt, da zumindest Teile der Erbinformation in den Chloroplasten, den Bestandteilen der Pflanzenzelle, die unter anderem für die Photosynthese zuständig sind, zwischen den Zellen an der Pfropfungsstelle ausgetauscht werden können.

Pflanzen enthalten, wie alle Lebewesen, in ihren Zellen Gene, die Merkmale der Zellen und des ganzen Organismus bestimmen. Für den Versuch markierten deswegen die Wissenschaftler Tabakpflanzen entweder in ihrem Kern mit einem zusätzlichen Gen für die Widerstandsfähigkeit gegen ein Antibiotikum oder bauten ein Widerstandsfähigkeits-Gen gegen ein anderes Antibiotikum in

die Chloroplasten ein. Beide Pflanzen wurden anschließend aufeinander gepfropft, wobei einmal die kernmarkierte und ein anderes Mal die chloroplastidär markierte Pflanze die Unterlage bildete. Die jeweils andere Pflanze diente als Pfropfreis, wurde also nach dem Entfernen des Sprossoberteils als neuer Spross aufgesetzt. Nachdem die beiden Pflanzen zusammen gewachsen waren, wurden aus der Pfropfungszone Querschnitte angefertigt, die auf Wachstumsmedium mit beiden Antibiotika gelegt wurden. Das Wachstumsmedium ist in der Lage, pflanzliche Zellen wieder zu neuen Pflanzen aufwachsen zu lassen. Die Antibiotika verhindern dies, da sie die pflanzlichen Zellen normalerweise abtöten.

Da im Pfropfversuch die Resistenzen in zwei getrennten Zellen vorliegen, war zu erwarten, dass immer ein Antibiotikum wirkt und daher alle Pflanzenzellen abgetötet werden. Doch überraschenderweise starben nicht alle Zellen ab. Aus 94 Zellen bei 74 getesteten Pfropfungen entwickelten sich neue Pflanzen, deren Zellen gegen beide Antibiotika resistent waren. Diese erstaunlich hohe Frequenz – mit mehr als einem Übertragungsvorgang pro Pfropfung – legt nahe, dass diese horizontale Genübertragung relativ regelmäßig stattfindet. Molekulare Analysen bestätigten darüber hinaus, dass sich die Gene für die neuen Eigenschaften tatsächlich in neuer Kombination in den Zellen befanden und nicht etwa nur ein resistenzvermittelnder Stoff übertragen wurde.

„Diese Ergebnisse zeigen, dass wir unser Verständnis der klassischen Züchtungsmethoden immer wieder überdenken müssen, und sind erneut ein Hinweis für die Dynamik der genetischen Information und ihrer Evolutionsmechanismen. Die nächsten Schritte werden der Aufklärung der Übertragungsmechanismen der Gene sowie der Untersuchung des horizontalen Gentransfers zwischen unterschiedlichen Pflanzenarten dienen“, sagt Ralph Bock.

Originalpublikation

Stegemann, S. und Bock, R. (2009) Exchange of Genetic Material between Cells in Plant Tissue Grafts. *Science* Vol. 324. no. 5927, pp. 649 – 651. doi:10.1126/science.1170397

Kontakt

Prof. Dr. Ralph Bock

MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie

Tel.: +49 331 567-8700, E-mail: rbock@mpimp-golm.mpg.de



Genübertragung bei engstem Kontakt. Das Bild zeigt eine natürliche „Pfropfung“ zwischen Ahorn (li) und Pappel (re). An solchen Verwachsungsstellen könnte genetisches Material zwischen verschiedenen Pflanzen auch über Artgrenzen hinweg ausgetauscht werden (Foto: MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie).

Gestörte embryo-maternale Kommunikation nach Übertragung von Klonembryonen



Das Klonen durch Kernttransfer bietet die Möglichkeit, für die Tierzucht besonders interessante Genotypen zu replizieren, und stellt damit eine strategisch wichtige Biotechnologie dar. Darüber hinaus bietet das Klonen erstmals die Möglichkeit, gezielte Modifikationen in die Genome von Nutztieren einzuführen. Die Anwendungen dieses Ansatzes konzentrieren sich derzeit vor allem auf die biomedizinische Forschung.

Stefan Bauersachs, Valeri Zakhartchenko, Susanne E. Ulbrich, Horst-Dieter Reichenbach, Myriam Reichenbach, Helmut Blum, Eckhard Wolf

Trotz dieser vielfältigen und wichtigen Anwendungsbereiche und einer Vielzahl von weltweit an dieser Technologie arbeitenden Gruppen ist die Effizienz des Klonens nach wie vor niedrig, was die Anwendung limitiert. Eine Auswertung von umfangreichen Datensätzen zur Effizienz des Klonens in Südamerika und der USA zeigte, dass auch beim Rind, der Tierart mit der bislang höchsten Effizienz des Klonens, weniger als 10% der auf Empfängertiere übertragenen Klonembryonen als lebendes Kalb geboren werden (Panarace *et al.* 2007). Die hohe Verlustrate von Klonembryonen und –föten wird im Allgemeinen auf Störungen der so genannten epigenetischen Reprogrammierung nach dem Transfer des Spenderzellkerns in eine entkernte Eizelle zurückgeführt. Nach diesem Vorgang müssen die Genaktivitätsmuster im übertragenen Zellkern in Richtung Totipotenz verändert werden. Man nimmt an, dass es sich dabei um einen stochastischen Prozess handelt, der nur in wenigen Kernttransferembryonen korrekt abläuft. Trotzdem sind bei Trächtigkeiten nach Kernttransfer bestimmte gemeinsame Störungsmuster zu erkennen. Dabei nehmen strukturelle und funktionelle Veränderungen der Plazenta als Ursache von Aborten geklonter Embryonen und Föten eine führende Rolle ein.

Auf der Basis unserer Arbeiten zu molekularen Mechanismen der embryo-maternalen Kommunikation beim Rind (Bauersachs *et al.* 2006; Klein *et al.* 2006) haben wir uns die Frage gestellt, ob es bei Trächtigkeiten nach dem Transfer von Klonembryonen schon in der frühen Phase zu Abweichungen in der Wechselwirkung mit dem Endometrium kommt. Dabei war es wichtig, die Untersuchung nicht nur auf einen Genotyp von Klonembryonen zu beschränken, um mögliche genetisch bedingte Unterschiede der embryonalen Kommunikation mit der maternalen Umgebung zu berücksichtigen. Daher haben wir den in Abb. 1 dargestellten Untersuchungsansatz gewählt. In der Kontrollgruppe wurden Embryonen übertragen, die durch *in vitro*-Fertilisation (IVF) von Eizellen geschlachteter Kühe und Färsen mit Spermia eines bestimmten Bullen erzeugt wurden. Die Embryonen hatten daher untereinander den Verwandtschaftsgrad von väterlichen Halbgeschwistern. Um eine ähnliche genetische Struktur in der Gruppe der Klonembryonen zu erzeugen, wurden insgesamt sieben verschiedene Kernspenderzelllinien verwendet, die von Rinderföten (Tag 150) gewonnen wurden, welche ihrerseits ebenfalls väterliche Halbgeschwister waren. Je zwei Blastozysten (Tag 8) aus der IVF oder aus dem Kernttransfer wurden auf synchronisierte Empfängertiere übertragen. Diese wurden am Tag 18 geschlachtet, um die Trächtigkeit zu verifizieren (Vorliegen von mindestens einem normal entwickelten Embryo)

und um Gewebeproben aus der Gebärmutter-schleimhaut (Endometrium) für Transkriptomanalysen zu gewinnen. Diese wurden mit einem speziellen cDNA-Array durchgeführt, das im Rahmen des BMBF-Projekts FUGATO-Fertilink entwickelt wurde und etwa 950 Gene beinhaltet, die im Eileiterepithel bzw. im Endometrium während des Zyklus oder in der Frühgravidität differentiell exprimiert werden (Bauersachs *et al.* 2007).

Die Auswertung von Endometrium aus 10 Trächtigkeiten mit IVF-Embryonen sowie 9 Trächtigkeiten aus Kernttransferexperimenten mit zunächst 4 unterschiedlichen Kernspenderzelllinien ergab, dass bei einer Falsch-Positiven-Rate von etwa 5% 58 Gene zwischen den beiden Versuchsgruppen differentiell exprimiert waren (Abb. 2). Diese Ergebnisse wurden für ausgewählte Gene unter Hinzunahme von acht weiteren Trächtigkeiten mit Klonembryonen aus drei zusätzlichen Zelllinien bestätigt. Interessanterweise befanden sich unter den differentiell exprimierten Genen einige Kandidaten, für die wichtige Funktionen bei der Implantation und Entwicklung der Plazenta bereits gezeigt wurden. Dazu gehören beispielsweise das für Connexin 43 kodierende Gen *GJA1* sowie *NR2F2*, dessen Produkt zur *nuclear orphan receptor* Familie (Transkriptionsfaktoren) gehört. Die Expression dieser beiden Gene war im Endometrium von Klonträchtigkeiten signifikant vermindert. Eine Inaktivierung des *Gja1* Gens in den Stroma-Zellen des Endometriums bei der Maus führte zur Unterdrückung der Bildung wichtiger angiogenetischer Faktoren, mit der Folge einer stark reduzierten Angiogenese im Stroma, einer Störung des embryonalen Wachstums und dadurch bedingten Aborten (Laws *et al.* 2008). Mäuse mit einer fehlenden *Nr2f2*-

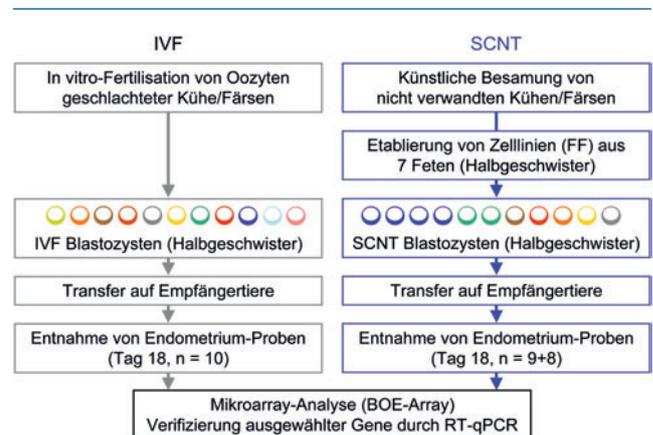


Abb.1 Experimentelles Design zur Untersuchung der maternalen Reaktion auf Klonembryonen im Vergleich zu IVF-Embryonen.

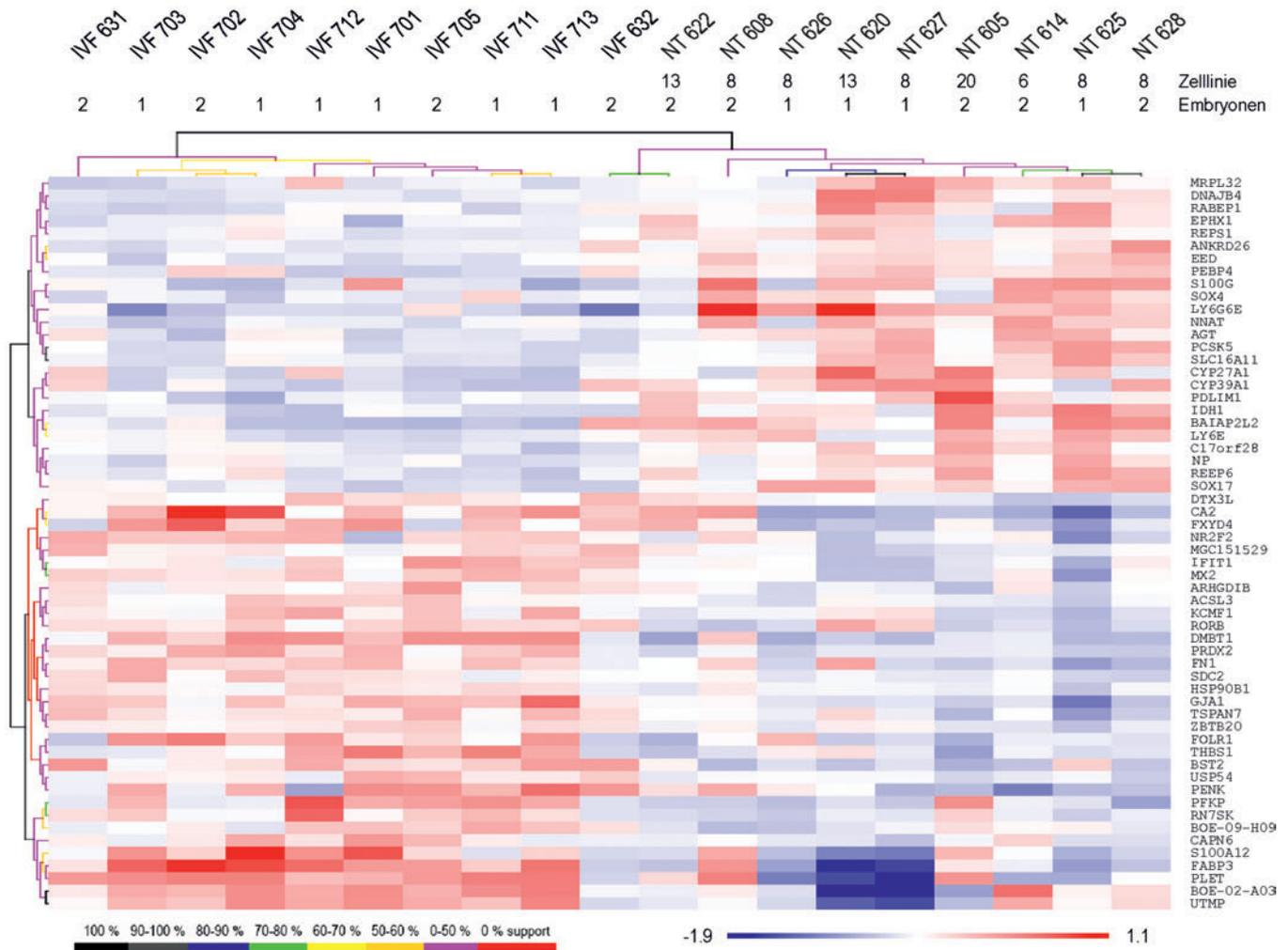


Abb.2 Clusteranalyse basierend auf den differentiell exprimierten Genen. Es wurde eine hierarchische Clusteranalyse der relativen Expressionswerte (bezogen auf die durchschnittliche Expression aller Proben) der signifikanten Gene durchgeführt (HCL support tree, Pearson correlation, MultiExperiment Viewer 4.0). Die Verzweigungen wurden mit 100 Wiederholungen berechnet. Die Wiederfindungsrate der Verzweigungen ist farblich kodiert (siehe Legende). Weiterhin sind die Nummer der ursprünglichen Spenderzelllinie und die Anzahl an am Tag 18 identifizierten Concepti angegeben.

Expression im Uterus sind aufgrund einer Implantationsstörung steril (Kurihara *et al.* 2007; Petit *et al.* 2007). Eine reduzierte Fruchtbarkeit wurde auch in heterozygot *Nr2f2*-mutanten Mäusen beobachtet (Takamoto *et al.* 2005). Dies legt nahe, dass die im Endometrium von Klontrchtigkeiten beobachtete reduzierte Expression von *NR2F2* funktionell relevant ist.

Unsere Ergebnisse zeigen erstmals, dass die Ursachen placentärer Veränderungen bei Trächtigkeiten mit Klonembryonen ihren Ursprung möglicherweise bereits vor der Implantation haben. Genexpressionsmuster im Endometrium könnten möglicherweise einen frühen Parameter zur Entwicklungskapazität transferierter Klonembryonen darstellen.

Referenzen

Bauersachs *et al.* (2007) Bovine Oviduct and Endometrium Array Version 1: A Tailored Tool for Studying Bovine Endometrium Biology and Pathophysiology. *J. Dairy Sci.* 90:4420-4423 • Bauersachs *et al.* (2006) Embryo-induced transcriptome changes in bovine endometrium reveal species-specific and common molecular markers of uterine receptivity. *Reproduction* 132:319-331 • Klein *et al.* (2006) Monozygotic twin model reveals novel embryo-indu-

ced transcriptome changes of bovine endometrium in the pre-attachment period. *Biol. Reprod.* 74:253-264 • Kurihara *et al.* (2007) COUP-TFII Mediates Progesterone Regulation of Uterine Implantation by Controlling ER Activity. *PLoS Genetics* 3:e102 1053-1064 • Laws *et al.* (2008) Gap junction communication between uterine stromal cells plays a critical role in pregnancy-associated neovascularization and embryo survival. *Development* 135:2659-2668 • Panarace *et al.* (2007) How healthy are clones and their progeny: 5 years of field experience. *Theriogenology* 67:142-151 • Petit *et al.* (2007) Deletion of the orphan nuclear receptor COUP-TFII in uterus leads to placental deficiency. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104:6293-6298 • Takamoto *et al.* (2005) Haploinsufficiency of Chicken Ovalbumin Upstream Promoter Transcription Factor II in Female Reproduction. *Mol. Endocrinol.* 19:2299-2308.

Gefördert durch die DFG (FOR 478 „Mechanismen der embryo-maternalen Kommunikation“) und durch das BMBF (FUGATO-Fertilink; FUGATOplus-Compendium)

Kontakt

Eckhard Wolf
Genzentrum der LMU München
ewolf@lmb.uni-muenchen.de



Foto: FBN Dummerstorf

Der Schlüssel aller Gene

Die Entschlüsselung des Rindergenoms

Erstmals ist es einem internationalen Forscherteam aus 300 Wissenschaftlern in 25 Ländern unter der Führung des Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing (Texas, USA) gelungen, das Erbgut von Rindern vollständig zu entschlüsseln.

Mit im Team waren ebenfalls Dr. Rosemarie Weikard und Annette Eberlein aus der Arbeitsgruppe um Dr. Christa Kühn, Forschungsbereich Molekularbiologie des Forschungsinstitutes für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) in Dummerstorf, das bundesweit als einzige Einrichtung im Bereich der Nutztierforschung daran mitwirkte. Die Entschlüsselung der Genstruktur des Rindergenoms war das Ziel, auf das die internationale Initiative während ihrer sechsjährigen Forschungsarbeit hinarbeitete. Die Arbeitsgruppe am FBN, die an der Aufklärung der molekularen Ursachen für Milchleistung, Fleischqualität, Krankheitsresistenz und Futtermittelverwertung beim Rind forscht, steuerte dafür aus verschiedenen Forschungsprojekten gewonnene Daten, unter anderem über Gene des Fettstoffwechsels und Gene aus sogenannten "gene deserts" (Genwüsten) bei.

Wesentlicher Bestandteil der Ergebnisse ist, dass das Rindergenom rund 22.000 Gene umfasst, wovon etwa 80 Prozent dieser

Gene auch bei anderen Säugetierarten vorkommen. In diesem Zusammenhang wurde anhand eines Genomvergleiches deutlich, dass das Rindergenom dem menschlichen Erbgut wesentlich ähnlicher ist als dem Erbgut von Mäusen oder Ratten. Allerdings weist das Rindergenom auch Unterschiede in seiner Architektur im Vergleich zum Erbgut anderer Säugetiere auf.

Durch die Identifizierung von für das Immunsystem, die Milchbildung und die Verdauung bedeutsamen, evolutionsbedingten spezies-spezifische Genvariationen, soll das Verständnis der Biologie und Evolution von Säugetieren vertieft und neue Erkenntnisse zur Verbesserung der Fleisch- und Milchproduktion gewonnen werden. Auch könnte das gewonnene Wissen darüber, dass beispielsweise Rinder im Vergleich zum Menschen mehr Schutzgene gegenüber Krankheitserregern entwickeln, nicht nur eine bedeutsame Rolle bei der Züchtung krankheitsresistenter Tiere einnehmen, sondern auch von großer Bedeutung bei der Erforschung menschlicher Krankheiten sein.

Das Wissen um die Struktur des Rindergenoms und dessen Variabilität, welches ein Meilenstein in der Tiergenetik darstellt, kann in der Tierzucht gezielt zur Selektion genetisch vorteilhafter Milch- und Fleischrinder, die zum Beispiel eine verbesserte Futtermittelverwertung aufweisen oder weniger anfällig gegenüber Krankheitserregern sind, genutzt werden. Das ist letztendlich auch eine Voraussetzung für eine weltweit nachhaltige Erzeugung von Nahrungsmitteln.

Kontakt:

Dr. Rosemarie Weikard, Dr. Norbert K. Borowy
 Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher
 Nutztiere (FBN), Dummerstorf
www.fbn-dummerstorf.de

Hyperaktives »Dornröschen« als herausragendes Werkzeug für die Gen- und Genomforschung



Das springende Gen „Dornröschen“ erlaubt mit nie dagewesener Effizienz, Gene in Zellen einzuschleusen – sicherer, leichter und günstiger als jede bisherige Methode der Gentherapie.

Zoltán Ivics und Zsuzsanna Izsvák

Springende Gene als Werkzeuge in der Genetik

Transposons ("springende Gene") sind Stücke von DNA, die sich selbstständig im Genom fortbewegen und vervielfältigen können. Transposons wurden in den 1940er Jahren in Maispflanzen durch Barbara McClintock entdeckt, die später für ihre Entdeckung den Nobelpreis erhielt. Seitdem sind Transposons in allen untersuchten Lebewesen gefunden worden. Die springenden Gene pflanzen sich selbst im Genom ihres Wirtes fort und sind damit Parasiten auf molekularer Ebene. Gleichzeitig ermöglichen sie eine gesteigerte Wandlungsfähigkeit des Genoms, die eindeutig zur Evolution der Gene quer durch alle Arten von Lebewesen beigetragen hat. Fast die Hälfte des menschlichen Genoms besteht aus DNA, die von alten Transposons stammt. Auch wenn diese Zahl schockierend scheint – die Anzahl der Transposons, die auch tatsächlich springen können, ist im Menschen sehr gering.

Man kann Transposons als natürliche Vehikel sehen, die ein bestimmtes Stück DNA von einem Ort im Genom an einen anderen transportieren können. Genau deshalb kann man sie als Werk-

zeug in der Genetik einsetzen. Es ist Millionen von Jahren her, dass Transposons die DNA von Wirbeltieren besiedelt haben und im Laufe der Zeit haben sich in den springenden Genen Mutationen angesammelt, die sie inaktivierten. Ausgehend von Transposons im Fisch, die wahrscheinlich vor 20 Millionen Jahren aktiv waren, haben wir 1997 ein altes Transposon wiederhergestellt. Wir haben es nach dem berühmten Brüder-Grimm Märchen "Dornröschen" genannt, denn es ist buchstäblich nach einem langen evolutionären Schlaf wiedererweckt worden. Dornröschen war das allererste Transposon, mit dem der effiziente Transfer von Genen in Säugetierzellen gezeigt werden konnte. Das hat vollkommen neue Möglichkeiten für genetische Manipulationen in Tiermodellen und auch für die humane Gentherapie eröffnet.

Im Gegensatz zu Viren (die alternativ für die humane Gentherapie eingesetzt werden, jedoch Gefahren bergen; s.u.) sind Transposons nicht infektiös und ihre Aktivität bleibt auf den Raum innerhalb der Zelle beschränkt. Wegen dieser Einschränkung müssen Transposons mit der Wirtszelle koexistieren um zu über-

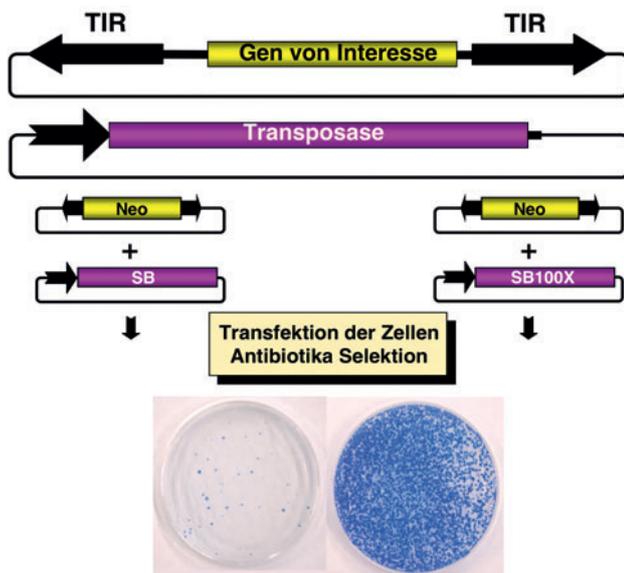


Abb. 1. Das Sleeping Beauty Gentransfer-System und die Aktivität der hyperaktiven Transposase in humanen Zellen. Die Zellen überleben die Selektion mit Antibiotika nur, wenn ein Marker durch die Transposition stabil in ihre Chromosomen integriert ist. Die neue, hyperaktive Transposase generiert weit mehr Kolonien (rechts) in der Petrischale, als die zuvor rekonstruierte Transposase (links).

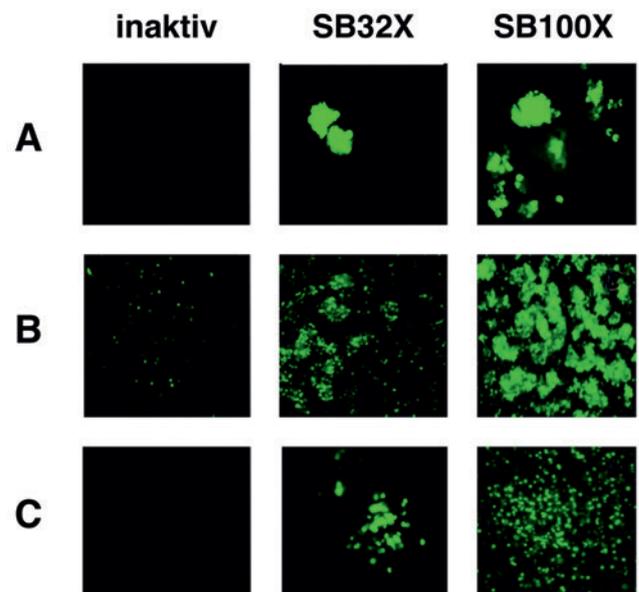


Abb. 2. Stabiler Gentransfer und Expression von grün fluoreszierendem Protein (GFP, als Marker eingesetzt) in differenzierenden humanen Blut-Stammzelllinien (A-C). Die Zellen erscheinen nur grün, wenn der Marker durch die Transposition stabil in ihre Chromosomen integriert ist. Die neue, hyperaktive Transposase (SB100X, Sleeping Beauty 100-fach) generiert weit mehr Kolonien in der Petrischale, als eine zuvor rekonstruierte Transposase (SB32X).

leben. Um also dem Wirt nicht übermäßig zu schaden und die Mutagenese von essentiellen Genen zu vermeiden, wurden Transposons in der Natur nicht auf ihre maximale Aktivität hin selektioniert. Es war daher wahrscheinlich, dass das rekonstruierte Dornröschen-Transposon zunächst nicht mit seiner größtmöglichen Aktivität wiederhergestellt wurde. Obwohl es sich für viele Anwendungen in der Genetik als nützlich erwiesen hat, ist die Effizienz in manchen Zelltypen, wie zum Beispiel in Stammzellen, tatsächlich recht eingeschränkt.

Hundertfache Steigerung von Dornröschens Aktivität

Das Dornröschen-Transposon hat zwei Komponenten: ein Stück Transposon-DNA flankiert das Gen, das in die DNA der Empfängerzelle eingebaut werden soll; die zweite Komponente ist das Transposase-Protein, das Enzym, das das Stück DNA mobilisiert und einbaut (Abb. 1). Es war bekannt, dass der Austausch bestimmter Aminosäuren im Transposase-Protein zu Hyperaktivität, d.h. zu einer erhöhten Aktivität des Enzyms führt. Die Verbesserungen, die in früheren Jahren erzielt wurden, waren aber sehr moderat. Wir haben 40 verschiedene Aminosäure-Mutationen protokolliert, die im Transposase-Protein jeweils zu gesteigerter Aktivität geführt haben, und vermutet, dass die Kombination dieser Varianten ein ganz besonders hoch aktives Enzym hervorbringen würde. Die richtige der Millionen möglichen Kombinationen dieser Aminosäure-Mutationen zu erraten, ist allerdings so schwierig wie die richtige Kombination im Lotto zu tippen. Also haben wir eine große Bibliothek von Transposase-Enzymen gesammelt, von denen jedes verschiedene Kombinationen der hyperaktiven Aminosäure-Mutationen trägt, und haben die Enzyme in humanen Zellen in Zellkultur getestet (Abb. 1). Auf diese Weise haben wir eine extrem leistungsstarke Variante von Dornröschen identifiziert, die 100-mal effizienter Gene in das Genom eines Empfängers einbaut als das ursprünglich von uns rekonstruierte Enzym!

Wir haben Effizienz und Verhalten der neu entwickelten Transposase in einem für die humane Gentherapie relevanten Szenario untersucht: das Transposon-System wurde in Blutstammzellen eingeschleust, die häufig die Zellen sind, die für die Therapie von Immundefizienzen und anderen genetischen Erkrankungen manipuliert werden sollen. Bisher haben Wissenschaftler für den Transfer von Genen partiell defekte Viren verwendet, die aber Sicherheitsrisiken mit sich bringen wie zum Beispiel Komplikationen durch eine Immunabwehr des Patienten. Wir haben jetzt in Zusammenarbeit mit einer Forschergruppe in Leuven (Belgien) zeigen können, dass das hyperaktive Dornröschen herausragend effizient Gene in Blutstammzellen einbringen kann (Abb. 2) und zwar mit weniger Sicherheitsrisiken als virale Vehikel. Dornröschen ist in den USA bereits auf dem Weg in die erste klinische Phase für eine Gentherapie an Krebspatienten.

Wir hoffen, dass unser neues Werkzeug die neue Standardmethode zur Einführung von Genen in Zellen von Säugetieren wird. Eine unmittelbare Anwendung der Transposon-Technologie ist die genetische Manipulation der Keimbahn von Versuchstieren. Weltweit können Einrichtungen, die auf die Erzeugung genmanipulierter Tiere für Forschungszwecke spezialisiert sind, ihre Protokolle umstellen und Transposon-Genvehikel für die hocheffiziente und zuverlässige Zeugung ihrer Tierbestände verwenden.

Darüber hinaus kann das neue, hyperaktive Dornröschen-System die klinische Umsetzung von *ex vivo*- und *in vivo*-Gentherapien am Menschen fördern. Unser Fortschritt macht außerdem die Erstellung ganzer Bibliotheken mutagener Versuchstiere realistisch, so dass neue Tiermodelle humaner Erkrankungen für therapeutische und pharmazeutische Tests etabliert werden können.

Referenz

Ivics Z et al. (1997) *Molecular reconstruction of Sleeping Beauty, a Tc1-like transposon from fish, and its transposition in human cells. Cell.* 91(4):501-510. DOI:10.1016/S0092-8674(00)80436-5

• Mátés L et al. (2009) *Molecular evolution of a novel hyperactive Sleeping Beauty transposase enables robust stable gene transfer in vertebrates. Nat Genet.* 41(6):753-761. Epub 2009 May 3. DOI: 10.1038/ng.343

Kontakt

Zoltán Ivics

Max Delbrück Center for Molecular Medicine, Berlin

E-Mail: zivics@mdc-berlin.de



**Wir laden herzlich ein:
2. Jahrestagung von NGFN-Plus
und NGFN-Transfer im Programm
der Medizinischen Genomforschung**
vom 26. bis 28. November 2009 in Berlin

Das Programm bringt die wissenschaftliche Exzellenz in der medizinischen Genomforschung zusammen: Die Themen *Genomics of Common Disease, Genomics of Sporadic Cancer, Animal, Cellular & Tissue Models, Systems Biology, New Technologies* und *Transfer from Genomics to Application* werden in Symposia, Keynote Vorträgen internationaler Experten und in Poster Ausstellungen behandelt.

Weitere wissenschaftliche Höhepunkte bilden der große Abendvortrag und Workshops zu den aktuellen Themen *Next-Generation Sequencing* und *Epigenetic Regulation*. Die neuesten technologischen Entwicklungen werden auf einer Industrieausstellung und in Lunch 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/2009

Treffen

German Symposium on Systems Biology 2009: Deutsche und internationale Wissenschaftler diskutierten in Heidelberg neueste Ergebnisse systembiologischer Forschung

Ulrike Conrad, Jan Eufinger, Klaus-Peter Michel, Angela Oberthür und Roland Eils

Vom 12. bis 15. Mai 2009 nahmen über 500 Wissenschaftler aus dem In- und Ausland in der Stadthalle Heidelberg am **German Symposium on Systems Biology 2009** teil. Das von einem hochkarätig besetzten Programmkomitee unter der Leitung von Professor Roland Eils initiierte Symposium hatte das Ziel, erstmalig die gesamte Community der deutschen Systembiologen mit renommierten Kollegen aus dem europäischen Ausland und Nordamerika zusammenzubringen.

Mit der Durchführung und Organisation der Veranstaltung waren die Geschäftsstellen der größten deutschen Systembiologieverbünde, die "Helmholtz-Allianz Systembiologie" und die "FORSYS-Initiative (Forschungseinheiten der Systembiologie)", betraut. Unterstützt wurden sie hierbei durch die Forschungsnetzwerke ENFIN, HepatoSys, SysMO und QuantPro. Gefördert wurde das Treffen durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), die Helmholtz-Gemeinschaft und den Projekt-

träger Jülich (PTJ). Professor Eils, Leiter der Abteilung Theoretische Bioinformatik am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) Heidelberg, Abteilungsleiter am Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie (IPMB) und Gründungsdirektor des BioQuant-Zentrums der Universität Heidelberg, gelang es mit seinem Team eine wissenschaftlich exzellente Konferenz auszurichten. Neben Wissenschaftlern aus den deutschen Systembiologieinitiativen nahmen auch zahlreiche internationale Wissenschaftler an der Veranstaltung teil.

Übergreifendes Ziel der Systembiologie ist es, komplexe biologische Vorgänge auf der Basis detaillierter, nicht mehr intuitiv zu erfassenden experimentellen Daten in mathematischen Modellen nachzubilden. Hierdurch können z. B. die Ursachen komplexer Krankheiten, wie Krebs oder Erkrankungen des Herz-Kreislauf- und Nervensystems umfassender beschrieben und verstanden werden, um in der Folge zur Entwicklung neuer Therapien



Professor Roland Eils begrüßte als Sprecher des Programm-Komitees und Organisator des „German Symposium on Systems Biology 2009“ über 500 Gäste in der Heidelberger Stadthalle.



Professor Peter Sorger von der Harvard Medical School in Boston erläuterte in seinem Vortrag neueste Ergebnisse, wie unterschiedlich Zellen auf Zelltod auslösende Signale reagieren können.

genutzt zu werden. Zur Erreichung dieses Ziels ist eine enge interdisziplinäre Kooperation zwischen experimentellen und theoretisch arbeitenden Forschungsgruppen erforderlich. Deutschland ist, neben den USA und Japan, eine der führenden Nationen in diesem innovativen Forschungsbereich, der vom BMBF seit 2001 konsequent gefördert wird.

Während des viertägigen Symposiums hatten die Teilnehmer Gelegenheit, sich in ihrem Fachgebiet auf höchstem wissenschaftlichem Niveau auszutauschen. Die Tagung wurde regen genutzt, um neue Kooperationen ins Leben zu rufen und den mehr als 50 exzellenten Vorträgen, davon zehn von angesehenen internationalen Key-Note Rednern, zu folgen. Insbesondere erfolgreiche Nachwuchswissenschaftler hatten Gelegenheit, sich selbst, ihre Gruppen sowie ihre Ergebnisse zu präsentieren. Im Rahmen der Vorträge und der Postersessions mit über 240 wissenschaftlichen Postern wurde dargestellt, wie die Systembiologie bei der Erforschung von Krebserkrankungen, Erkrankungen des Immun- und Nervensystems und viralen Infektionen durch die Kombination von Experiment und mathematischen Computermodellen neue Erkenntnisse liefert. Ein zentrales Thema war dabei immer wieder die Erstellung von Computermodellen zur Funktion essentieller zellulärer Signalwege und wie sich die Modelle nutzen lassen können, um Störungen dieser Wege zu erkennen und daraus neue Therapiemöglichkeiten abzuleiten.

Neben medizinisch orientierten Forschungsansätzen wurde die Anwendung der Systembiologie in den Pflanzenwissenschaften diskutiert, und es wurden neueste Technologie- und Methodenentwicklungen vorgestellt. In einer Session zur synthetischen Biologie wurde ein Ausblick gegeben, wie die Kombination von Systembiologie mit ingenieurwissenschaftlichen Ansätzen dazu genutzt werden kann, Organismen zielgerichtet zu programmieren, so dass diese in der Lage sind, gewünschte Aufgaben zu erfüllen.

Die erfolgversprechende Vernetzung der Disziplinen Biologie, Medizin, Physik, Mathematik und Informatik spiegelte sich in herausragender Weise auf dieser Konferenz wieder. So konnte



Im Rahmen der Konferenz wurden Ergebnisse auf über 240 wissenschaftlichen Postern präsentiert und diskutiert. Bemerkenswert war vor allem die hohe Beteiligung von Doktoranden und Studierenden an der Konferenz.

Peter Sorger, Professor für Systembiologie an der Harvard Medical School in Boston, in seinem Eröffnungsvortrag anschaulich darstellen, wie mathematische Modelle zelluläre Mechanismen erklären, mit denen Krebszellen dem natürlichen Selbstmordprogramm von Körperzellen, der sogenannten Apoptose, entgehen können. Professor Sorger und seine Kollegen konnten in einer Kombination aus Experimenten und mathematischer Modellierung zeigen, dass die unterschiedliche Reaktion menschlicher Zellen auf ein Selbstmord-auslösendes Signal nicht genetisch festgelegt ist, sondern vielmehr durch zufällige Schwankungen im Zustand einzelner Zellen bedingt ist. Diese Feststellung hat wichtige Auswirkungen auf die mögliche Anwendung von Zell-tod stimulierenden Agenzien in der Krebsbekämpfung. **Fabio Piano**, Professor für Biologie an der Universität New York, erläuterte in seinem Vortrag anhand seiner Forschungsarbeiten am Fadenwurm *Caenorhabditis elegans*, einem Modellorganismus der eukaryotischen Zell- und Molekularbiologie, die molekularen Vorgänge während der frühen Embryonalentwicklung. Mit dem Bakterium *Mycoplasma pneumoniae* stellte Professor **Luis Serrano** vom Center of Genomic Regulation in Barcelona einen neuen Modellorganismus für die systembiologische Analyse an Mikroorganismen und die synthetische Biologie vor. Anhand dieses sehr einfachen Organismus soll zum ersten Mal versucht werden, mit allen heute zur Verfügung stehenden Technologien und Methoden ein umfassendes, modellbasiertes Verständnis eines gesamten Organismus zu erlangen. Das internationale Konsortium ist der Meinung, bereits 90% der erforderlichen Daten generiert zu haben, jedoch nur maximal 10% des Wissens über die komplexen Prozesse in diesem Organismus erreicht zu haben. Professor **Uwe Sauer** von der ETH Zürich stellte in seinem Tagungsbeitrag eindrücklich vor, wie komplexe Transkriptionsnetzwerke den mikrobiellen Stoffwechsel kontrollieren.

Besonders erfreulich war die große Zahl an Studenten und Doktoranden der Systembiologie, die neben den etablierten Wissenschaftlern die Gelegenheit wahrnahmen, sich während der Konferenz und den im Umfeld stattfindenden Workshops zur Systembiologie des Zelltodes über den aktuellen Forschungsstand zu informieren. Die Teilnahme von Doktoranden wurde auch durch die Vergabe von 50 Stipendien zur kostenlosen Teilnahme unterstützt. Aus den mehr als 240 teilnehmenden Posterbeiträgen wurde die Nachwuchswissenschaftlerin Dr. Lorenza d'Alessandro (DKFZ Heidelberg) für ihr Poster zur Rolle von Wachstumsfaktoren in Leberzellen mit dem Posterpreis in Form einer hochwertigen Digitalkamera ausgezeichnet. Unmittelbar vor dem Beginn der Konferenz fand auch das „Kick-Off“-Treffen für die neue BMBF-Fördermaßnahme „Medizinische Systembiologie – MedSys“ am DKFZ statt. Mit dieser Initiative fördert das BMBF gezielt den Transfer von Erkenntnissen der systembiologisch-orientierten Grundlagenforschung in klinische Anwendungen.

Nach dieser gelungenen Veranstaltung ist die Weiterführung einer in Zukunft regelmäßig stattfindenden Systembiologie-Konferenz mit internationaler Beteiligung geplant. Heidelberg ist außerdem im Jahr 2011 Ausrichter der **International Conference on Systems Biology (ICSB)**, bei der die deutschen Wissenschaftler erneut die Gelegenheit haben werden, sich bei dieser renommiertesten Systembiologiekonferenz weltweit im internationalen Umfeld über ihre Forschungsergebnisse auszutauschen.

ERA-NET PathoGenoMics: Vom Labor in die Klinik



ERA-NET
PathoGenoMics

Dank moderner Technologien in der Genom-, Proteom- und Stoffwechselforschung lassen sich potenzielle therapeutische Angriffspunkte im Kampf gegen Infektionskrankheiten immer besser aufspüren. Das wurde auf dem jüngsten Statusseminar des transnationalen Netzwerks ERA-NET PathoGenoMics deutlich, das vom 11. bis 13. Mai in der Villa Vigoni in Italien mit rund 60 europäischen Experten aus der Pathogenomik stattfand.

Schwerpunkt der Konferenz bildete die Vorstellung der neuen transnationalen Konsortien aus acht Partnerländern (Deutschland, Österreich, Finnland, Frankreich, Ungarn, Portugal, Slowenien und Spanien), die in diesem Jahr unter dem Dach des ERA-NET ihre Arbeit aufgenommen haben. Dabei konzentrieren sich die 13 Verbünde inhaltlich auf ganz unterschiedliche Gruppen von krankheitsauslösenden Mikroorganismen. Die Palette reicht von Bakterien der Gattungen *Neisseria*, *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Helicobacter*, *Escherichia*, *Streptococcus* oder *Chlamydia* und geht bis hin zu Pilzen der Gattung *Aspergillus*.

Ob Bakterien oder Pilze als Krankheitsauslöser – die Forscher eint die Suche nach neuen Therapien oder Diagnostika. Dieser Anwendungsfokus war auch das explizite Ziel dieser zweiten För-

derrunde, für die die Partnerländer in den kommenden drei Jahren insgesamt 17 Millionen Euro zur Verfügung stellen. „In der Pathogenomik arbeiten Grundlagenforscher noch viel zu oft unter sich. Dabei ist der Kontakt mit Klinikern und Unternehmen enorm wichtig. Nur so gelingt es uns, die Ergebnisse vom Labor bis zum Patienten zu bringen“, betonte Julio Barbas, der für das spanische Ministerium für Wissenschaft und Innovation vor Ort an der Konferenz teilnahm. „Wir freuen uns sehr, dass sich etliche Konsortien gezielt in dieser Richtung aufgestellt haben“, so Marion Karrasch, Koordinatorin des ERA-NET PathoGenoMics beim Projektträger Jülich.

Zu den geförderten Projekten gehört beispielsweise ein von der Universität Würzburg koordiniertes Konsortium, das gemeinsam mit dem Pharmaunternehmen GlaxoSmithKline daran arbeitet, die Basis für neue Impfstoffe gegen Infektionen mit dem Bakterium *Neisseria meningitidis* zu legen. Ein von der Universität Jena geleiteter Verbund kooperiert wiederum mit der Pharmaindustrie, um Gründe für Arzneimittelresistenzen des Schimmelpilzes *Aspergillus fumigatus* aufzuklären. „Alle Projekte der zweiten Runde verfolgen vielversprechende Ansätze und wir freuen uns schon jetzt auf spannende Ergebnisse“, sagte Guido Grandi von Novartis Vaccines, einer der Experten im wissenschaftlichen Beirat des ERA-NET PathoGenoMics.



Teilnehmer des ERA-NET PathoGenoMics Statusseminars in Lovenjo di Menaggio, Italien.

FUGATO – STATUSSEMINAR 2009



Vom 14. bis 15. Oktober 2009 veranstaltet das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) das zweite **FUGATO-Statusseminar** in Kassel. Ziel der Veranstaltung ist es, die ersten Zwischenergebnisse der im letzten Jahr angelaufenen **FUGATO-plus**-Projekte vorzustellen und gemeinsam zu diskutieren. Darüber hinaus soll das Statusseminar die Kontakte zwischen den FUGATO-Partnern aus Wissenschaft und Wirtschaft stärken und intensivieren.

Wie im vergangenen Jahr werden alle über FUGATO angestellten WissenschaftlerInnen, die jeweiligen ProjektleiterInnen, der Wissenschaftliche Beirat FUGATO sowie der Industrieverbund FUGATO e.V. (IVF) und der Förderverein Biotechnologieforschung e.V. (FBF) eingeladen sein. Als Gäste hoffen wir darüber hinaus Vertreter des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) und der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) begrüßen zu können.

Die offiziellen Einladungen werden im Sommer 2009 an die FUGATO-Community gesendet. Nähere Informationen finden Sie in Kürze auch unter www.fugato-sekretariat.de/

Kontakt FUGATO-Sekretariat Dr. Janet Schmidtko, Adenauerallee 174, D-53113 Bonn
Tel.: +49 (0)228 91447-61, Fax: +49 (0)228 91447-66, Email: jschmidtko@fugato-sekretariat.de

Pflanzen-Phänotypisierung – das neue heiße Thema der Pflanzenforschung

Erstes Symposium zur Pflanzen-Phänotypisierung in Canberra, Australien

Als Phänotypisierung bezeichnet man allgemein die Aufnahme und Beschreibung von Pflanzeigenschaften. Die Definition klingt sehr einfach, jedoch ist es überhaupt nicht trivial, viele der Pflanzeigenschaften zu bestimmen, ohne dabei die Pflanze zu zerstören. Genau dies ist aber Ziel, Pflanzeigenschaften nicht-destruktiv, also an der intakten Pflanze, zu messen. Hinzu kommt das Problem, dass die Wurzel zwar ein wichtiger Teil der Pflanze ist, jedoch leider in der Erde wächst und daher mit normalen Mitteln nicht zu sehen ist. Phänotypisierung ist dabei kein Selbstzweck der Wissenschaft, sondern hat ein wichtiges Anwendungspotential in der Pflanzenzüchtung. So ist es für Pflanzzüchter mühsam und sehr zeitaufwändig, das Wachstum von Pflanzen nach einem standardisierten Schema zu messen, das sogenannte Bonitieren. So hat beispielsweise die BASF-Tochter Crop-Design in Gent (Belgien) eine Anlage zu automatisierten und standardisierten Untersuchung von Reispflanzen etabliert (s. Abbildungen).

Zum ersten Symposium zur Pflanzen Phänotypisierung lud die Commonwealth Scientific and Research Organization (CSIRO) nach Canberra ins ferne Australien ein. Statt der erwarteten 100 Wissenschaftler kamen über 150 interessierte Forscher in die Australische Hauptstadt, um neueste Resultate aus diesem heißen Feld zu diskutieren. In 19 Vorträgen wurden die vielfältigen Facetten der Pflanzen-Phänotypisierung vorgestellt und diskutiert.

Mark Tester von der University of Adelaide stellte ein Verfahren vor, bei dem überirdische Pflanzenteile fotografisch vermessen werden. Hierzu werden die Pflanzen aus drei definierten Winkeln fotografiert. Anschließend erkennt eine spezielle Software die Pflanzenteile und kann dann verschiedenste Parameter hieraus berechnen. Es lassen sich nicht nur die Blattfläche – und damit die Biomasse – bestimmen, sondern es ist auch möglich, z.B. Verfärbungen ins Gelbliche zu quantifizieren. In Adelaide werden mit diesem System Gerstenpflanzen vermessen, die verschiedenen Abstufungen eines Salzstresses unterzogen werden. Es werden möglichst viele verschiedene Gerstensorten auf Salztoleranz untersucht. Die identifizierten Sorten werden später in ein Züchtungsprogramm einfließen.



Hochdurchsatz-Phänotypisierung von Reis bei CropDesign in Gent. Ein Fließband befördert jede Reispflanze einmal pro Woche in eine Fotokammer (links). Hier wird sie automatisch mit Digital-kameras von allen Seiten und von unten fotografiert (rechts). Die daraus gesammelten Daten werden in einem speziellen Datenbanksystem gespeichert (Fotos: Copyright by BASF).

Darius Culvenor von der Commonwealth Scientific and Research Organisation stellte ein neues Verfahren zur Vermessung von Waldbäumen vor. Das von CSIRO entwickelte System ECHIDNA basiert auf der sogenannten LIDAR Technik. LIDAR steht für Light Detection and Ranging, in Anlehnung an die RADAR (Radio Detection and Ranging) Methode. In diesem Fall werden Laserlichtimpulse ausgesandt und die Reflektion des Lasers von Blättern und Stämmen empfangen. Das Gerät wird während der Messung um 360° gedreht, sodass eine ganze Baumgruppe erfasst werden kann. Die empfangenen Signale werden verrechnet und können sowohl optisch ausgegeben werden, aber auch zur Berechnung von Blattflächen genutzt werden.

Einen tiefen Einblick in intakte Wurzeln stellte Ulrich Schurr vom Forschungszentrum Jülich vor. Unter Nutzung der Kernspinresonanzspektroskopie werden in Jülich die Wurzeln von intakten ganzen Pflanzen sichtbar gemacht. Mit dieser Methode ist es jedoch nicht nur möglich, die Wurzeln in der Erde zu visualisieren, sondern es können auch Transportvorgänge in der Wurzel sichtbar gemacht werden.



Hierzu nutzt man Substanzen, die mit Isotopen entweder vom Kohlenstoff (^{13}C) oder Stickstoff (^{15}N) markiert wurden. Setzt man beispielsweise mit einem solchartig markierten Zucker einen Puls, so lässt sich der Transport des Zuckers in die Wurzel genau verfolgen.

Bereits heute wird die automatisierte Pflanzen-Phänotypisierung weltweit eingesetzt. Einige Methoden stehen noch am Anfang der Nutzung, andere Techniken werden schon von Züchtungsfirmen eingesetzt.

Nach zweieinhalb hoch interessanten Tagen kam es zu einer intensiven Diskussion. An deren Ende stand die Gründung der „Internationalen Pflanzen Phänotypisierungs Initiative“. Das nächste Internationale Symposium für Pflanzen Phänotypisierung wird 2010 in Jülich stattfinden.

Veranstaltungen auf einen Blick

2009

18.07.-22.07.2009

Plant Biology 2009

Honolulu, Hawaii, USA

www.aspb.org/meetings/pb-2009/

19.07.-23.07.2009

XIVth ISAH Congress 2009 International Society for Animal Hygiene

Vechta, Deutschland

<http://isah2009.info/>

21.07.-25.07.2009

Tropical Crop Biotechnology Conference 2009

Hazyview, Südafrika

www.tcbc2009.com/

24.08.-27.08.2009

60th Annual Meeting of the European Association for Animal Production

Barcelona, Spanien

www.eaap2009.com

25.08.-27.08.2009

4th CeBiTec Symposium - bioIMAGING

Bielefeld, Germany

www.cebitec.uni-bielefeld.de/symposium/bioimaging

29.08.-01.09.2009

The EMBO Meeting 2009: Advances in Life Sciences

Amsterdam, The Netherlands

www.the-embo-meeting.org

30.08.-4.09.2009

International Conference on Systems Biology – ICSB 2009

Stanford, USA

www.icsb-2009.org/

31.08.-04.09.2009

ITMI-COST Tritigen joint meeting 2009

Clermont-Ferrand, Frankreich

<https://colloque2.inra.fr/itmi2009>

01.09.-04.09.2009

8th International Symposium on Recent Advances in Plant Biotechnology

Szeged, Ungarn

<http://prof-congress.hu/2009/biotech-8>

06.09.-09.09.2009

XIth ISRP 2009 International Symposium on Ruminant Physiology

Clermont-Ferrand, Frankreich

https://colloque.inra.fr/isrp_2009_eng/

07.09.-09.09.2009

International Conference on Heterosis in Plants

Stuttgart, Deutschland

www.uni-hohenheim.de/heterosis

08.09.-10.09.2009

27. DECHEMA Jahrestagung der Biotechnologen

Mannheim, Deutschland

<http://events.dechema.de/djb2009.html>

09.09.-11.09.2009

John Innes Symposium: Genetics 100 Years On

Norwich, UK

<http://www.jic.ac.uk/centenary>

16.09.-17.09.2009

DGFZ-/GfT-Gemeinschaftstagung

Gießen, Deutschland

www.dgfb-bonn.de

16.09.-19.09.2009

6th Tri-National Arabidopsis Meeting

Köln, Deutschland

www.tnam.org/

20.09.-23.09.2009

61. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie

Göttingen, Deutschland

www.dghm2009.de/

23.09.-25.09.2009

Workshop Data 2 Dynamics –D2D

Freising, Deutschland

www.data2dynamics.com

28.09.-30.09.2009

German Conference on Bioinformatics 2009

Halle(Saale), Deutschland

<http://gcb2009.de/>

04.10.-07.10.2009

ProkaGENOMICS 2009 – 4th European Conference on Prokaryotic Genomics

Göttingen, Deutschland

www.prokagenomics.org

06.10.-08.10.2009

Biotechnica 2009

Hannover, Deutschland

www.biotechnica.de

07.10.-10.10.2009

8. Plant Genomics European Meeting (Plant GEM 8)

Lissabon, Portugal

www.plant-gem.org

07.10.-14.10.2009

Interdrought III

Shanghai, China

www.interdrought.org/

14.10.-15.10.2009

2. FUGATO-Statusseminar

Kassel, Deutschland

www.fugato-sekretariat.de

17.10.-21.10.2009

Neuroscience Meeting der SfN 2009

Chicago, Illinois, USA

www.sfn.org/am2009/

25.10.-30.10.2009

9th International Congress on Plant Molecular Biology (9th IPMB)

St. Louis, Missouri, USA

www.ipmb2009.org/

26.10.-27.10.2009

Statusseminar Helmholtz-Allianz Systembiologie

Heidelberg, Deutschland

www.helmholtz.de/systemsbio

01.11.-03.11.2009

HUGO Symposium on Genomics and Ethics, Law and Society

Genf, Schweiz

www.hugoevents.org/gels/

02.11.-03.11.2009

Bio-Europe 2009

Wien, Österreich

www.ebdgroup.com/bioeurope

02.11.-04.11.2009

CNIO Cancer Conference 2009

Madrid, Spanien

www.cnio.es/cc

04.11.-08.11.2009

World Congress on Psychiatric Genetics 2009

San Diego, Californien, USA

www.ispg2009.org/

09.11.-10.11.2009

Synthetic Biotechnology

Frankfurt a.M., Deutschland

<http://events.dechema.de/synbio.html>

20.11.-22.11.2009

VBIO Jahrestagung: Biologentag 2009

Berlin, Deutschland

www.vbio.de

26.11.-28.11.2009

2nd Annual Meeting of NGFN-Plus and NGFN-Transfer in the Program of Medical Genome Research

Berlin, Deutschland

www.ngfn-meeting.de/2009**2010**

09.01.-13.01.2010

XVIII. Plant & Animal Genome Conference (PAG)

San Diego, CA, USA

www.intl-pag.org/

09.03.-11.03.2009

10. GABI Status Seminar

Potsdam, Deutschland

www.gabi.de

23.03.-26.03.2010

Analytica 2010

München, Deutschland

www.analytica.de

27.03.-31.03.2010

VAAM-Jahrestagung (mit DGHM)

Hannover, Deutschland

www.vaam.de

12.06.-15.06.2010

European Human Genetics Conference (ESHG 2010)

Göteborg, Schweden

www.eshg.org/eshg2010/

01.08.-06.08.2010

9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production

Leipzig, Deutschland

www.wcgalp2010.org/

23.08.-27.08.2010

61st Annual Meeting of the European Association for Animal Production

Heraklion, Kreta, Griechenland

www.eaap2010.org/

NGFN
National Genome Research Network

PROGRAM OF MEDICAL GENOME RESEARCH

2nd Annual Meeting of NGFN-Plus and NGFN-Transfer in the Program of Medical Genome Research

November 26 - 28, 2009
Berlin, Henry-Ford Building

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

Poster Session
Satellite Workshops
Next-Generation Sequencing
Epigenetic Regulation

Company Lunch Sessions Exhibition

All members are invited to participate and to actively contribute via oral and poster presentations. The conference is open to external participants. No fee will be charged but registration is required. Please register via the meeting website at www.ngfn-meeting.de/2009

NGFN Management Office • c/o German Cancer Research Center – DKFZ • INF 280, V025 • D-69120 Heidelberg
Phone: +49-6221-424649 • Fax: +49-6221-423454 • E-mail: s.argo@dkfz.de • Internet: www.ngfn.de

SPONSORED BY THE
Federal Ministry of Education and Research
Berlin
Max Planck Institute for Molecular Genetics

BiG

International Summer School on Advanced Techniques in Bacterial Genome Research

September, 28 - October, 2, 2009 at the Center for Biotechnology, Bielefeld University

in collaboration with the CLIB 2021 Graduate Cluster "Industrial Biotechnology" and the BMBF Network "Bacterial Genome Research"

The School is open for Ph.D. students and postdocs. Applications comprising CV and motivation letter should be sent until July 1st, 2009 to Prof. Dr. A. Pühler

Invited lectures covering the topics:
Next-Generation Sequencing Technologies
Bioinformatics Tools
Pan-, Supra- and Metagenomes
Regulatory RNAs
High Throughput Proteomics/Metabolomics
Synthetic and Systems Biology

Experimental courses covering the fields:
Ultrafast Sequencing Technologies
Advanced Bioinformatics
Transcriptomics
Proteomics/Metabolomics

Organizing Committee:
A. Pühler, D. W. Seltschka, D. S. Weidner, D. Bielefeld University, CeBiTec, 33594 Bielefeld
e-mail: Puehler@CeBiTec.uni-bielefeld.de

Scientific Advisory Board:
J. Collado-Verde, MX
A. Dress, CNF Laplace, D
K. Niehaus, DVC Sensen, CA
A. Tauch, D

Instructors:
A. Gossmann, D
J. Kalinowski, D
K. Niehaus, D
Ch. Rückert, D
A. Schlüter, D

Aktuelles

Weltweite Bedeutung der Infektionsforschung wächst

Neue BMBF-Broschüre zur Infektionsforschung erschienen



In Deutschland und anderen Industriestaaten können die meisten Infektionskrankheiten erfolgreich behandelt oder sogar geheilt werden. Gute Lebensbedingungen, Antibiotika, konsequente Hygiene und wirksame Impfungen haben zu diesem Erfolg beigetragen. Weltweit betrachtet bedrohen insbesondere armutsbedingte Infektionen wie Malaria oder Tuberkulose aber noch immer viele Millionen Menschen. Bis heute zählen

sie zu den häufigsten Todesursachen. Und das Auftauchen neuer Infektionskrankheiten wie der Vogelgrippe hat in den letzten Jahren auch in Europa Anlass zu Sorge gegeben. Infektionskrankheiten und Weltgesundheit sind deshalb eng verknüpft. „Bei der Bekämpfung der Infektionskrankheiten handelt sich um eine der größten globalen Herausforderungen, die nur mit internationaler Zusammenarbeit in der Forschung gelöst werden kann“, so die Bundesforschungsministerin Anette Schavan anlässlich des Weltgesundheitstages 2009.

Um sich dieser Verantwortung zu stellen unterstützt das BMBF beispielsweise die systematische Vernetzung deutscher Forscherinnen und Forscher mit europäischen und afrikanischen Partnern in der Initiative EDCTP (European and Developing Countries Clinical Trials Partnership). Im Rahmen dieser Initiative werden neue Impfstoffe und Arzneimittel für Prävention und Therapie von HIV/AIDS, Malaria und Tuberkulose entwickelt und evaluiert. Aber auch ansonsten hat die deutsche Infektionsforschung in den letzten Jahren bemerkenswerte Erfolge erzielt. So verfolgen die vom BMBF geförderten Verbände zur Erforschung von Zoonosen, also den von Tieren auf Menschen übertragbaren Krankheiten, einen wegweisenden Ansatz. Die Kooperation von Human- und Veterinärmedizinern ist neu und gilt international als vorbildlich.

Welche Bedrohung von Malaria, AIDS oder Vogelgrippe ausgeht und wie leistungsfähig die Forschung hierzu ist, beschreibt die zum Weltgesundheitstag lieferbare neue BMBF-Broschüre "Infektionsforschung – Immunsystem erforschen, Erreger bekämpfen, Menschen schützen". Die 72-seitige Publikation stellt verschiedene Typen von Infektionen – etwa akute und chronische – vor. Sie beschreibt Keime und "besiegte Seuchen" wie Pocken,

Pest und Lepra. Ausführlich wird dargestellt, wie das menschliche Immunsystem als körpereigenes Abwehrsystem funktioniert. Schließlich wird gezeigt, wie Infektionsforscher arbeiten, um bessere Impfstoffe und Medikamente zu entwickeln. Ein Anhang mit weiterführenden Links, Literaturtipps und Register beschließt die Broschüre.

Die Broschüre "Infektionsforschung" kann unter der URL www.bmbf.de/de/gesundheitsforschung.php heruntergeladen werden oder als Printausgabe beim Bundesministerium für Bildung und Forschung, Postfach 30 02 35, 53182 Bonn per Telefon (01805 262302), per Fax (01805 262303 (0,14 Euro/Min. aus dem deutschen Festnetz) oder per E-Mail unter books@bmbf.bund.de bestellt werden. Quelle: BMBF, 06.04.2009

Vortragswettkampf zur Pflanzenzüchtung

Kurt von Rümker Preis für Nachwuchsforscherin in der Pflanzenzüchtung verliehen

2050 werden die Landwirte dieser Welt voraussichtlich neun Milliarden Menschen ernähren müssen. Der Klimawandel, der zunehmende Flächenverbrauch für die Bioenergie-Gewinnung und veränderte Verzehrsgewohnheiten in den Schwellenländern sind die großen Herausforderungen, die es zusätzlich zu meistern gilt. Der Züchtungsforschung und den Züchtern kommt dabei eine entscheidende Rolle zu. Sie müssen resistente Sorten bereitstellen, die die Grundlage einer umwelt- und verbraucherfreundlichen Pflanzenproduktion sind. Auf dem Symposium wird daher nicht nur der Wissenschaftsnachwuchs zu Wort kommen, sondern auch vier international renommierte Wissenschaftler aus



Ulrich Breun vom stiftenden Unternehmen und der Vizepräsident der GPZ PD Dr. Frank Ordon (Links) überreichen am 19. März am Julius Kühn-Institut (JKI) in Quedlinburg den Preis an Dr. Lamiae Ghaoui (Foto: Julius Kühn-Institut/Qb).

Deutschland, Österreich und der Schweiz. Sie berichten unter anderem über Mechanismen, mit denen pilzliche Schaderreger Getreide infizieren, aber auch über jene Gene, die Kulturpflanzen gegen diese Schaderreger resistent machen. Die "Kurt von Rümker Vorträge" beschäftigen sich mit Zuchtungsfragen bei Ackerbohne, Mais oder Apfel. Dabei geht es beispielsweise um die Eignung bestimmter Sortentypen für die ökologische Landwirtschaft oder die Vorhersage von Eigenschaften.

In Gedenken an Kurt von Rümker (1859-1940), der 1889 an der Universität Göttingen die erste akademische Vorlesung zur Pflanzenzüchtung hielt, verleiht die Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) alle zwei Jahre den gleichnamigen Preis für den besten Vortrag eines Nachwuchswissenschaftlers auf dem Gebiet der Pflanzenzüchtung. Bei dem traditionellen Vortragswettbewerb, der in diesem Jahr auf den Pflanzenzüchertagen in Quedlinburg stattfand, rangen zehn junge Züchtungsforscher um die Gunst der Jury. Die Züchtungsforscherin Dr. Lamiae Ghaouti konnte sich in diesem Jahr gegen die Mitbewerber durchsetzen. Aufgrund der hervorragend gestalteten Präsentation und Vortragsweise sowie der souveränen Beantwortung der gestellten Fragen durch die dreiköpfige Jury wurde Sie zur diesjährigen Trägerin des mit 1.000,- Euro dotierten "Kurt von Rümker Preises" für Nachwuchsforscher gekürt. Das Preisgeld wurde in diesem Jahr von der Saatzucht Josef Breun GmbH & Co Kg aus Herzogenaurach gestiftet.

Lamiae Ghaouti (30) stammt aus Rabat in Marokko und studierte dort Landwirtschaft. Nach Beendigung ihres Studiums begann sie 2004 ihre Promotionsarbeit in der Göttinger Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Wolfgang Link. Im Rahmen ihrer Doktorarbeit hat sie sich mit verschiedenen Züchtungsstrategien bei der Ackerbohne und hier insbesondere mit ihrer Eignung für den ökologischen Landbau beschäftigt. Seit 2007 trägt sie ihren Dokortitel und arbeitet seit 2008 als praktische Pflanzenzüchterin bei der Norddeutschen Pflanzenzüchtung (NPZ) in Hohenlieth.

Quelle: IDW, 20.03.2009

Fotowettbewerb »Bilder der Forschung 2009«

Außergewöhnliche Motive, überraschende Perspektiven und originelle Ausschnitte – der Fotowettbewerb „Bilder der Forschung“ ist seit fünf Jahren eine feste Institution für Wissenschaftler und Fotografen. Gemeinsam mit dem Nachrichtenmagazin FOCUS zeichnet der vfa, der Verband der forschenden Pharma-Unternehmen, auch in diesem Jahr wieder Fotografen aus, denen es auf beeindruckende Weise gelingt, Forschung und Wissenschaft anschaulich zu vermitteln.

Für den mit insgesamt 20.000 Euro dotierten Fotowettbewerb „Bilder der Forschung“ 2009, einer der größten deutschen Wettbewerbe für Wissenschaftsfotografie, sind sowohl professionelle Fotografen als auch Amateure dazu aufgerufen, Fotos rund



Siegerfoto des letzten Jahres in der Kategorie "Faszination Forschung". Es zeigt das Bakterium *Caulobacter crescentus*, das sich in zwei asymmetrische Tochterzellen teilt. Diese Zellen entwickeln sich auf unterschiedliche Weise und können sich flexibel ihrer Umgebung anpassen (Foto: Martin Oeggerli).

um das Thema Forschung einzureichen. Eine prominent besetzte Jury prämiert die besten Arbeiten, die im Rahmen einer feierlichen Preisverleihung in München ausgezeichnet und im Nachrichtenmagazin FOCUS abgedruckt werden.

Die Teilnahme an dem Fotowettbewerb „Bilder der Forschung“ steht in den zwei Kategorien „Faszination Forschung“ und „Gesichter der Forschung“ allen Interessierten offen. Nicht nur professionelle Fotografen sondern auch Forschungseinrichtungen, Institute, Mitarbeiter in forschenden Unternehmen und Amateure sind eingeladen, an dem Fotowettbewerb teilzunehmen. Dabei sind der Kreativität keine Grenzen gesetzt: Forschungsobjekte, aber auch der Forscher selbst und sein Arbeitsumfeld können als Motiv dienen. Um die Aktualität zu gewährleisten, können nur Aufnahmen eingereicht werden, die nach dem 1. September 2008 entstanden sind.

Jeder Teilnehmer kann bis zu sechs Fotos auf einem Datenträger (CD-ROM) per Post einreichen. Die folgenden technische Voraussetzungen sind dabei zu erfüllen: Die Bilder müssen eine Mindestgröße von DIN A4 bei 300 dpi haben und sollten zusätzlich in einer Auflösung von 72 dpi eingereicht werden. Bitte nur TIFF- und JPEG-Formate verwenden. Auch Fotos, die bereits bei anderen Wettbewerben eingereicht wurden, können an dem Fotowettbewerb „Bilder der Forschung“ teilnehmen. Weitere Informationen sowie die Zulassungsbedingungen für den Fotowettbewerb finden Sie unter www.bilder-der-forschung.de. Einsendeschluss für den Wettbewerb ist der 31. Juli 2009.

KID – Information zum Thema Krebs

BMBF fördert Aufbau des Krebsinformationsdienstes am Deutschen Krebsforschungszentrum in Heidelberg



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Jährlich gibt es fast 400.000 neue Fälle von Krebserkrankungen in Deutschland. Für die Betroffenen sind allgemein verständliche und

verlässliche Informationen wichtig. Dies gilt für die Patienten selbst, aber ebenso für deren Angehörige. Auch Ärzte stoßen mit ihrem Wissen über Krebserkrankungen häufig an ihre Grenzen.

Um dem stetig wachsenden und bundesweiten Informationsbedarf nicht nur von Patienten, sondern auch von Ärzten in Zukunft gerecht zu werden, wird der Krebsinformationsdienst (KID) des Deutschen Krebsforschungszentrums in Heidelberg mit der Unterstützung des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) zu einem "Nationalen Referenzzentrum für Krebsinformation" ausgebaut. Als Vorbild dient der amerikanische Cancer Information Service des National Cancer Instituts. Das BMBF wird den Krebsinformationsdienst ab 2010 mit jährlich rund 3,3 Millionen Euro fördern.

"Menschen, die an Krebs erkranken, werden heute mit einer Flut unterschiedlichster Informationen konfrontiert und häufig verunsichert. In dieser Situation sind allgemein verständliche und verlässliche Informationen wichtig. Das leistet der Krebsinformationsdienst in hervorragender Weise," sagte Bundesforschungsministerin Annette Schavan am Montag bei ihrem Besuch des KID.

Mit dem Ausbau des KID zu einem nationalen Referenzzentrum sollen künftig bundesweite Fragen von Patienten und Angehörigen sowie neuerdings auch von Ärzten umfassend beantwortet werden. Insbesondere im Norden und Osten Deutschlands wird der Dienst nur selten in Anspruch genommen. Durch zusätzliche Mitarbeiter sollen künftig 150.000 bis 200.000 Beratungen pro Jahr nach den neusten wissenschaftlichen Erkenntnissen durchgeführt werden. Der Telefonservice wird erweitert und ist täglich von 08.00 Uhr bis 20.00 Uhr unter einer kostenlosen Hotline (0800 – 420 30 40) erreichbar. Um den Wirkungsbereich des KID auf das gesamte Bundesgebiet auszudehnen, ist zudem die Einrichtung einer Außenstelle am Universitäts-KrebsCentrum (UCC) Dresden geplant. "Mit dem Ausbau des Krebsinformationsdienstes des Deutschen Krebsforschungszentrums stellen wir sicher, dass aktuelle Entwicklungen und Daten rund um das Thema Krebs allen interessierten Bürgerinnen und Bürgern kommuniziert werden und Krebskranke individuelle Informationen und Hilfestellungen erhalten", sagte Schavan.

Seit mehr als 20 Jahren steht der Krebsinformationsdienst für die Vermittlung der neusten Erkenntnisse in der Krebsmedizin und die individuelle Beratung sowie die Vermittlung von Ansprechpartnern und Anlaufstellen für Patienten und deren Angehörige. **Quelle: BMBF, 27.04.2009**

Die ganze Welt der Infektionsforschung

Das Helmholtz-Internetportal für Forscher und Journalisten

Die Website www.infection-research.de startet im neuen Look: Sie ist das weltweit erste Internet-Portal rund um die Infektionsforschung. Das Braunschweiger Helmholtz-Zentrum für Infektionforschung (HZI) betreibt die Website, die neben einer umfangreichen Jobbörse für Infektionsforscher noch acht weitere Informationsbereiche bietet. "Das Portal soll Wissenschaftlern und Journalisten umfassende Informationen bieten und zum wichtigsten Internet-Treffpunkt für die Infektionsforschung-Szene werden", sagt Rudi Balling, Wissenschaftlicher Direktor des HZI und Initiator des Portals.

Bis heute nutzten weltweit etwa 6.000 Wissenschaftler und Wissenschaftsjournalisten regelmäßig die im Jahr 2007 entwickelte Website. Bisher fanden sich auf ihr ausschließlich Texte in englischer Sprache – jetzt bietet die Website erstmals auch ausgewählte deutsche Übersetzungen. Nach dem Relaunch erscheint die Website nicht nur im neuen Layout; sie bietet auch deutlich mehr Service:

- Eine Jobdatenbank, die weltweit nahezu alle Ausschreibungen im Bereich 'Infektionsforschung' umfasst. Sie ist kostenkostenlos abrufbar.
- Dank einer Kommentarfunktion können sich Wissenschaftler und Journalisten jetzt online über aktuelle Themen austauschen.
- Übersichtliche Informationen und umfangreiche Linklisten bieten vor allem Journalisten einen präzisen Überblick über die weltweit bedeutendsten Infektionskrankheiten und den aktuellen Stand der Forschung. Die neu etablierte Zweisprachigkeit soll dabei zusätzlich eine Hilfe sein.
- Das Angebot an speziell für den Power-Point-Einsatz erstellten Grafiken soll den Wissenschaftlern die grafische Gestaltung ihrer Vorträge erleichtern – professionell erstellte Abbildungen von Zellen oder Rezeptoren stehen für den kostenlosen Download bereit. Auf diese Weise sparen die Wissenschaftler Zeit und erhöhen zusätzlich die ästhetische Qualität der eigenen Folien.

Die wissenschaftliche Unabhängigkeit und der internationale Anspruch stehen bei infection-research.de an oberster Stelle. "Die Inhalte der Seite werden von einem internationalen Redaktionsteam aus Biologen, Medizinern und freiberuflichen Wissenschaftsjournalisten zusammen gestellt. Der Fokus liegt dabei weder auf nationalen Themen noch auf Helmholtz-Themen. Ist ein Thema gut und wichtig, erscheint es auf infection-research.de", erläutert Hannes Schlender, Leiter der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit des HZI. "Wir wollen mit dieser Initiative den Gedanken- und Ideenaustausch zwischen den Wissenschaftlern stärken und gleichzeitig schwierige Themen für interessierte Journalisten zugänglich machen", sagt Schlender. In den kommenden Monaten werden weitere Bereiche ausgebaut. Zukünftig gibt es auch Animationen zu wichtigen infektionsbiologischen Prozessen als Download. Außerdem befindet sich zurzeit ein internationales Editorial-Board im Aufbau, welches die Qualität der Inhalte dauerhaft gewährleisten soll. **Quelle: IDW, 02.06.2009**

Wissenschaft am Zug

Der Ausstellungszug »Expedition Zukunft« tourt durch deutsche Städte

Wie wird die Welt in 20 Jahren aussehen? Wie werden wir dann wohl leben? Mit dem Wissenschaftszug "Expedition Zukunft", der ab 24. April in 60 deutschen Städten Halt macht, will die Max-Planck-Gesellschaft jungen Menschen und allen Wissenschaftsbegeisterten einen Überblick darüber vermitteln, welche Forschungsgebiete unser Leben in den nächsten Jahrzehnten am stärksten beeinflussen werden. Schulklassen können an Führungen und am "Mitmachlabor" im Zug teilnehmen; das Max-Planck-Schülerkolleg "Abenteuer Forschung" bringt Jugendliche an zahlreichen Max-Planck-Instituten direkt mit Wissenschaftlern in Kontakt. Die Institute bieten darüber hinaus ein vielfältiges Rahmenprogramm an.

In den zwölf Wagen des Ausstellungszuges werden globale Herausforderungen wie Klimawandel, Rohstoffmangel, medizinische Versorgung und fortschreitende Urbanisierung thematisiert und Lösungsansätze aus Wissenschaft und Technik skizziert. Hintergrundinformationen, multimediale Installationen, Filme sowie zahlreiche Exponate, die zum Experimentieren einladen, bieten Wissenschaftsbegeisterten die Möglichkeiten, sich über technologische Trends und Spitzenforschung kundig zu machen und über Chancen und Grenzen der Wissenschaft nachzudenken.



Der Wissenschaftszug "Expedition Zukunft" startete seine Tour durch 60 deutsche Städte diesen April in Berlin (Foto: © Expedition Zukunft/ArchiMeDes)

"Spitzenforschung aus Deutschland wird unser zukünftiges Leben entscheidend prägen. Sie ermöglicht tiefe Blicke in unsere Vergangenheit und entschlüsselt so manches Rätsel des Lebens", sagt Peter Gruss, Präsident der Max-Planck-Gesellschaft. Gemeinsam mit Bundeskanzlerin Angela Merkel und der Bundesministerin für Bildung und Forschung, Annette Schavan, gab er am 23. April in Berlin das Startsignal für die Ausstellung, die maßgeblich von der Max-Planck-Gesellschaft in München und der Ausstellungsagentur ArchiMeDes in Berlin konzipiert und umgesetzt wurde. Der Wissenschaftszug ist einer der Höhepunkte im Wissenschaftsjahr 2009, das unter dem Motto "Forschungsexpedition Deutschland" steht. Es zählt zu den Hauptattraktionen der Bundesregierung anlässlich des 60. Gründungsjubiläums der Bundesrepublik Deutschland. Neben der Max-Planck-Gesellschaft unterstützen die Fraunhofer-Gesellschaft, die Helmholtz-, die Leibniz- und die Deutsche Forschungsgemeinschaft sowie zahlreiche Uni-



versitäten und Industriepartner die Ausstellung und sind Leihgeber von Exponaten.

Am 24. April ist der Zug im Berliner Hauptbahnhof gestartet. Auf seiner Tour wird er in 60 deutschen Städten für mehrere Tage halten. Neben Frankfurt am Main stehen unter anderem Jena, Bremen, Dresden, Leipzig, Potsdam, Dortmund, Mainz, Stuttgart und München auf dem Fahrplan, bevor der Zug im November noch einmal nach Berlin zurückkehrt. In vielen Städten an der Zugroute sind Max-Planck-Institute ansässig, die während des Stopps in ihrer Stadt vielfältige Veranstaltungen und ein umfangreiches Begleitprogramm anbieten. In zahlreichen Städten findet begleitend zum Ausstellungszug in den Max-Planck-Instituten vor Ort das Max-Planck-Schülerkolleg "Abenteuer Forschung" statt: Max-Planck-Wissenschaftler berichten in speziell für Schüler konzipierten Vorträgen aus ihrem Forschungsgebiet und diskutieren mit ihren jungen Gästen über das



Im Wagen 12 des Zuges befindet sich unter dem Motto „entdecken + staunen“ das Mitmachlabor. Hier können Schulklassen und Familien mit Kindern zu den Themen "Cooler Kunststoff – ein Werkstoff mit Überraschungseffekt" und "Heiße Zellen – Solarenergie für kreative Anwendungen" forschen (Foto: © Expedition Zukunft/MPG).

Ringen um neue Erkenntnisse, Rück- und Fortschritte und den Alltag des Forschers. Die Themen reichen dabei von Astronomie über Hirnforschung und bis hin zu gesellschaftspolitischen Fragestellungen. Anschließend an den Besuch eines Vortrags steht dann die Ausstellung im Zug auf dem Programm. Im zwölften Wagen der "Expedition Zukunft" vermitteln einfache, aber eindrucksvolle Experimente Denk- und Ar-

beitsweisen von Wissenschaftlern und Ingenieuren. Im Mitmachlabor können Schulklassen und Familien mit Kindern zu den Themen "Cooler Kunststoff – ein Werkstoff mit Überraschungseffekt" und "Heiße Zellen – Solarenergie für kreative Anwendungen" forschen. Der Fahrplan des Zuges ist unter www.expedition-zukunft.org zu finden.

Biomasse statt Erdöl

50 Millionen Euro für Forschungszentrum am Chemiestandort Leuna

Stroh, Holz, Mikroalgen und viele weitere nachwachsende Rohstoffe können Erdöl ersetzen. Das Land Sachsen-Anhalt, der Bund und die Fraunhofer-Gesellschaft planen ein Forschungszentrum in Leuna, das Unternehmen ermöglichen soll, chemisch-biotechnologische Verfahren vom Labor in die technische Anwendung zu bringen. Am Chemiestandort Leuna im mitteldeutschen Chemiedreieck soll das Chemisch-Biotechnologischen Prozesszentrums (CBP) und eine Fraunhofer Projektgruppe entstehen.

Das begehrte Mineralöl ist Ausgangsstoff für viele Produkte wie Kunststoffe, Lacke, Waschmittel, Klebstoffe oder Kosmetik. Weltweit arbeiten Chemieunternehmen daran, den Rohstoff Erdöl durch nachwachsende Rohstoffe zu ersetzen. Schon heute werden viele Produkte aus Biomasse hergestellt. Dazu sind ausgefeilte Verfahren notwendig. Viele Inhaltsstoffe der Pflanzen müssen beispielsweise durch Enzyme chemisch verändert werden, bevor sie sich für eine Weiterverarbeitung eignen. Die Pflanzenstoffe müssen jedoch in konstanter Qualität und zu günstigen Preisen verfügbar sein, um im industriellen Maßstab als Rohstoffquelle dienen zu können. Neue Verfahren sollen dabei ohne Lebens- und Futtermittel auskommen.

"Die Nutzung nachwachsender Rohstoffe in industriellen Dimensionen ist selbst für große Unternehmen ein erheblicher finanzieller und technologischer Kraftakt. Viele kleine und mittlere Unternehmen scheitern, obwohl sie im Labor bereits attraktive Produkte erfolgreich entwickelt haben. Mit der Schaffung des CBP unterstützen wir daher gezielt diesen kritischen Schritt auf dem Weg in die industrielle Anwendung innovativer Produkte und Verfahren unter Nutzung der industriellen Biotechnologie. Dadurch stärken wir nicht nur die regionale Kompetenz und schaffen die Grundlage für neue Arbeitsplätze in der Region, sondern setzen auch ein Zeichen mit nationaler Signalwirkung", erläuterte der Minister für Wirtschaft und Arbeit, Reiner Haseloff die herausragende Bedeutung des CBP für das Land Sachsen-Anhalt. "Das neue Chemisch-Biotechnologische Prozesszentrum CBP schließt die Lücke zwischen Labor und industrieller Umsetzung", bestätigt Marion Schick, Vorstandsmitglied der Fraunhofer-Gesellschaft. "Das Zentrum in Leuna soll allen Kooperationspartnern für Forschung und Entwicklung zur Verfügung stehen. Die neue Projektgruppe ist eng mit den Fraunhofer-Instituten vernetzt und kann auf die Kompetenzen der Fraunhofer-Kolleginnen und Kollegen zurückgreifen."



Stroh muss erst aufgeschossen werden, bevor Enzyme es in Zuckereinheiten spalten können (Foto: Fraunhofer IGB).

Wissenschaftler der Fraunhofer-Institute für Grenzflächen und Bioverfahrenstechnik IGB und für Chemische Technologie ICT planen das CPB gemeinsam mit der InfraLeuna GmbH, der Standortbetreibergesellschaft. Mit diesem sehr flexibel einsetzbaren Bioraffineriekonzept bieten sich neue Möglichkeiten, um in Zukunft biologische Rohstoffe verarbeiten zu können und nach Bedarf Öle, Fette, Cellulose, stärke- oder zuckerhaltige Rohstoffe als Ausgangsstoffe für Produkte zu gewinnen. Durch das Engagement sollen neue, hochwertige Arbeitsplätze geschaffen und die Ansiedlung von Biotechnologiefirmen gefördert werden. Nach der Aufbauphase werden ca. 20 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter am CBP tätig sein. "Als klassischer Chemiestandort sind unsere produzierenden Unternehmen bisher weitgehend von fossilen Rohstoffen abhängig. Mit regenerativen Rohstoffen können wir sowohl diese Abhängigkeit als auch CO₂-Emissionen weiter reduzieren. Das CBP ist ein wichtiger erster Schritt in diese Richtung" so Andreas Hiltermann, Geschäftsführer der InfraLeuna GmbH.

Sachsen-Anhalt wird an der Gesamtinvestition von derzeit geplanten 50 Millionen Euro einen Anteil von 20,1 Mio Euro sowie die Anschubfinanzierung der Projektgruppe beitragen. Die restlichen Mittel sollen durch das Engagement der Industrie, mittels Bundeszuwendungen der Fraunhofer-Gesellschaft und im Rahmen mehrerer konkreter Forschungsprojekte mit Unterstützung unterschiedlicher Bundesministerien aufgebracht werden. Erste Projekte sollen von den Bundesministerien für Bildung und Forschung (BMBF), für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) und für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) finanziert werden. Die Fraunhofer-Gesellschaft plant, sich mit 9,6 Mio. Euro aus der Grundfinanzierung des BMBF zu beteiligen.

Gegenwärtig planen 23 Industrieunternehmen sowie 15 Universitäten und Forschungseinrichtungen ihre Beteiligung an den Projekten. Ihr Ziel ist es, die Prozesse vom Rohstoff über den Biokatalysator und der Skalierung der benötigten Verfahren zum gewünschten Produkt und in die industrielle Umsetzung zu bringen. "Wir möchten nun die im Labor entwickelten Verfahren und Prozesse in Größenordnungen testen, die für die Industrie relevant sind. Dazu benötigen wir die Infrastruktur und Anlagen", erklärt Professor Thomas Hirth vom Fraunhofer-IGB. Sobald der Fraunhofer-Senat und der Bund-Länder-Ausschuss zugestimmt haben, kann die Forschungsarbeit losgehen.

Mikroalgen sind ein nachhaltiger Rohstoff für Wertstoffe und regenerative Energie (Foto: Fraunhofer IGB).



Mikroalgen sind ein nachhaltiger Rohstoff für Wertstoffe und regenerative Energie (Foto: Fraunhofer IGB).

Quelle: IDW, 03.04.2009

Der Boden lebt

Ein Blick in das WaldLabor auf dem Campus Berlin- Buch/ 13 Kurse bietet das zehnjährige Gläserne Labor der BBB Management GmbH an

Von Helga Frankenstein

Von oben und von unten nass und dennoch begeistert bei der Sache, treffen wir die Schülerinnen und Schüler einer 7. Klasse der Marianne-Buggenhagen-Schule für Körperbehinderte in dem kleinen Waldstück auf dem Gelände des Campus Berlin-Buch. Sie suchen trotz des strömenden Regens nach kleinen Bodenorganismen wie Regenwürmern, Asseln, Tausendfüßlern, Pseudoskorpionen und Spinnen.

Mitten unter ihnen ist der körperlich und geistig behinderte Moritz Spieckermann (14 Jahre). Moritz wird von seinen MitschülerInnen im Rollstuhl über den matschigen Waldboden geschoben. Sein Schulhelfer und ständiger Betreuer Tilo Henning (33 Jahre) vom Tandem e.V. sagt, dass diese Waldexkursion für Moritz anschaulich und ganz spannend ist und ihm großen Spaß bereitet. Martin Werner (14 Jahre), der „am Anfang überhaupt keine Lust hatte“ will gar nicht mehr aus dem Wald und lieber noch interessante Tiere sammeln.

Auch die Lehrerin Dr. Marion Imke ist vom Angebot des Gläsernen Labors begeistert und kommt häufig „besonders auch mit den 10. Klassen zur Isolierung der DNA.“

Dann ein freudiger Ausruf der Diplombiologin Claudia Jacob, die den Kurs leitet: „Eine rote Samtmilbe, eines der schönsten Tiere im Boden! Der behaarte kleine Bodenbewohner, liebt trockenes Wetter und war daher heute schwierig zu finden. Der Pseudoskorpion kommt auch mit ins Labor, wo er unter einem Stereomikroskop näher untersucht wird. Er ist wichtig für die Laubzersetzung.“

Im Labor werden noch Bakterien und Pilze des Bodens mit verschiedenen Techniken gefärbt und unter dem Mikroskop sichtbar gemacht.



Claudia Jacob in Aktion

Claudia Jacob konzipiert und betreut alle Kurse im Gläsernen Labor für Kindergartenkinder, Schüler und Studenten bis hin zu Senioren. „Thematisch geht es querbeet durch die Biologie und am liebsten fächerübergreifend – mit Physik, Chemie und noch Deutsch und Kunsterziehung zusammen.“ Gern erzählt sie dazu auch Geschichten, wenn es passt, wie über Bernoullis Strömungen zum Thema Fliegen.

Hufelandschule – ein „Starke Schule“

Die Bucher Hufeland- Schule nebenan und das Gläserne Labor arbeiten schon seit einigen Jahren eng zusammen. Im letzten Jahr hat das gemeinsame Projekt „Die Schule macht fit für die Zukunft“, das von der Deutschen Kinder- und Jugendstiftung mit dem Programm Lichtpunkte finanziell unterstützt wurde, viel Mut gemacht. Die Schule bewarb sich im Wettbewerb „Starke Schule“, an dem bundesweit 300 Schulen teilgenommen haben. Unter 23 Mitbewerbern in Berlin wurde sie der Landessieger.



Ulrich Scheller (mitte links) inmitten von Schülerinnen und Schülern

Die Schule bewarb sich im Wettbewerb „Starke Schule“, an dem bundesweit 300 Schulen teilgenommen haben. Unter 23 Mitbewerbern in Berlin wurde sie der Landessieger.

Mit dem „Begegnungszentrum“ fing es an

Das Gläserne Labor, ursprünglich als Teil des Innovations- und Gründerzentrums gedacht, lief vor zehn Jahren zunächst als „Begegnungszentrum“. Gemeint war, dass sich Biotechnologie und Öffentlichkeit begegnen sollten. Dabei war der Begriff „Gläsernes Labor“ durchaus wörtlich gemeint. Tatsächlich sollte den Wissenschaftlern bei ihrer Arbeit über die Schultern geschaut werden. Aber es war von Anfang an klar, das allein genügt nicht. Wer Wissenschaft erfahren möchte, muss selbst aktiv werden können, selbst experimentieren. Das wurde dann auch schnell zum Kernpunkt des Gesamtkonzeptes.

Wichtiges Netzwerk

Sehr wichtig dabei war die Zusammenarbeit in einem Netzwerk mit elf Biologie-Lehrern, die die Experimentierkurse nach dem didaktischen und pädagogischen Hintergrund prüfen, aber auch, ob die Kurse lehrplangerecht aufbereitet sind. Denn eine wichtige



Schülerinnen und Schüler experimentieren im Gläsernen Labor



Am Mikroskopiertisch im Gläsernen Labor

Zielgruppe war und sind Schüler der gymnasialen Oberstufe. Die ersten Kurse, die entwickelt wurden, sind sozusagen die Klassiker, die auch heute noch angeboten werden: DNA zum Anfassen aus Mundschleimhaut und Tomate, die DNA-Detektive oder die leuchtenden Bakterien.

Mittlerweile gibt es bundesweit rund 200 Schülerlabore mit unterschiedlichen Schwerpunkten. Allein in Berlin sind es 13. Sie haben dazu beigetragen, dass in Politik, Wirtschaft und Öffentlichkeit realisiert wurde, dass Naturwissenschaft zum Anfassen und Mitmachen sehr wichtig ist. Junge Menschen können so Wissenschaft als eine spannende Berufsperspektive wahrnehmen. Vorbilder gab es damals in den USA, etwa am Cold Spring Harbor Laboratory, aber auch in Deutschland bei BAYER und Boehringer.

Berlin ist auf jeden Fall eine Hochburg der Schülerlabore. Die Szene ist durch Netzwerkarbeit sehr gut organisiert. Es gibt zum Beispiel die Helmholtz-Schülerlabore, die sehr gut ausgestattet sind. Das ist ein sehr stabiles lebendiges Netzwerk, das auch sehr nah an der Spitzenforschung ist. Auch das Netzwerk Lernort Labor, das es seit 2005 gibt, hat einen wichtigen Beitrag geleistet, vor allem im Bereich Qualitätssicherung.

Projekt Forschergarten

„Wir bieten heute 13 unterschiedliche Kurse an. Insgesamt haben bisher 62.200 Schülerinnen und Schüler an unseren Kursen des Gläsernen Labors teilgenommen“, so Claudia Jacob. „1999 waren es noch 1500, 2008 schon 12.500. In den letzten zwei Jahren ist das Projekt Forschergarten hinzugekommen, ein ebenfalls sehr stark nachgefragtes Angebot für die frühkindliche naturwissenschaftliche Bildung. Da haben wir allein in den ersten vier Monaten 2009 mit unserem Experimentierangebot 4200 Kindergarten- und Grundschulkindern erreicht.“

Für die Zukunft wird weiter die hands-on Wissensvermittlung die klare Linie im Gläsernen Labor sein. Kontinuierlich werden aber neue Inhalte, etwa in den Bereichen Chemie und Wirkstoffentwicklung, aufgenommen und zusätzliche Zielgruppen ins Visier genommen. Ein sehr wichtiges Beispiel dafür ist die Weiterbildung von Technischen Angestellten, für die das Angebot noch deutlich ausgeweitet werden soll.

Kontakt

h.frankenstein@arcor.de
cjacob@bbb-berlin.de
www.glaesernes-labor.de

Das Leben ist kein Supermarktregal mit fertigen Konsumgütern...

Das Gläserne Labor auf dem Campus des MDC in Berlin-Buch feierte sein zehnjähriges Jubiläum. Aus diesem Anlass sprachen wir mit Dr. Ulrich Scheller, dem langjährigen Leiter des Labors und Geschäftsführer der BBB Management GmbH Campus Berlin-Buch

Die Fragen stellte Helga Frankenstein

Was ist eigentlich Forscherdrang im Kern? Forscherdrang ist für mich die Fähigkeit zur Bewahrung der kindlichen Neugier. Kinder sind von Natur aus neugierig und mit unbändigem Forscherdrang ausgestattet. Die Lust am lebenslangen Entdecken und Lernen muss man nicht künstlich von außen aufsetzen. Wir müssen dafür sorgen, dass sie nicht von herrschenden Lehrmeinungen, Personen und Lebensumständen erdrückt wird. Wir fördern diesen Drang der Kinder um ihn zu erhalten, später kann er um die wissenschaftliche Denk- und Arbeitsweise ergänzt werden.

Wie kann man das vermitteln? Wir brauchen Menschen, die begeistert ein Leben lang lernen. Dafür brauchen wir wiederum Vorbilder aus der Wissenschaft, die ihre Begeisterung für Forschung persönlich ausstrahlen. Die jungen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus dem MDC, FMP und der Charité, die unsere Experimentierkurse für Schüler betreuen, übertragen diese Begeisterung. Außerdem sind sie als Forscher glaubwürdig und authentisch, ebenso wie das Labor und die Ausstattung. Die Experimente haben einen hohen Alltagsbezug. Von einem genetischen Fingerabdruck hat jeder schon gehört; gemacht haben ihn nur die wenigsten. Der experimentelle Ansatz, das Begreifen und Ausprobieren vermittelt zudem eine wichtige Botschaft an die Jugendlichen: Das Leben ist kein Supermarktregal mit fertigen Konsumgütern, sondern verlangt nach Eigengestaltung, Entwürfen, lässt Fehler zu und schult die Kompetenz zum Handeln und Entscheiden. Unsere Angebote nehmen Kindern und Jugendlichen Berührungspunkte vor wissenschaftlichen Themen und begeistern möglicherweise für völlig neue Karrieren.

Als Kind haben Sie... meinen Vater auf Naturbeobachtungen und ins Chemielabor seiner Schule begleitet, in der Küche Brandflecke durch Experimente hinterlassen, als Angler jeden Tümpel der Kreisstadt befischt und Eidechsen, Schlangen, Molche aber auch Bussarde im Kinderzimmer oder Garten beheimatet.

Hat die Neugier in Ihrem Leben abgenommen? Nein, aber der Zwang zu Arbeitseffizienz und Wirtschaftlichkeitsdenken sperrt die Lust auf Neugier oft tagelang ein. Den Freiraum dafür muss ich im Inneren hart ausfechten.

Nach Ihrer Promotion zum Thema „Struktur und Funktion von Cytochrom P450-Formen der Hefe *Candida maltosa*“ wechselten Sie von der Forschung in die Wissenschaftskommunikation und haben das Gläserne Labor eröffnet.

Warum? Ursprünglich wollte ich nach der Promotion ein Natur-Camp gründen und Großstadtkinder für Phänomene des Waldes begeistern. Als ich im März 1997 von der Ausschreibung des Gläsernen Labors auf dem Campus Berlin-Buch hörte, wusste ich sofort, dass diese Einrichtung der Wissensvermittlung mein neues berufliches Zuhause werden musste. Bei der Konzeptplanung registrierten wir einen immensen Bedarf seitens der Schule an Experimentierangeboten, besonders in Genetik. Methoden wie Polymerase-Kettenreaktion oder DNA-Sequenzierung hielten langsam Einzug in die Lehrpläne und Schulbücher; vorstellen konnten sich jedoch die wenigsten etwas darunter. Gemeinsam mit einer sehr engagierten Berliner Schulrätin bauten wir ein Netzwerk von Bio-Lehrern auf und entwickelten die Gentechnik-Experimente fortan gemeinsam. Andere Einrichtungen wie beispielsweise das Biotech-Mobil des BMBF hatten dabei eine wichtige Vorbildfunktion.

Heute nach zehn Jahren: Würden Sie wieder so entscheiden? Ich habe die Entscheidung nach sieben Jahren Grundlagenforschung etwas anderes zu machen bisher nicht bereut. Die vor zehn Jahren gegründeten „Gläsernen Labore“ waren die ersten. Sie hatten zweifellos einen wichtigen Anteil daran, das später ein wahrer Gründerboom von Schülerlaboren einsetzte, das Erfahrungen weiter gegeben, Fehler der Anfangsphase vermieden werden und sich die Schülerlabore zu lebendigen Netzwerken zusammenschließen konnten.

Es erfüllt mich heute mit Freude, Teil dieses Netzes engagierter Menschen zu sein, die etwas für naturwissenschaftliche Bildung bewegen wollen. Zudem bin ich seit fast 20 Jahren mit dem Campus Berlin-Buch verwurzelt. Dieser ist durch die tägliche Präsenz junger Menschen lebendiger und bekannter geworden. Nicht wenige der Schülerinnen und Schüler, die einst mit ihrem Leistungskurs Biologie das Gläserne Labor besuchten haben inzwischen eine Doktoranden- oder TA-Stelle am MDC. Es ist eine schöne Bestätigung, diese Biografien und das Interesse für Bio-



Ulrich Scheller kurz vor dem Anschneiden der Geburtstagstorte auf der Feier zum zehnjährigen Bestehen

wissenschaften ein Stück mit beeinflusst zu haben. Die Zeit in der Forschung möchte ich dennoch nicht missen, denn die Kenntnis des Wissenschaftsbetriebs, seiner Akteure und der Methoden hat mir später sehr geholfen.

Gab es in diesen Jahren den Heureka-Moment für Sie?

Einen genialen Gedanken wie bei Archimedes gab es nicht. Dazu waren die Herausforderungen zu komplex und ständig im Wandel begriffen. In den ersten Jahren ging es primär darum, spannende und alltags bezogene Experimente aus der Forschung an die schulischen Anforderungen anzupassen, die Kurse bekannt zu machen und möglichst viele Klassen nach Berlin-Buch zu locken.

Die kleinen „Heureka-Momente“ gibt es aber nahezu täglich in Gesprächen im Team, mit Lehrern, Dozenten, Wissenschaftlern. Ich bin den vielen Akteuren und Wegbegleitern des Gläsernen Labors sehr dankbar, weil sie mich an ihrer Kreativität teilhaben lassen und ich dabei selbst kreativ sein kann.

Nach Beendigung der Anschubfinanzierung durch den Europäischen Sozialfonds und die Technologiestiftung Berlin stand die Frage des wirtschaftlichen Überlebens für das Gläserne Labor im Mittelpunkt. Es erforderte viel Kreativität, zur Finanzierung des laufenden Betriebs ein Modell zu entwickeln. Dank Sponsoring und Eigenbeteiligung von den Campuseinrichtungen MDC, FMP und Charité stehen wir heute wirtschaftlich ganz gut da, befinden uns aber – wie viele andere Schülerlabore auch – ständig auf der Suche nach neuen Förderquellen, Kursangeboten und Zielgruppen.

Welches waren herausragende Erfolge der zehn Jahre?

Es sind eher die kleinen Dinge: Das Renommee eines der bundesweit bekanntesten und besucherstärksten Schülerlabore zu sein, nachhaltig aufgestellt zu sein und in kleinen Schritten stetig zu wachsen. Begonnen haben wir mit einem Labor; Ende des Jahres werden wir ein drittes in Betrieb nehmen. Natürlich sind wir auch auf Auszeichnungen stolz, wie z.B. den Kommunikationspreis der Gesellschaft für Biochemie und Molekularbiologie (GBM), den Titel „Ort im Land der Ideen“, oder die Prämierung einer unserer Partnerschulen als „beste Schule Berlins“.

Es motiviert uns sehr, funktionierende Netzwerke wie „Genlabor & Schule“ oder „GenaU – Gemeinsam für den naturwissenschaftlich-technischen Unterricht“ mit gegründet zu haben und diese mit Leben zu füllen. Längst setzen wir bei der Nachwuchsförderung nicht mehr ausschließlich auf die gymnasiale Oberstufe, sondern gehen mit jungen WissenschaftlerInnen in Kindergärten und Grundschulen. Allein von Januar bis April dieses Jahres haben rund 4.200 Vor- und Grundschulkinder mit uns vier bis acht Wochen gemeinsam im „Forschergarten“ experimentiert. Auch im Bereich der beruflichen Aus-, Fort- und Weiterbildung ist das Gläserne Labor inzwischen ein bekannter Begriff, besonders bei den technischen Angestellten und Fachkräften im Labor.

Kontakte

www.forschergarten.de
www.genau-bb.de
www.genlabor-schule.de
www.glaesernes-labor.de

Nützliche Naturstoffe aus Bakterien

Merck-Stiftungsprofessor Helge Bode verstärkt biotechnologische Forschung in Rhein-Main

Was Insekten und Bakterien mit Biotechnologie und Arzneimitteln zu tun haben, erklärte der neue Merck-Stiftungsprofessor für Molekulare Biotechnologie, Prof. Helge Bode, heute in seiner Antrittsvorlesung an der Goethe-Universität. Die Vorlesung war Auftakt zu einem halbtägigen Symposium, in dem die Universitäten



Helge Bode ist Merck-Stiftungsprofessor an der Goethe-Universität (Foto: Uwe Dettmar).

Frankfurt und Darmstadt sowie das Pharma- und Chemieunternehmen Merck ihre Erfahrungen auf dem Gebiet der Biotechnologie austauschten.

Bodes Arbeitsgebiet sind Myxobakterien. Biotechnologisch und pharmazeutisch sind diese Bodenbakterien interessant, weil sie hoch potente Naturstoffe wie das Epothilon produzieren, das bereits in der Krebstherapie eingesetzt wird. Ziel des Forschers ist es, den Stoffwechsel generell und die komplexen biochemischen Prozesse zu verstehen, die der Syn-

these dieser Stoffe zugrunde liegen, und diese dann gezielt zu verändern. Auf diese Wege ließen sich etwa Varianten einer antibiotischen Substanz herstellen, die besser wirken oder auftretenden Resistenzmechanismen entgehen.

Ein weiterer Schwerpunkt, den Bode an der Goethe-Universität verstärkt aufbauen wird, ist die Erforschung der insektenpathogenen Bakterien *Photorhabdus* und *Xenorhabdus*, die symbiotisch im Darm von Fadenwürmern leben. Dringen die Nematoden in Insektenlarven ein, werden diese durch Substanzen getötet, die die Bakterien herstellen. Anwendungsmöglichkeiten sind die biologische Insektenbekämpfung, aber auch neue Therapien für seltene tropische Krankheiten, die häufig von Insekten übertragen werden. Zudem könnten die von den Bakterien produzierten Substanzen auch in reiner Form in der Humantherapie eingesetzt werden. Bodes Forschung zu niedermolekularen Substanzen dieser Bakterien, die gegen seltene tropischen Krankheiten eingesetzt werden sollen, wird seit März dieses Jahres im 7. Rahmenprogramm der Europäischen Gemeinschaft gefördert.

"Für die Goethe-Universität ist die Berufung Helge Bodes eine Bereicherung, weil wir einen exzellenten jungen Nachwuchsforscher gewinnen konnten, der die bereits vorhandenen Aktivitäten im Bereich der Biotechnologie im Allgemeinen und der weißen Biotechnologie im besonderen verstärkt", erklärt Prof. Volker Müller, Dekan des Fachbereichs Biowissenschaften an der Goethe-Universität. "Mit dieser Professur wird die für die Zukunft enorm wichtige Biotechnologie an der Goethe-Universität institutionalisiert und eine Keimzelle für neue, innovative Biotechnologieforschung geschaffen. Durch seine Ausbildung als Biologe

und Chemiker ist Prof. Bode das ideale Bindeglied zwischen den verschiedenen Fachrichtungen in diesem extrem stark interdisziplinären Feld."

"Wir freuen uns, dass mit Professor Bode ein aufstrebender Wissenschaftler auf die Merck-Stiftungsprofessur berufen wurde", sagt Dr. Thomas Geelhaar, Chief Technology Officer Chemicals bei Merck. "Die biotechnologischen Themen der Arbeitsgruppe um Herrn Bode, sind sowohl aus wissenschaftlicher als auch industrieller Perspektive äußerst attraktiv. Wir sehen daher eine Reihe von viel versprechenden Anknüpfungspunkten. Die Merck-Stiftungsprofessur trägt der stetig wachsenden Bedeutung der Biotechnologie bei Merck und in der Rhein-Main Region Rechnung."

Auch für die Rhein-Main-Region ist die Berufung ein Gewinn: Die Goethe-Universität Frankfurt plant zusammen mit der Technischen Universität Darmstadt einen universitäts- und fachübergreifenden Masterstudiengang Biotechnologie, so dass der wissenschaftliche Nachwuchs für diese wichtige Zukunftstechnologie vor Ort ausgebildet werden kann. Dies ist vor allem für biotechnologisch arbeitende Firmen, aber auch pharmazeutische Unternehmen von Interesse, da biotechnologische Forschung einen immer größeren Raum in vielen Lebens- und Forschungsbereichen einnehmen wird.

Helge Björn Bode studierte Chemie und Biologie an der Georg-August-Universität in Göttingen und promovierte 2000 in Organischer Chemie. Als Post-Doktorand arbeitete er an verschiedenen Forschungsprojekten bei der Gesellschaft für Biotechnologische Forschung in Braunschweig und der Stanford University (USA). Von 2004 bis 2005 war er Junior-Professor für Naturstoffbiotechnologie am renommierten Institut für Pharmazeutische Biotechnologie an der Universität des Saarlandes. Seit Anfang 2006 leitete er dort außerdem eine Nachwuchsgruppe im Rahmen des Emmy Noether-Programms der Deutschen Forschungsgemeinschaft. *Quelle: IDW, 14.05.2009*

Mit Forschung aus der Krise

Expertenkommission Forschung und Innovation legt zweites Gutachten vor

Die von der Bundesregierung eingerichtete Expertenkommission Forschung und Innovation (EFI) hat am Mittwoch in Berlin Bundeskanzlerin Angela Merkel und Bundesforschungsministerin Annette Schavan ihr zweites Gutachten zu Forschung, Innovation und technologischer Leistungsfähigkeit überreicht. Die Expertenkommission betont in ihrem Gutachten ausdrücklich die Bedeutung von Bildung und Forschung bei der Bewältigung der Wirtschafts- und Finanzkrise: "Die Bundesregierung hat mit den Konjunkturpaketen wichtige Maßnahmen zur Konjunkturstützung und -belebung ergriffen." Ministerin Schavan sagte dazu anlässlich der Übergabe des Gutachtens im Kanzleramt: "Investitionen in Forschung und Innovationen sind die beste Antwort auf die Krise." Das Gutachten zeige, dass die Forschungspolitik mit der Hightech-Strategie in den vergangenen Jahren wichtige Voraus-

setzungen für ein neues wirtschaftliches Wachstum geschaffen hat. Die Politik setze richtige Akzente, urteilen die Wissenschaftler. "Bildung, Forschung und Innovation müssen gerade in der Rezession weiter Priorität haben", schreiben die Experten.

Die Expertenkommission begrüßt in ihrem Gutachten insbesondere die Investitionen in die Mobilitätsforschung, die Bildungsinfrastrukturen und den innovativen Mittelstand. Die zusätzlich zur Verfügung gestellten Mittel dürften jedoch nicht mit Maßnahmen im Rahmen des Hochschulpaktes oder der Exzellenzinitiative aufgerechnet werden. Die Ministerin verwies demgegenüber darauf, dass die Regierung die Ausgaben für Forschung und Entwicklung (FuE) in den vergangenen Jahren massiv gesteigert habe. Konkret heißt das: Seit dem Jahr 2005 hat die Bundesregierung die jährlichen Investitionen in FuE um rund drei Milliarden Euro erhöht, von neun Milliarden auf mittlerweile zwölf Milliarden Euro in 2009.

Das Gutachten macht aber auch den künftigen Handlungsbedarf deutlich, um die Wettbewerbsfähigkeit des deutschen Innovationssystems zu sichern. Der Klimawandel, die Energieversorgung der Zukunft und der dringend nötige Übergang zu einer nachhaltigen Wirtschaft sind nach Ansicht der Autoren Heraus-

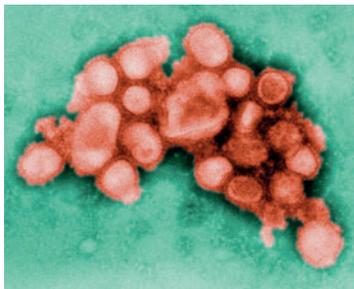
forderung und Chance zugleich. Um sie zu nutzen, braucht Deutschland aus Sicht der Experten Erleichterungen beim Zuwanderungsrecht für hochqualifizierte Einwanderer, ein innovationsförderndes Steuersystem und insbesondere die Einführung einer steuerlichen FuE-Förderung, mehr Autonomie für Hochschulen und außeruniversitäre Forschungseinrichtungen, weitere Initiativen zum Wissens- und Technologietransfer sowie einen weiteren Ausbau von Investitionen in die Bildung.

Mit dem Gutachten zu Forschung und Innovation stellt sich die Bundesregierung dem Urteil unabhängiger Expertinnen und Experten. Vergleichbar mit dem Jahresgutachten des Sachverständigenrates zur Begutachtung der gesamtwirtschaftlichen Entwicklung (das Gutachten der so genannten Wirtschaftsweisen) gibt es seit dem vergangenen Jahr regelmäßig eine wissenschaftlich fundierte Politikberatung für die Forschungs- und Innovationspolitik der Bundesregierung. Ministerin Schavan sagte, dass die Bundesregierung das Gutachten und seine Empfehlungen nun genau prüfen werde. Ende April nimmt die Regierung mit dem Bericht "Forschung und Innovation für Deutschland" detailliert Stellung. [Das Gutachten ist im Internet unter www.e-fi.de zu finden.](http://www.e-fi.de) Quelle: BMBF, 04.03.09

Forschen gegen Schweinegrippe

Das BMBF-Projekt FLURESEARCHNET

Ärzte in der ganzen Welt bereiten sich auf den Kampf gegen die Schweinegrippe vor. Noch weiß niemand, wie stark und wie schnell sich die Krankheit ausbreiten wird. Wie erfolgreich die Mediziner die Ausbreitung der Krankheit eindämmen können, hängt auch von ihrem Wissen über das Virus ab. Die besondere Herausforderung: Erreger springen – wie bei der Schweinegrippe geschehen – überraschend vom Tier auf den Menschen über. "Wir fördern deshalb zukunftsorientierte und vorausschauende Forschung im



Das Influenzavirus H1N1 unter dem Rasterelektronenmikroskop (gefärbte Aufnahme, Foto: © Karelmical – Fotolia.com).

Bereich der Infektionskrankheiten", sagte Bundesforschungsministerin Annette Schavan am Mittwoch in Berlin. "Diese Forschung muss breit angelegt sein und verschiedene Krankheitserreger einbeziehen. Die Wissenschaft kann auf diese Weise helfen, dass wir beim Auftauchen neuer Erreger möglichst gut vorbereitet sind."

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) fördert speziell die Erforschung von Krankheiten, die vom Tier auf den Menschen übertragen werden (so genannte Zoonosen) mit insgesamt rund 30 Millionen Euro. Schwerpunkt der Förderung ist die enge Vernetzung von Human- und Tiermedizin. In mehreren Forschungsverbänden untersuchen Wissenschaftler, wie gefähr-

lich bestimmte Krankheitserreger sind und auf welche Weise sie auf den Menschen überspringen.

Im Verbund FLURESEARCHNET analysieren Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die spezifischen Eigenschaften von Grippeerregern. Das Spektrum der Themen an den zwölf Standorten in Deutschland ist groß und reicht vom Gen bis zum Impfstoff. Ziel der Forschungsarbeiten ist es, das Gefährdungspotenzial für Mensch und Tier abzuschätzen und neue Angriffspunkte für die Prävention und Therapie von Grippe-Infektionen beim Menschen und in Nutztieren zu entwickeln. Auch die Forschung an Schweine-Influenza-Viren ist ein wichtiger Teil der Arbeiten.

Zur Koordination und Begleitung der Forschung zu Zoonosen hat das BMBF eine gemeinsame Forschungsplattform initiiert, die 2009 gestartet ist. Ziel dieser Plattform ist ein Netzwerk, das schnell funktionsfähige, flexible und nachhaltige Strategien für vom Tier auf den Menschen übertragbare Krankheiten entwickelt. Die Plattform wird ein Informations- und Servicenetzwerk für alle in Deutschland aktiven Forschungsgruppen im Bereich der Zoonosen darstellen und auch die internationale Einbindung und Sichtbarkeit der deutschen Forschungslandschaft weiter stärken. Quelle: BMBF, 29.04.2009

Kontakt

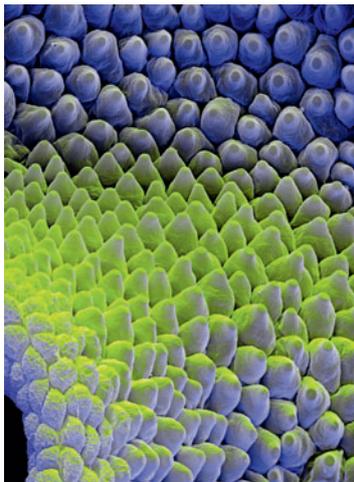
Prof. Dr. Stephan Ludwig
 Direktor des Instituts für Molekulare Virologie (IMV),
 Westfälische-Wilhelms-Universität Münster
 Telefon: 0251 83 57791, E-Mail: ludwigs@uni-muenster.de

Die Ästhetik des Unsichtbaren

Pflanzenoberflächen unter dem Elektronenmikroskop: Ausstellung in Berlin

"Die Ästhetik des Unsichtbaren – Pflanzenoberflächen unter dem Elektronenmikroskop" ist eine Galerieausstellung zur Schönheit pflanzlicher Ultrastrukturen. Sie verbindet die technische Perfektion wissenschaftlicher Rasterelektronenmikroskopie mit dem künstlerisch-ästhetischen Anspruch von Fotografie. Die Ausstellung des Würzburger Fotografen Stefan Diller ist vom 11. Juni bis 23. August 2009 im Botanischen Museum Berlin zu sehen. Alle ausgestellten Bildmotive können erworben werden.

In der Ausstellung "Die Ästhetik des Unsichtbaren" zeigt Stefan Diller mehr als 30 großformatige Pflanzenfotografien, die unter dem Rasterelektronenmikroskop entstanden und von ihm künstlerisch nachkoloriert wurden. Kräuter von Absinth bis Zitronenmelisse werden porträtiert. Hundertfach bis mehr als Zehntausendfach vergrößerte Haare, Blattflächen, Blüten oder Pollen enthüllen oft sehr bizarre Strukturen, die für das bloße menschliche Auge nicht sichtbar sind. Die 50x70 Zentimeter großen Abzüge sind mit kurzen botanischen Beschreibungen versehen, die der wissenschaftliche Leiter des Botanischen Gartens Würzburg, Dr. Gerd Vogt verfasste. Sie umfassen Angaben zur natürlichen Herkunft der Pflanze, ihrer kulturgeschichtlichen Bedeutung und ihrem Nutzen. Auch wird erläutert, welche Zusammenhänge zwischen der Struktur von Pflanzenoberflächen und ihrer Funktion, aber auch den Umwelteinflüssen bestehen. Um eine Einschätzung der Größenverhältnisse des Abgebildeten zu ermöglichen, werden die Endvergrößerung des Bildes und die jeweilige Größe des Bildfeldes angegeben. Die Technik der Rasterelektronenmikroskopie wird anschaulich dargestellt, so dass die Entstehung der Fotografien von den Besuchern der Ausstellung nachvollzogen werden kann. Aus der Forschung ist die Rasterelektronenmikroskopie schon lange nicht mehr wegzudenken, um die Ultrastruktur von Materialien und Organismen zu untersuchen. Die Arbeiten des Würzburger Fotografen zeigen, dass die wissenschaftliche Fotografie des "Unsichtbaren" eine starke ästhetische Ausstrahlung besitzt.



*Gestieltes Blütenköpfchen mit runden Öldrüsen beim Marienblatt *Tanacetum balsamita* (Foto: Stefan Diller).*

Stefan Diller ist gelernter Fotograf und Meister. Er arbeitet als Bildjournalist, freischaffender Fotograf, Laborbetreiber und illustrierte bereits mehrere Bücher. Dillers fotografisches Interessenspektrum reicht von Portraits eineiiger Zwillinge über Luftbilder von Landschaften bis zur Dokumentation von Altarbildern. Seit 1993 beschäftigt sich Stefan Diller intensiv mit Raster- und Transmissionselektronenmikroskopen und betreibt ein eigenes

Labor für wissenschaftliche Photographie. Neben der künstlerisch-ästhetischen Mikrophotographie werden diese Leistungen z.B. von Umweltlaboren bei der Asbestfasernbestimmung oder im Bereich Werkstofftechnik zur Untersuchung von Materialeigenschaften, Bruchstrukturen oder Schichtenaufbau genutzt. Während das Lichtmikroskop normalerweise nur in Strukturen



*Epidermiszellen der Blütenunterlippe der Bachminze *Mentha aquatica* (Foto: Stefan Diller).*

vordringen kann, die zwischen 200 und 500 Nanometer groß sind, wird im Rasterelektronenmikroskop das Licht durch einen fein gebündelten Elektronenstrahl ersetzt, der bei modernen Geräten einen Durchmesser von nicht einmal einem Nanometer (1 nm = ein Millionstel Millimeter) hat. Dieser feine Strahl wird durch eine Hochspannung (zwischen 1000 und 30 000 Volt) beschleunigter Elektronen zeilenweise über ein Präparat gelenkt; beispielsweise ein winziges

Pflanzenstück, das entwässert und mit Gold oder Platin bedampft wurde. Die Metallbedampfung ist notwendig, damit die Oberfläche Elektronen reflektiert, welche von verschiedenen Detektoren wieder eingefangen werden können. Die Detektoren erzeugen aus den eingefangenen Elektronen einen entsprechenden Helligkeitswert. Wie bei einem Scanner entsteht so Bildpunkt für Bildpunkt, Zeile für Zeile ein Bild in schwarz-weiß. Die Farben entstehen später durch die Zuordnung einer Farbe zu dem jeweiligen Schwarzweißbild eines Detektors. Da bei der Aufnahme meist zwei, manchmal auch drei Detektoren gleichzeitig verwendet werden, entstehen Mischfarben. Durch partielle Kolorierung lässt sich das Bild zusätzlich visuell ansprechender gestalten.

Die Galerieausstellung „Ästhetik des Unsichtbaren“ ist vom 11. Juni bis 23. August 2009 im Botanischen Museum Berlin-Dahlem (Königin-Luise-Str. 6-8, 14195 Berlin) täglich von 10 bis 18 Uhr zu besichtigen. Der Eintritt in das Museum kostet für Erwachsene 2,- Euro, ermäßigter Eintritt 1,- Euro. Beim Besuch des Botanischen Gartens ist der Museumseintritt frei.

Quelle: IDW, 29.05.2009

Genomprojekt Ozean: Die unsichtbaren Bewohner unserer Weltmeere

Forschungssegelyacht Sorcerer II zu Besuch auf Helgoland

Die 30-Meter-Segelyacht Sorcerer II von Craig Venter kam letztes Wochenende zur Stippvisite nach Helgoland. Anlass war das auf zwei Jahre angelegte globale, marine Genomprojekt vom J. Craig Venter Institute (JCVI) und die Kooperation mit deutschen Meeresforschern. Die Sorcerer II (engl. für Hexenmeister) ist eine mit modernster Technologie ausgestattete, klassische Segelyacht. Mit einer dreistufigen Filteranlage sammeln die Forscher Mikroorganismen aus dem Meer.

Auf den engmaschigen Filtern bleiben Bakterien und Viren hängen, die dann zum Sequenzieren in die USA geschickt werden. Die Proben aus den Weltmeeren dienen dazu, die Zusammenhänge zwischen der Welt der Mikroorganismen und den globalen Stoffumsätzen im ökologischen Zusammenhang besser zu verstehen. Die aus diesem Genomprojekt gewonnenen Sequenzdaten werden öffentlich zugänglich in einer Datenbank gespeichert. Wissenschaftler vom Alfred-Wegener-Institut für Polar- und Meeresforschung (AWI), der Biologischen Anstalt Helgoland (BAH), der Jacobs University und dem Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie kamen am Sonntag zur Probennahme an Bord. Ziel war die Kabeltonne, eine Langzeitmessstation auf der Helgoländer Reede (zwischen Hauptinsel und Düne), die seit Jahrzehnten von Meereswissenschaftlern beprobt wird. Die Wissenschaftler forschen gemeinsam im Projekt MIMAS (Mikrobielle Interaktionen in MARinen Systemen), ein vom BMBF gefördertes Projekt, das strukturelle und funktionelle Veränderungen mikrobieller Gemeinschaften in der Nord- und Ostsee untersucht.

Prof. Frank Oliver Glöckner, Leiter der Arbeitsgruppe Mikrobielle Genomik am Max-Planck-Institut, ist überzeugt, dass sich die Kooperation mit dem US-amerikanischen Wissenschaftlern für beide Seiten auszahlt. "Die Sequenzdaten der Sorcerer II aus der Nord- und Ostsee werden die Datengrundlage für das MIMAS Pro-

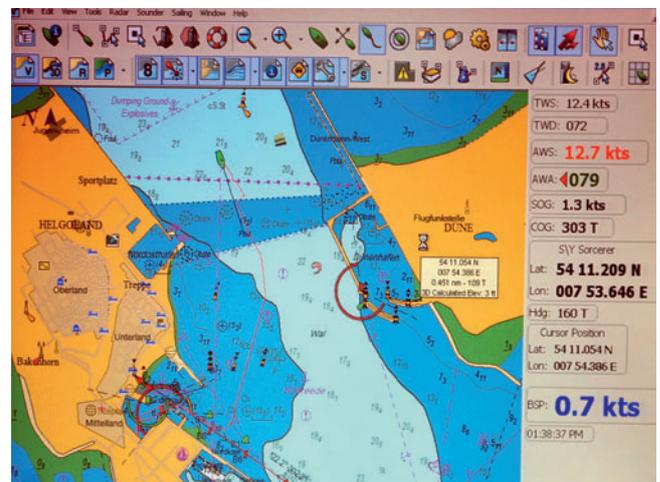
jekt erheblich erweitern. Sie werden zum ersten Mal einen globalen Vergleich von Meeresökosystemen auf molekularer Ebene ermöglichen."

Mikroben sind mit dem bloßen Auge nicht sichtbar. Schätzungen zufolge tragen sie etwa zur Hälfte der Gesamtbiomasse der Erde bei und steuern wichtige globale Prozesse zur Umsetzung von Kohlenstoffverbindungen wie das Treibhausgas Kohlendioxid. Leider sind die Kleinstlebewesen nur schwer zu untersuchen. Nur etwa 1% aller Arten lassen sich im Labor mit klassischen mikrobiellen Techniken anzüchten. Venter und sein Team wollen an die Genome der verbleibenden 99% heran. Dieses Genomprojekt ist nichtkommerziell und auf eine enge Kooperation mit den Wissenschaftlern der jeweiligen Küstenanrainerstaaten ausgelegt. Die angewandte DNA-Sequenzierungsstrategie ist eine Modifikation der erfolgreichen Shotgun-Methode: Venter's Team sequenzierte damit das menschliche Genom in nur neun Monaten. Die DNA wird dafür in kurze Bruchstücke zerlegt, kloniert und sequenziert. Die Einzelsequenzen werden dann mit Hilfe von Hochleistungscomputern und speziell zu diesem Zweck entwickelten Algorithmen wieder zusammengesetzt. J. Craig Venter vergleicht diesen Ansatz mit einem Puzzle aus sechs Milliarden Teilen. War das zusammensetzen des menschlichen Genoms schon kompliziert, ist es bei dem Ozean-Genomprojekt noch um einige Stufen schwieriger geworden. Jede einzelne Wasserprobe beherbergt eine unbekannte Anzahl verschiedenster Puzzleteile, die es zu lösen gilt. Doch die Methode funktioniert: In einer einjährigen Pilotstudie konnten bereits 1,2 Millionen neue Gene und 1800 neue Arten im Meer entdeckt werden. Die Sorcerer II-Expedition ist jetzt unterwegs in die Ostsee, weitere Stationen sind das Mittelmeer sowie das Schwarze Meer.

Quelle: IDW, 09.06.2009



Die Forschungssegelyacht Sorcerer II im Helgoländer Hafen (Foto: MPI für Marine Mikrobiologie).



Die Probennamestelle 'Kabeltonne' liegt auf der Helgoländer Reede zwischen Hauptinsel und Düne. Hier untersuchen deutsche Meereswissenschaftler seit mehreren Jahrzehnten die Biologie des Meeres (Foto: MPI für Marine Mikrobiologie).

Der Motor der antarktischen Artenvielfalt

Biologe erhält Forschungspreis der Barthelt-Stiftung

Dass im Südpolarmeer um die Antarktis deutlich mehr Tierarten leben als lange Zeit vermutet wurde, ist noch eine junge Erkenntnis der Forschung. Warum das so ist, untersuchte der Bochumer Biologe Dr. Florian Leese in seiner Dissertation: Aus dem Genom von Tieren



Die diesjährigen Preisträger Dr. Florian Leese (2.v.l.) und Dr. Esther Arning (2.v.r.) umrahmt von den Vorsitzenden der Annette Barthelt-Stiftung Prof. Dr. Antje Boetius und Prof. Dr. Wolf-Christian Dullo (Foto: IFM-GEOMAR, Kiel)

(Asseln) entwickelte Leese hoch informative genetische Marker, so genannte Mikrosatelliten, die Aufschluss geben über Artbildung und -erhaltung in einer vermeintlich lebensfeindlichen Umgebung. Die Ergebnisse der Arbeit belegen erstmals empirisch die Annahme, dass Artenbildung trotz wiederkehrender Vereisung möglich war. Leese

identifiziert damit die Prozesse, die den "Motor der antarktischen Biodiversitätspumpe" darstellen. Für seine herausragenden Forschungsergebnisse erhielt Dr. Leese am 29. Mai in Kiel den Forschungspreis 2009 der Annette Barthelt-Stiftung. Der Preis ist mit einem vom Bundesforschungsministerium (BMBF) geförderten Forschungsstipendium in Höhe von 5.100 Euro verbunden.

Mikrosatelliten geben Aufschluss

Ziel der Arbeit von Dr. Leese war, neue Methoden zu etablieren, um aus dem Genom von Tieren der Antarktis Mikrosatelliten für eine detaillierte genetische Analyse zu entwickeln. Diese Mikrosatelliten – zusammen mit bereits etablierten genetischen Markersystemen – erlauben es, die Verwandtschaft von Organismen zu bestimmen und dadurch Rückschlüsse zu ziehen über die Populationsstruktur, den Genfluss sowie über historische Populationsereignisse (zum Beispiel "Flaschenhalseffekt" oder Expansionen). Mit den so gewonnenen Informationen lässt sich verstehen, warum so viele Arten auf dem antarktischen Schelf entstehen und überleben konnten.

Labormethode und Software entwickelt

Florian Leese war auf dem Eisbrecher Nathaniel B. Palmer unterwegs in der Antarktis und nahm unter anderem Proben vor der einsamsten Insel der Welt, Bouvet. Für seine Dissertation entwickelte er eine moderne Laborroutine und eine entsprechende Analyse-Software, mit der die Marker für die bislang genetisch unbekannt Arten der Antarktis isoliert und angewandt werden konnten. Am Beispiel von drei Modellarten aus der Asselfamilie Serolidae testete er die Marker.

Zwei unterschiedliche Prozesse

Die Ergebnisse zeigen zwei unterschiedliche Prozesse: Meerestiere mit stark eingeschränktem Ausbreitungspotenzial, etwa die Riesenassel *Ceratoserolis*, konnten auch während der massiven, Jahrtausende dauernden Vereisungen in unabhängigen Refugien überleben. Die genetischen Daten, die Leese gewonnen hat, stimmen mit geophysikalischen Daten überein, wonach es tatsächlich eisfreie Flächen auf dem Schelf der Antarktis gegeben haben kann. So konnten Populationen der Assel beiderseits des Weddellmeeres auch ohne genetischen Austausch auf dem Kontinentalschelf existieren. "Die Höhe der genetischen Unterschiede belegt, dass die Populationen bereits weit vor der letzten Eiszeit in unabhängigen Refugien lebten", so Leese. Der zweite identifizierte Prozess beruht auf dem Gegenteil – dem Genfluss. In Aquarien konnte Leese beobachten, dass Vertreter der Art *Septemserolis septemcarinata* im Gegensatz zu allen anderen Arten auf Schwämme und anderes Substrat klettern und sich dort festhalten. So konnten sie vermutlich mit treibendem Substrat verdriftet werden und dadurch den Genfluss aufrecht erhalten.

Zwei Preisträger 2009

Mit seiner Dissertation beweist Dr. Leese erstmals molekularbiologisch, dass Artbildung auf dem relativ homogenen antarktischen Schelf und in der Subantarktis durch wiederkehrende, großflächige Vereisung unter Isolation möglich war. Seine Arbeit mit dem Titel "The recent evolutionary history of Antarctic and Subantarctic benthic isopods: Development and Analysis of fast evolving molecular markers" schrieb er am Lehrstuhl für Spezielle Zoologie der Ruhr-Universität Bochum (ehem. Prof. Dr. Johann Wolfgang Wägele) und am Alfred-Wegener-Institut in Bremerhaven (Arbeitsgruppe Dr. Christoph Held). Der Preis der Annette Barthelt-Stiftung für herausragende Arbeiten auf dem Gebiet der Meeresforschung wurde in diesem Jahr zum 20. Mal verliehen. Neben Dr. Leese erhielt Dr. Esther Arning vom Deutschen Geoforschungszentrum Potsdam den Preis der Stiftung; beide teilen sich das Forschungsstipendium und erhalten jeweils 2.550 Euro.

Quelle: IDW, 02.06.09

8

Plant GEM Lisbon 2009 Plant Genomics European Meetings



The »Plant Genomics European Meeting« (Plant GEM), annual meeting on the subject of plant genomics in all its facets, will take place from October 7-10 2009 in Lisbon, Portugal. Registration & Information on: www.plant-gem.org

Keynote Lectures by Nina Fedoroff, Catherine Feuillet and Thomas Mitchell-Olds.

Der jungen Forscher neue Wege

BMBF fördert die Zukunft der Bioenergie

Beim Ideenwettbewerb Bioenergie des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) sind jetzt die besten vier Vorhaben von jüngeren Forschern ausgewählt worden. "Mit insgesamt zehn Millionen Euro werden wir in den nächsten fünf Jahren grundlagenorientierte Forschungsvorhaben mit einem völlig neuen Ansatz zur Nutzung von Biomasse unterstützen", sagte am Freitag Thomas Rachel MdB, Parlamentarischer Staatssekretär im BMBF. Damit sollen neue Umwandlungsprozesse von Biomasse – vor allem aus biologischen Abfall- und Reststoffen – vorangetrieben sowie die züchterische Optimierung von Energiepflanzen unter Einsatz moderner Verfahren der Biotechnologie ausgebaut werden.

Zu den Gewinnern zählen Dr. Stefan Jennewein am Fraunhofer-Institut für Molekularbiologie und Angewandte Ökologie in Aachen, Prof. Christian Voigt von der Universität Hamburg – Biozentrum Klein Flottbek, Dr. Johannes Gescher und Sven Kerzenmacher von der Universität Freiburg sowie Dr. Jan Mumme vom Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. "Bei den ausgewählten Nachwuchswissenschaftlern ist es gelungen, diese von renommierten ausländischen Universitäten nach Deutschland zurückzuholen", betonte Rachel. Als Biologen, Chemiker und Ingenieure wurden die jetzt ausgewählten Wissenschaftler an namhaften nationalen und internationalen Universitäten in Berlin, Freiburg, Cambridge, Zürich, Stanford und Berkeley ausgebildet.

Mit dem "Ideenwettbewerb Bioenergie – Neue Wege beschreiten" im Rahmen der Förderinitiative BioEnergie 2021 wurden junge Forscherinnen und Forscher aufgerufen, sich mit neuen wissenschaftlichen Ideen und Konzepten jenseits der eingetretenen Pfade zu bewerben. Bei der Ausgestaltung des Ideenwettbewerbs wurden ebenfalls neue Wege beschritten: Nach

einer Vorauswahl durchliefen die Nachwuchswissenschaftler eine Serie von Trainings- und Schulungsworkshops. Neben der Diskussion über neueste technologische Entwicklungen war es Ziel dieser Workshop-Serie, die ökonomischen und ökologischen Anforderungen bei der energetischen Nutzung von Biomasse zu vertiefen. Das BMBF zielte zusätzlich zu den fachlichen Kompetenzen auf den Ausbau der überfachlichen Qualifikationen: Das Arbeiten in interdisziplinären Teams und auch die Entwicklung von Führungskompetenzen wurden vertieft behandelt. Ein weiterer Schwerpunkt lag auf dem direkten Kontakt und dem intensiven Austausch mit Praktikern. Exkursionen zu Firmen mit ausgewiesener Bioenergie-Expertise ermöglichten einen vertieften Blick in Produktionsstrukturen und Abläufe.

Neue Konzepte für die Bioenergienutzung sind notwendig, denn Deutschland ist bisher in großem Umfang abhängig von fossilen Energieträgern aus Importen: Beim Mineralöl zu 97 Prozent, beim Erdgas zu 83 Prozent und bei der Steinkohle zu 61 Prozent. "Durch die Nutzung von Biomasse kann ein wesentlicher Beitrag geleistet werden für die Unabhängigkeit von fossilen Rohstoffen und Energieträgern", erklärte Forschungsstaatssekretär Rachel.

Mit dem Ziel, die Potenziale der Bioenergie zu nutzen, sind jedoch große Herausforderungen für Forschung und Technologie verbunden. Grundsätzlich ist eine Effizienzsteigerung bei der Erzeugung und Nutzung landwirtschaftlicher Rohstoffe notwendig, um den Anteil von Energie aus heimischer Biomasse substantiell und nachhaltig zu erhöhen. Zugleich muss eine Konkurrenz zwischen Energie- und Nahrungsmittelproduktion vermieden werden. Diesen Forschungs- und Entwicklungsbedarf greifen die jetzt geförderten Projekte auf. [Quelle: BMBF, 12.06.2009](#)



Während des Trainings- und Schulungsworkshops stand auch der Besuch einer Biogasanlage an. Auf diese Weise konnten sich die jungen Forscher vor Ort ein Bild der heute gängigen Praxis machen (Foto: © Lianem – Fotolia.com).



Bioenergie hat viele Gesichter: Neben Biodiesel und Biogas sind auch Pellets aus Holzspäne in den letzten Jahren ein Teil des regenerativen Energiemixes geworden (Foto: © Gerhard Seybert – Fotolia.com).

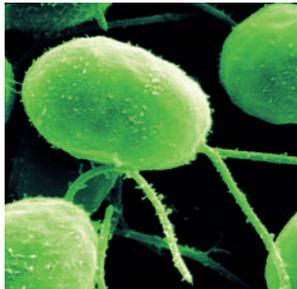
Forschung von Alge bis Zwenke

Projekte der ersten PLANT-KBBE-Ausschreibung gestartet

Matthias Artl



Im zweiten Quartal 2009 starteten die Projekte der ersten PLANT-KBBE-Ausschreibung. PLANT-KBBE, das steht für „transnational Plant Alliance for Novel Technologies – towards implementing the Knowledge-based Bio-Economy in Europe“ und ist das Flaggschiff der transnationalen Kooperation im Bereich der angewandten Pflanzengenomforschung.



Um die einzellige Alge *Chlamydomonas reinhardtii* dreht sich die Arbeit im Projektverbund ALGALGLYCO. Die Wissenschaftler erforschen die Produktion rekombinanter Proteine in diesem Organismus (Foto: Dartmouth Electron Microscope Facility, Dartmouth College).

Das gemeinsame Programm von Forschungsförderinstitutionen aus Frankreich (ANR und MESR), Spanien (MCINN) und Deutschland (BMBF) stellt die Fortsetzung der erfolgreichen bi- und trilateralen Kooperationen der drei Länder, sowie dem „ERA-Net Plant Genomics Sub Call B“ dar. Einzigartig hierbei ist die enge Zusammenarbeit von öffentlichen Forschungsinstitutionen und der privaten Wirtschaft.

Die erste Ausschreibung im Rahmen der Initiative fand zu Beginn des letzten Jahres statt.

Nach der Begutachtung der eingereichten Projektvorschläge durch ein internationales Expertenteam konnten sich schließlich zwölf Projektverbünde aufgrund ihrer wissenschaftlichen Exzellenz und vorbildlich aufgestellter Kooperation zwischen öffentlichen und privaten Partnern durchsetzen. Die Wissenschaftler forschen dabei nicht nur an altbekannten Nutzpflanzen wie Mais oder Modellorganismen wie *Arabidopsis*. Unter anderem kamen mit der einzelligen Alge *Chlamydomonas reinhardtii* und dem Süßgras *Brachypodium distachyon* – zu Deutsch Zwenke – auch neue Forschungsobjekte hinzu. Weitere Informationen zu den einzelnen Projekten sind auf den GABI-Webseiten unter www.gabi.de/projekte-international-plant-kbbe.php zu finden.



Im Rahmen des Verbundprojektes GRAPE ReSEQ erfolgt die Resequenzierung von Reb-Genomen zur Identifikation von züchterisch relevanten Merkmalen der Weinrebe.

(Foto: © Okin – Fotolia.com).

Die zweite Bekanntmachung des internationalen Programms PLANT-KBBE wurde zu Beginn dieses Jahres veröffentlicht. Der GenomXPress berichtete in der letzten Ausgabe. Auch in diesem Jahr lag der Fokus wieder auf Projektvorschlägen mit internationalen Kooperationen zwischen Wissenschaft und Wirtschaft einzureichen. Unterstützt wurden die Antragsteller dabei durch eine Webseite, auf der Sie ihre Ideen präsentieren und den passenden Partner finden konnten. Zur weiteren Unterstützung bei der Bildung der Forschungskonsortien fand vom 15. bis 16. April 2009 außerdem ein Partnering Workshop in Barcelona (Spanien) statt. Am 29. Mai 2009 endete die Einreichungsfrist für die Projektvorschläge zur zweiten PLANT-KBBE Ausschreibung. Die erfolgreichen Projekte aus der zweiten Förderphase werden Anfang 2010 beginnen, parallel dazu ist eine dritte Förderrunde geplant. Die genauen Termine werden rechtzeitig auf den GABI-Webseiten (www.gabi.de) bekannt gegeben.

Die zwölf erfolgreichen Projektverbünde im Einzelnen:

ALGALGLYCO – Produktion von rekombinanten Glykoproteinen im Chloroplasten von Mikroalgen unter Ausnutzung eines nativen Plastidensortierungsmechanismus

BALANCE – Rolle niedermolekularer Metaboliten in der Modulation pflanzlicher Antworten auf Umweltstress und Wachstum

BOTBANK – Erstellung einer kartierten Datenbank für *Botrytis cinerea* T-DNA Transformanten als Basis für die Untersuchung der pathogenen Entwicklung und von Pflanzenresistenz

CELLWALL – Identifizierung, molekularbiologische Charakterisierung und Modifizierung von Transkriptionsfaktoren und Rezeptorkinasen, die die Zellwandverzuckerung für Bioethanolproduktion erleichtern

CORN FED – Von Biodiversitäten zur Biomasse: Integration innovativer Genotypisierungs- und Phänotypisierungsmethoden zum Auffinden von Schlüsselallelen für die Entwicklung von Energiemaisideotypen

FOSSI – Analyse der pflanzlichen Signaltransduktionsmechanismen in Phosphatmangel-Identifizierung und funktionelle Analyse neuer Mitspieler

FraGENOMIC – Genetische Genomik zur Verbesserung der ernährungsphysiologischen Qualität der Erdbeerfrucht

GRAPE ReSEQ – Hochdurchsatz Re-Sequenzierung im Genus *Vitis*

HOT IRON – PLANT PROGROW – Eisentransport und Homöostase in Pflanzen – Ansätze zur Verbesserung von Produktivität und Wachstum

SEPSAPE – Pflanzen-basierte Produktion antimikrobieller Peptide für pharmazeutische und landwirtschaftliche Nutzung

STREG – Neue wissenschaftsbasierte abiotische Stressregulatoren

TRANSNET Transkriptionelle Netzwerke und deren Evolution in den Brassicaceen

Exzellente Abschlussarbeiten gesucht

bis 31. Juli für den BIOTECHNICA Studienpreis 2009 bewerben

Der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin (VBIO e. V.) schreibt zum zweiten Mal den mit insgesamt 5.000 Euro dotierten BIOTECHNICA Studienpreis aus. Roche, das weltweit größte Biotechnologieunternehmen, ist Sponsor des Preises. Bewerben können sich Verfasser von hervorragenden experimentellen Abschlussarbeiten (Diplom, Bachelor, Master oder Staatsexamen) aus allen Bereichen der Biowissenschaften.

Egal ob die Arbeit aus Biotechnologie, Biomedizin, Bionik oder aus einer der klassischen Disziplinen der Biologie stammt: Entscheidendes Auswahlkriterium ist Interdisziplinarität – also innovatives Denken und Forschen über die eigene Teildisziplin hinaus. Ferner sollte in der Arbeit ein besonderer wissenschaftlicher Pioniergeist erkennbar sein. Dadurch unterstreicht der BIOTECHNICA Studienpreis 2009 auch die Verbandsphilosophie des VBIO, unterschiedliche biowissenschaftliche Disziplinen unter einem Dach zu einen und den Nachwuchs besonders zu fördern.

Der 1. Preis ist mit 2.500 Euro, der 2. Preis mit 1.500 Euro und der 3. Preis mit 1.000 Euro dotiert. Der BIOTECHNICA Studienpreis umfasst ferner eine zweijährige kostenlose Mitgliedschaft im VBIO. Die Verleihung der Preise wird im Oktober 2009 in Hannover auf der BIOTECHNICA Fachmesse stattfinden. Absolventen oder deren Dozenten können sich mit Abschlussarbeiten bewerben, die nach dem Juli 2008 fertig gestellt wurden. Eine Jury aus Fachwissenschaftlern begutachtet die eingegangenen Arbeiten. Eine Nichtberücksichtigung durch die Jury muss nicht begründet werden. Die Arbeit soll bevorzugt elektronisch im pdf-Format an info@vbio.de eingereicht werden.

Weitere Informationen erteilt Dr. Carsten Roller, Ressort Ausbildung und Karriere, Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland e. V. (VBIO) Geschäftsstelle München, Corneliusstr. 12, D-80469 München, Tel. 089-26024573, info@vbio.de, www.vbio.de. [Quelle: vbio, 19.05.2009](http://www.vbio.de)

Buch-Neuerscheinung



Welt der Bakterien – Die unsichtbaren Beherrscher unseres Planeten

Das neue Buch von Gerhard Gottschalk beschreibt in anschaulicher Weise die unglaubliche Vielfalt und den enormen Einfluss von Bakterien auf unsere Welt. Bakterien haben unsere

Erde in einem Ausmaß verändert wie keine andere Lebensform und sie zu dem Planeten gemacht, auf dem wir leben können. Sie schufen die sauerstoffhaltige Atmosphäre; ohne sie gäbe es keine Stickstofffixierung, der wir letztlich die Proteine verdanken; ihre Synthese- und Abbaukünste ermöglichen das ständige Wachsen und Vergehen in der Natur. Auch der Mensch macht sich ihre Fähigkeiten seit Jahrtausenden zu Nutze, etwa bei der Herstellung von Wein, Essig oder Käse. In großtechnischen Anlagen produzieren Bakterien Waschmittelenzyme, Humaninsulin oder Antibiotika. Jedoch haben Bakterien auch ihre „schlechten“ Seiten: Sie verursachen Krankheiten und produzieren die stärksten Gifte, die es überhaupt gibt. Über all diese Themen und noch viel mehr wird in diesem Buch berichtet und dabei kommen erstaunliche Details zur Sprache, z. B. dass der menschliche Körper mehr Bakterienzellen als Menschenzellen enthält. Auch zur aktuellen Klimadebatte wird Stellung genommen. Das Buch wendet sich in erster Linie an den mikrobiologisch interessierten Laien, verspricht aber auch für den Fachmann eine Menge Hintergrundwissen, da eigens für dieses Buch mehr als 45 namhafte NaturwissenschaftlerInnen "aus dem Nähkästchen plaudern".

ISBN: 978-3-527-32520-7 Wiley-VCH

ETNA – European Training and Networking Activity Plant Genomics and Bioinformatics



Special focus 2009: Plant Phenotyping



The fundamental idea of ETNA is to build a network on plant genome research and bioinformatics in Europe. The planned ETNA courses will combine the latest theoretical knowledge with practical lessons. The target group for the courses is PhD students and postdocs with a maximum of six years work experience. Application deadline for the 2009 course is 27 August 2009

www.eu-summer-school.org

31 October – 8 November 2009, Jülich Research Centre, Germany

Gene aus dem Eis

Forscher des Alfred-Wegener-Instituts erhalten international einmaliges Projekt, um das Erbgut eines polaren Ökosystems zu entschlüsseln

Schon in der Vergangenheit gelang es Forschern des Alfred-Wegener-Instituts für Polar- und Meeresforschung in der Helmholtz-Gemeinschaft in internationaler Zusammenarbeit, das Genom einer Meereisalge und eines Meereisbakteriums zu sequenzieren und damit wertvolle Erkenntnisse über die genetische Anpassung an die extreme Umwelt von Arktis und Antarktis zu erlangen. Nun werden sie noch einen Schritt weiter gehen und erstmals ein polares Metagenom entschlüsseln, also die Gesamtheit aller Erbanlagen, die in einer kompletten Lebensgemeinschaft im Meereis vorhanden sind.

In einem internationalen Wettbewerb, den die Firma Roche für die Förderung von Sequenzierungsprojekten auslobt hatte, gelang es dem Molekularbiologen Klaus Valentin vom Alfred-Wegener-Institut und seinem Kollegen Thomas Mock von der University of East Anglia, Norwich, UK, sich gegen eine große internationale Konkurrenz von rund 250 Anträgen, darunter auch medizinische Projekte, durchzusetzen und den zweiten Platz zu belegen. Dadurch erhalten die Molekularbiologen mit einem Projekt der Grundlagenforschung Zugang zu den weltweit derzeit einzigartigen methodischen Möglichkeiten der Firma Roche und können ein Metagenom in einer Größe von bis zu 3 Milliarden Basenpaaren sequenzieren. Zum Vergleich: ein durchschnittliches Gen ist ca. 1500 Basenpaare groß, eine Meereisalge umfasst etwa 50-100 Millionen Basenpaare. Die vorgesehene Datenmenge entspricht also potenziell 1-2 Millionen neuer Gene oder 50 einfach sequenzierten Eisalgen-genomen. Weltweit wurden bisher nur wenige, überwiegend bakterielle Metagenome verschiedener Lebensräume entschlüsselt. Mit dem neuen Projekt wird erstmals ein eukaryotisches, genetisch also komplexeres, polares Metagenom sequenziert.

Dabei wollen die Mikrobiologen aus Bremerhaven und Norwich auch Gene finden, die derzeit "ausgeschaltet" sind. "Durch



Anders als Süßwassereis ist Meereis von feinen Poren durchzogen, in denen sich flüssiges Wasser mit hoher Salzkonzentration befindet. In diesem Lebensraum hat sich über Jahrmillionen eine dichte und stark spezialisierte Lebensgemeinschaft ausgebildet, die von sehr unterschiedlichen Mikroorganismen dominiert wird. Die braune Färbung des Eises zeigt die belebten Bereiche an (Foto: Christiane Uhlig, Alfred-Wegener-Institut).

unsere bisherige Arbeit haben wir vor allem aktive Erbanlagen entschlüsselt, die für das Überleben unter heutigen Lebensbedingungen mitbestimmend sind. So konnten wir bei polaren Kieselalgen zum Beispiel Gene für Gefrierschutzproteine finden", erläutert Klaus Valentin. "Mit dem neuen Projekt wollen wir auch die Potentiale kennen lernen, die im Erbgut schlummern. Deshalb werden wir aktive und inaktive Gene sequenzieren. Denn wenn sich in Zukunft Umweltfaktoren wie Temperatur, Kohlendioxidkonzentration oder Lichtintensität verändern, ist es wichtig zu wissen, über welche Anpassungsmöglichkeiten an den Klimawandel polare Lebensgemeinschaften aufgrund ihrer genetischen Grundausstattung verfügen." [Quelle: IDW, 11.06.2009](#)

Forschen zum Leben

Eröffnung des Zentrums für Biosystemanalyse (ZBSA) der Universität Freiburg

Mit einem hochkarätigen wissenschaftlichen Symposium eröffnete die Albert-Ludwigs-Universität das neue Zentrum für Biosystemanalyse (ZBSA). In unmittelbarer Nachbarschaft der Biologischen Institute der Universität gelegen, beherbergt das Institut etwa 100 Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern, deren Arbeitsplätze mit modernster Technik ausgestattet sind. Die Landesregierung und der Bund unterstützten den Bau und die Gründung des ZBSA mit mehr als 20 Millionen Euro. Kernthema des Instituts ist die Systembiologie, die verschiedene Fachdisziplinen zu einer neuen Form der Wissenschaft vereint. So will sie bisher verborgene Einblicke in die Funktionsweisen der Natur schaffen und vor allem grundlegende biomedizinische und biotechnologische Fragen beantworten. Der interdisziplinäre Charakter der Systembiologie spiegelt sich darin wider, dass am Zentrum für Biosystemanalyse sowohl alle lebenswissenschaftlichen Fakultäten der Universität mit den Fakultäten für Biologie, für Medizin, für Forst- und Umweltwissenschaften und für Chemie, Pharmazie und Geowissenschaften, als auch die Fakultäten Mathematik und Physik und die Technische Fakultät beteiligt sind. Damit stellt das ZBSA ein gelungenes Beispiel der Neuen Universität dar, in der sich wechselseitig befruchtende Fakultäten zu einem gemeinsamen Ziel beitragen, das keine der Disziplinen alleine erreichen kann. Die Interaktion zwischen den so genannten "nassen" Lebenswissenschaften wie Biologie, Medizin und den "trockenen" theoretischen Wissenschaften wie Mathematik, Physik, Ingenieurwissenschaften und Informatik wird auch zu neuen Entwicklungen auf der theoretischen Seite führen. Die Mathematik wird helfen, die Experimente der Lebenswissenschaften optimal durchzuführen, ihre Ergebnisse zu interpretieren und in einen Gesamtzusammenhang zu stellen. Basierend auf den verschiedenen Einzeldisziplinen werden die wissenschaftlichen Arbeiten nicht nur zu einem tieferen Verständnis der Biologie beitragen, sondern auch in die "angewandte Biologie" und die biotechnologische Anwendungen betreffen. Beispiele hierfür sind der Bereich der Energieerzeugung und der Sicherung der Nahrungsgrundlage, sowie die verbesserte Diagnostik von Krankheiten. [Quelle: IDW, 16.06.2009](#)

Wissenschaft kompakt

Senfö-Glycoside schützen bei Blattlaus-Alarm

Nicht nur Nutz- und Zierpflanzen haben Probleme mit Blattläusen, auch Modellpflanzen aus Forschung und Pflanzenzüchtung wie *Arabidopsis thaliana* werden von ihnen attackiert. Wissenschaftler haben jetzt durch genetische Analysen ein Gen entdeckt, das die pflanzeneigene Verteidigung gegen Blattläuse



Kolonie von *Myzus persicae* auf *Arabidopsis thaliana* (Foto: MPI für chemische Ökologie; Juergen Kroy-mann).

stärkt. Das Gen CYP81F2 bewirkt eine chemische Veränderung natürlich vorkommender Abwehrstoffe aus der Gruppe der Glucosinolate – auch bekannt als Senfö-Glycoside, die den stechend-scharfen Geschmack von Senf, Meerrettich und anderen Kohlgewächsen prägen – und beeinflusst so die Vermehrung der grünen Pfirsich-Blattlaus (*Myzus persicae*).

Aus der chemischen Grundstruktur von Senfö-Glycosiden können mehr als 120 verschiedene Glucosinolat-Moleküle gebildet werden. Pflanzen aus der Ordnung der Brassicales, zu der auch Kreuzblütler wie *A. thaliana* gehören, besitzen Enzyme, die diese molekulare Vielfalt erzeugen und so zur Abwehr gegen Schädlinge beitragen können. Schon lange bekannt sind Glucosinolate als Giftstoffe gegen Fraßfeinde. Und erst kürzlich konnten Wissenschaftler zeigen, dass Glucosinolate im pflanzlichen Stoffwechsel auch zu Molekülen umgewandelt werden können, die in Pflanzen gegen Pilzbefall wirken. Mit der Entdeckung des Gens CYP81F2, seiner nachfolgenden Charakterisierung und durch Laborversuche mit der grünen Pfirsich-Blattlaus kommt nun eine neue Rolle der Glucosinolate als Wirkstoff gegen Blattläuse hinzu. In Versuchsreihen mit Wildtyp-Pflanzen, die das intakte Gen tragen, und Mutanten, in denen CYP81F2 nicht mehr funktionierte, konnten die Forscher feststellen, dass sich auf den Wildtyp-Pflanzen nach einer Woche etwa ein Drittel weniger Blattläuse tummelten als auf den Mutanten. Da Blattläuse sich nahezu exponentiell vermehren, konnten sie daraus schließen, dass CYP81F2 eine enorme Auswirkung auf das Wachstum von Blattlaus-Kolonien hat. CYP81F2 kodiert für eine so genannte Cytochrom P450 Monooxygenase, welche die Bildung des gegen Blattläuse wirksamen Senfö-Glycosids 4-Methoxyindol-3-yl-methylglucosinolat (4MO-I3M) einleitet. Gegen die Raupen von anderen Insekten wie Schmetterlingen (Kohlweißling) und Motten (Kohlmotte) zeigte der Stoff keinerlei Wirkung. Er richtet sich somit wahrscheinlich ganz spezifisch gegen Blattlausbefall. Blattläuse beißen keine Stücke aus den Blättern, so wie Raupen das tun. Stattdessen zapfen sie gezielt und ohne größeren Schaden am pflanzlichen Gewebe direkt die Blattadern an, welche Glucosinolate enthalten, die gegen die Blattläuse wirken. Nur Kreuzblütler und verwandte Pflanzen können Glucosinolate bilden und sich damit via 4MO-I3M gegen Blattläuse wehren. Wichtige Nutzpflanzen wie sämtli-

che Kohlsorten und auch Raps, die zur Familie der Kreuzblütler gehören, können so einen Blattlausbefall in Grenzen halten. Das Wissen um das Gen CYP81F2 und den Wirkstoff 4MO-I3M verspricht neue Entwicklungen und Anwendungen in der Pflanzenzüchtung und im Pflanzenschutz. Die genetischen Analysen, die die Wissenschaftler einsetzten, basierten auf der Kartierung eines so genannten "quantitative trait locus" (QTL), also einer genetischen Region auf einem der Chromosomen von *Arabidopsis thaliana*, der verantwortlich für Variationen im Glucosinolatstoffwechsel ist. Durch Feinkartierung und umfassende Genexpressions-Analysen konnte schließlich das Gen CYP81F2 identifiziert werden. Das Ur-Substrat für das Senfö-Glycosid 4MO-I3M ist die Aminosäure Tryptophan.

Originalpublikation: Pfalz, M. et al. (2009) *The gene controlling the Indole Glucosinolate Modifier 1 quantitative trait locus alters indole glucosinolate structures and aphid resistance in Arabidopsis. The Plant Cell* 21, 985-999 (2009). doi: 10.1105/tpc.108.063115

Eine genetische Basis für Gezwitscher

Um Personen sicher bei einem Telefongespräch zu identifizieren, hat die Industrie Computerprogramme entwickelt, die unabhängig vom gesprochenen Text eine zweifelsfreie Sprecherkennung anhand von Stimmcharakteristika ermöglichen soll. Diese Technik bedient sich der Tatsache, dass die Klangfarbe unserer Stimme von den uns angeborenen Resonanzeigenschaften des Rachenraumes bestimmt wird. Bei einer Erkältung ändert die verstopfte Nase diese Resonanzeigenschaften und die Software stößt an ihre Grenzen. Eine solche Software wurde nun erstmals auch von Genetikern und Bioakustikern eingesetzt, um die Stimmereigenschaften von 379 weiblichen und 429 männlichen Zebrafinken zu erforschen. Das Lautäußerungsrepertoire weiblicher Zebrafinken umfassten lediglich angeborene Rufe. So zwitschern alle Weibchen das gleiche Stückchen "Text", aber dies individuell ganz ver-



Männliche Zebrafinken lernen sowohl ihren Ruf als auch ihren Gesang von einem Tutor (Foto: MPI für Ornithologie)

schieden, eines mit kratziger, eines mit nasaler, ein drittes mit klangvoller Stimme. An diesen Klangeigenschaften können sich die Zebrafinken gegenseitig individuell erkennen. Männliche Zebrafinken hingegen lernen sowohl ihren Ruf als auch ihren Gesang von einem Tutor. Diese Form der kulturellen Weitergabe hat eine gewaltige Vielfalt an

Lautäußerungen, also an "Text", hervorgebracht. Als die Wissenschaftler aus dem textlichen Wust nun die klanglich charakteristischen Eigenschaften isolierten, ließen sich auch hierin interessante Muster erkennen. Überraschenderweise zeigen die Brüder der Weibchen unabhängig von ihrer "sprachlichen Erziehung" eben-

so die familienspezifischen kratzigen, nasalen oder klangvollen Stimmen. Eine solche Erbllichkeit der Stimmeigenschaften könnte von den Vögeln zur Verwandtenerkennung genutzt werden, beispielsweise bei der Partnerwahl zur Inzuchtvermeidung, oder bei der Brutfürsorge zur Erkennung von Kuckuckskindern. Ob sie dies auch tun, müssen zukünftige Studien jedoch erst noch klären. Eine tiefe Stimmlage beispielsweise entsteht durch einen langen vokalen Trakt. Sie spiegelt also bis zu einem gewissen Grad auch die gesamte Körpergröße des Lauterzeugers wider. Gerade bei Vögeln, bei denen das Federkleid viel von den wahren Konturen verhüllt, kann also die Stimmlage auch die Größe anzeigen. Die neue Studie schafft eine wichtige Grundlage zum Verständnis dessen, was Vögel mit der Stimme alles signalisieren könnten. Ob die der Stimme innewohnende Information allerdings auch von den Vögeln genutzt wird, muss die Zukunft erst noch zeigen.

Originalpublikation: Forstmeier, W. et al. (2009) *The genetic basis of zebra finch vocalizations*. *Evolution*, Online-Vorabveröffentlichung 23. April 2009. DOI:

Mit Zebrafischen gegen das Vergessen

Rund eine Million Menschen leiden in Deutschland an der Alzheimerschen Erkrankung. Weltweit sind es nach Schätzungen zwischen zwölf und 18 Millionen Patienten. Nicht zuletzt wegen der immer älter werdenden Menschen in den westlichen Gesellschaften geht der Trend sogar nach oben. Die Suche nach ursächlichen Therapien tut Not, denn noch immer lässt sich das Sterben im Kopf nicht besiegen. Der Untergang der Neuronen lässt sich auch erst nach dem Tod des Patienten zweifelsfrei belegen. Selbst im Tiermodell konnte die Zerstörung der Nervenzellen



Der Zebraäbrbling (*Danio rerio*) wird im Laborjargon auch Zebrafisch genannt (Foto: Wikipedia.de).

bislang nur sehr bedingt beobachtet werden. Forscher haben jetzt ein Gen in Zebrafische eingeschleust, das bei menschlichen Patienten zu einer erblichen Form von Alzheimer führt. Mit Erfolg: Bei den Tieren zeigten sich die charakteristischen Symptome, etwa auch Ablagerungen in Nervenzellen und der selektive Untergang von Neuronen. Dies ließ sich erstmals sogar live beobachten. Dafür sind die durchsichtigen Larven der Zebrafische unter einem Lasermikroskop über einen längeren Zeitraum untersucht worden. Die Wissenschaftler gaben einen Farbstoff ins Wasser, der gezielt sterbende Zellen anfärbt. So ließ sich der Tod der Neuronen direkt beobachten. Damit sollte auch zu sehen und zu testen sein, ob potentielle Wirkstoffe tatsächlich einen schützenden Effekt haben. Erste Versuche mit neu entwickelten Substanzen haben dies bereits bestätigt: Ein Wirkstoff war in lebenden Fischen aktiv – und konnte die krankheitsbedingten Prozesse im Zebrafisch zumindest teilweise blockieren.

Originalpublikation: Paquet, D. et al. (2009) *A transgenic zebrafish model for Tauopathies allows in vivo imaging of neuronal cell death and drug evaluation*. *Journal of Clinical Investigation*, Online 13. April 2009. doi: 10.1172/JCI37537

geht der Trend sogar nach oben. Die Suche nach ursächlichen Therapien tut Not, denn noch immer lässt sich das Sterben im Kopf nicht besiegen. Der Untergang der Neuronen lässt sich auch erst nach dem Tod des Patienten zweifelsfrei belegen. Selbst im Tiermodell konnte die Zerstörung der Nervenzellen

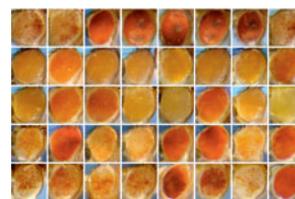
Natürlicher Pflanzenschutz durch Bakterien

Das Bakterium *Pseudomonas fluorescens* ist ein natürlicher Pflanzenschutz. Es besiedelt die Wurzeln und kann den Befall von Getreide und anderen Pflanzen mit Pilzen verhindern. Dazu produziert es u.a. verschiedene Gifte (Toxine). Leider scheitert die praktische Anwendung zur Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten oft an einem Phänomen: Bakterien der Kolonie mutieren zu "Schmarozern" (engl.: Cheater), d.h. sie nutzen zwar die Annehmlichkeiten der Gruppe, wirken aber nicht mehr bei der Giftproduktion mit. Eine plausible Erklärung für diesen Mechanismus gab es bislang nicht. Die Bakterien schützen sich vor ihren Fressfeinden mit den gleichen Toxinen mit denen sie Pilze abwehren. Zu diesen Feinden gehören Einzeller, wie die in dem Versuch eingesetzte Amöbe *Acanthamoeba castellanii* und bakterienfressende Fadenwürmer. Der Kölner Zoologe Prof. Dr. Michael Bonkowski hat jetzt gemeinsam mit Kollegen der Universitäten Göttingen und Lausanne herausgefunden, dass die Bakterienfresser selektiv die ungiftigen Schmarotzer-Bakterien konsumieren und dabei die Toxinproduktion der Bakteriengemeinschaft fördern. Mit diesem Ergebnis wurde nicht nur eine Erklärung für die Mutation der Bakterien gefunden, sondern gleichzeitig eine Möglichkeit aufgezeigt, wie man den bakteriellen Pflanzenschutz stabilisieren kann.

Originalpublikation: Alexandre Jousset, A. et al. (2009) *Predators promote defence of rhizosphere bacterial populations by selective feeding on non-toxic cheaters*. *ISME Journal* 3, 666–674. doi:10.1038/ismej.2009.

Funktionsweise des Genom-Stabilisators

In einer Zelle finden sich bekanntlich alle Gene, die der Mensch besitzt. Allerdings muss in jeder Zelle genau das Gen aktiv werden, das an dieser Stelle zu diesem Zeitpunkt gebraucht wird. Alle anderen Gene müssen stillgehalten werden. Dafür sorgt unter anderem das DNMT2-Enzym, indem es eine Strukturveränderung der DNA hervorruft. Dass dieses Enzym tatsächlich die DNA-Modifizierung kontrolliert und welche Reaktionsfolge dabei abläuft, konnten Wissenschaftler jetzt erstmals nachweisen und beschreiben.



Die Farben der Fliegenaugen führten zu den entscheidenden Erkenntnissen (Foto: Martin-Luther-Universität, Arbeitsgruppe Entwicklungs-genetik).

Sie machten sich dafür eine entscheidende Erkenntnis zunutze: Das DNMT2-Enzym ist evolutionär besonders hoch konserviert, und es gibt nur geringe Unterschiede zwischen dem Säugetier-Enzym und jenem der Taufliege (*Drosophila melanogaster*). In den Fliegen konnten sie das Enzym deaktivieren und anschließend Bereiche identifizieren, in denen normalerweise die Stilllegungen ablaufen. Wenn unter dem Mikroskop beispielsweise gefleckte Augen zu erkennen waren, wussten sie: In der Nähe passiert es. Fällt die Reaktion zur Stilllegung aus, hat dies enorme

Konsequenzen für die Stabilität des Genoms. Mobile Elemente werden dann extrem aktiv, und es gehen zum Beispiel ganze Chromosomen verloren. Wenn Genome instabil werden, können Krankheiten wie Krebs entstehen. Daher ist es sehr wichtig die entsprechenden Stabilitätsfaktoren zu kennen. Mit ihrer Arbeit haben die Forscher einen wichtigen Einblick in die molekularen Prozesse erhalten, die für die Stabilität der Genome höherer Organismen verantwortlich sind. Es gibt jedoch noch andere Stilllegungsprozesse, bei denen auch eine gegenseitige Kompensation möglich ist. Um diese Komplexität zu verstehen, wollen die Wissenschaftler nun das menschliche DNMT2-Enzym künstlich an bestimmte Gene der *Drosophila* koppeln. Die Kernfrage dabei ist, wie das entsprechende Gen stillgelegt wird. Die Rolle dieses wichtigen Enzyms bei unterschiedlichen zellulären Prozessen in verschiedenen Organismen wollen insgesamt sieben Wissenschaftler-Teams aus Deutschland und Israel analysieren, die sich zu einer Forschergruppe zusammengefunden haben.

Originalpublikation: Sameer Phalke, S. et al. (2009) *Retrotransposon silencing and telomere integrity in somatic cells of Drosophila depends on the cytosine-5 methyltransferase DNMT2*. *Nature Genetics*, Online am 3. Mai 2009. doi:10.1038/ng.360

Acht neue Blutdruck-Gene entdeckt

Weltweit sind etwa 1 Milliarde Menschen von der Volkskrankheit Bluthochdruck betroffen, in Deutschland allein etwa 15 bis 20 Millionen. Bluthochdruck ist ein wesentlicher Risikofaktor für Herzerkrankungen und Schlaganfall und verursacht pro Jahr weltweit



etwa sieben Millionen Todesfälle. Wichtige Ursachen für Bluthochdruck sind ein hoher Kochsalzkonsum, Übergewicht, Bewegungsmangel, Alkoholmissbrauch und eine genetische Veranlagung. Welche Gene dabei eine Rolle spielen, war bisher unbekannt. Einem internationalen Wissenschaftler-Konsortium ist es nun erstmals gelungen, genetische Varianten zu identifizieren, die sich auf den Blutdruck auswirken. Die Wissenschaftler sind damit der

In Deutschland leidet jeder fünfte an Bluthochdruck. Dabei spielen unter anderem auch genetische Faktoren eine Rolle. Acht Gene für eine solche Prädisposition konnten nun identifiziert werden (Foto: © amridesign – Fotolia.com).

Aufklärung der genetischen Ursachen dieser weit verbreiteten Erkrankung ein großes Stück näher gekommen. Die beteiligten Wissenschaftler aus Greifswald "durchsiebten" das menschliche Genom auf der Suche nach Genvarianten, die sich auf den Blutdruck auswirken. Dabei verglichen sie ca. 2,5 Mio. Genvarianten von über 4.000 Studienteilnehmern und maßen über 4.000 Mal exakt den Blutdruck. Weltweit wurden auf diese Weise über 34.000 Menschen untersucht. Gemeinsam gelang es dem internationalen Wissenschaftler-Verbund, acht genetische Varianten ausfindig zu machen, die jeweils ursächlich mit einem leicht erhöhten oder niedrigeren Blutdruck in Zusammenhang gebracht werden konnten. Um ganz sicher zu gehen, dass die

Befunde auch wirklich zutreffen, überprüften die Wissenschaftler die gefundenen Genvarianten zusätzlich bei weiteren ca. 90.000 Europäern und 12.000 Asiaten. Somit wurde im Rahmen dieser Studie die Genetik von über 136.000 Menschen analysiert, um die "Verursacher" des gefährlichen Bluthochdrucks aufzuspüren. Obwohl jede Einzelne der gefundenen Genvarianten den Blutdruck nur geringfügig (0,5 – 1 mmHg) beeinflusst, weisen die Wissenschaftler darauf hin, dass die Kombination ungünstiger Varianten das Risiko für einen Herzinfarkt oder Schlaganfall deutlich erhöhen kann. Außerdem tragen die neuen Erkenntnisse dazu bei, die Ursachen des Bluthochdrucks besser als bisher zu verstehen und möglicherweise neue Methoden der Behandlung dieser Erkrankung zu finden.

Originalpublikation: Newton-Chen, C. et al. (2009) *Genome-wide association study identifies eight loci associated with blood pressure*. *Nature Genetics*, online May 10, 2009. doi:10.1038/ng.361

Gleiche Erträge mit weniger Wasser

Feldpflanzen, die bei gleichen Erträgen weniger Wasser brauchen als bisher – darauf werden angesichts des Klimawandels auch deutsche Landwirte bald angewiesen sein. Damit Pflanzen von sich aus mehr Wasser sparen als bisher, muss ihre "innere Alarmanlage" sensibler gemacht werden. Kernstück dieser Alarmanlage ist ein Signalempfänger – ein Rezeptor, nach dem Pflanzenforscher in aller Welt seit Jahren fahnden. Trockenheit ist purer Stress für Pflanzen. Wenn es zu heiß oder trocken wird, schütten sie deshalb ein pflanzliches Stresshormon aus, die Abscisinsäure (ABA). Dieser Signalstoff sorgt unter anderem dafür, dass die Pflanzen winzige Öffnungen in ihren Blättern, die Spaltöffnungen, schließen, um so ihren Wasserverlust zu verringern. Um diese Anpassungsreaktion zu starten, müssen die Pflanzenzellen ABA jedoch zunächst erkennen. Wie sie das tun, war lange unbekannt. Ausgangspunkt der Suche der Forscher waren bereits bekannte



Elemente der Alarm-Signalkette: Enzyme aus der Gruppe der Proteinphosphatasen blockieren normalerweise wie eine Schranke die Weiterleitung des ABA-Signals in der Zelle. Damit die Schranke unten bleibt, müssen die Proteinphosphatasen aktiv sein. Bei Stress wird diese Aktivität blockiert und die "Enzym-Schranke" geht nach oben: Das Signal wird weitergeleitet und die Anpassungsreaktion beginnt. Die Wissenschaftler kannten schon zwei Proteinphosphatasen, die als die effektivsten Enzym-Schranken des ABA-Signalweges gelten. Nun suchten sie nach Proteinen, die an diese Proteinphosphatasen ankoppeln, um sie dadurch auszuschalten. Im Reagenzglas mischten die Wissenschaftler daher verschiedene Proteine mit den Proteinphosphatasen zu Proteinkomplexen. Zu jeder dieser

Feldpflanzen, die bei gleichen Erträgen weniger Wasser brauchen als bisher sind das Ziel der Pflanzenzüchter. Damit Pflanzen von sich aus mehr Wasser sparen als bisher, muss ihre "innere Alarmanlage" sensibler gemacht werden (Foto: © Pascal Eisen-schmidt – Fotolia.com).

Elemente der Alarm-Signalkette: Enzyme aus der Gruppe der Proteinphosphatasen blockieren normalerweise wie eine Schranke die Weiterleitung des ABA-Signals in der Zelle. Damit die Schranke unten bleibt, müssen die Proteinphosphatasen aktiv sein. Bei Stress wird diese Aktivität blockiert und die "Enzym-Schranke" geht nach oben: Das Signal wird weitergeleitet und die Anpassungsreaktion beginnt. Die Wissenschaftler kannten schon zwei Proteinphosphatasen, die als die effektivsten Enzym-Schranken des ABA-Signalweges gelten. Nun suchten sie nach Proteinen, die an diese Proteinphosphatasen ankoppeln, um sie dadurch auszuschalten. Im Reagenzglas mischten die Wissenschaftler daher verschiedene Proteine mit den Proteinphosphatasen zu Proteinkomplexen. Zu jeder dieser

Elemente der Alarm-Signalkette: Enzyme aus der Gruppe der Proteinphosphatasen blockieren normalerweise wie eine Schranke die Weiterleitung des ABA-Signals in der Zelle. Damit die Schranke unten bleibt, müssen die Proteinphosphatasen aktiv sein. Bei Stress wird diese Aktivität blockiert und die "Enzym-Schranke" geht nach oben: Das Signal wird weitergeleitet und die Anpassungsreaktion beginnt. Die Wissenschaftler kannten schon zwei Proteinphosphatasen, die als die effektivsten Enzym-Schranken des ABA-Signalweges gelten. Nun suchten sie nach Proteinen, die an diese Proteinphosphatasen ankoppeln, um sie dadurch auszuschalten. Im Reagenzglas mischten die Wissenschaftler daher verschiedene Proteine mit den Proteinphosphatasen zu Proteinkomplexen. Zu jeder dieser

Mixturen fügten sie dann ABA hinzu. Vier Proteinkomplexe zeigten dabei keine Veränderung, doch die fünfte Mixtur stoppte bei Zugabe von ABA schlagartig die Aktivität der Proteinphosphatase. Um mit Sicherheit sagen zu können, ob sich hier der gesuchte Rezeptor verbarg, griffen die Forscher zur "isothermalen Titrationscalorimetrie". Diese aufwändige chemische Messmethode kann anhand geringer Temperaturänderungen feststellen, ob Moleküle aneinander. Mit dieser Methode konnten sie tatsächlich eine Bindung von ABA durch das entdeckte Protein nachweisen. Sie gaben dem lange gesuchten Rezeptor daraufhin den Namen RCAR1. Schließlich konnten die Botaniker die im Reagenzglas gefundene Wechselwirkung zwischen Proteinphosphatase und RCAR1 auch in lebenden Pflanzen nachweisen. Dabei zeigte sich, dass die untersuchte Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) empfindlicher auf das Stresshormon ABA reagiert, wenn sie durch gentechnische Manipulationen dazu gebracht wurde, mehr RCAR1-Protein zu bilden. Das bedeutet: Der gefundene Rezeptor RCAR1 kann die innere Alarmanlage der Pflanze tatsächlich sensibler machen. Und er scheint nicht der einzige zu sein: Die Forscher haben bei der Ackerschmalwand noch 13 weitere Proteine gefunden, die offenbar ganz ähnlich wirken. Die Erkenntnisse könnten in Zukunft helfen, Nutzpflanzen mit geringerem Wasserbedarf und verbesserter Trockentoleranz zu entwickeln. Angesichts des in vielen Erdteilen wachsenden Wassermangels würde sich damit ein Traum vieler Landwirte erfüllen.

Originalpublikation: Ma, Y. et al. (2009) *Regulators of PP2C Phosphatase Activity Function as Abscisic Acid Sensors. Science, Online 30 April 2009. doi:10.1126/science.1172408*

Immunreaktion bei Pflanzen

Die Pflanzen bestimmen mit über neunzig Prozent der Biomasse das Gesicht unserer Erde und sind lebenswichtig für uns alle. Pflanzen werden aber von unzähligen Pflanzenfressern und Krankheitserregern bedroht. Warum ist die Welt trotzdem grün? Ein Teil der Antwort liegt im raffinierten Immunsystem der Pflanzen.



Pflanzen müssen sich gegen unzählige Krankheitserreger zur Wehr setzen, wie etwa die Braunfäule an der Tomate (*Solanum lycopersicon*). MAMPs ermöglichen es der Pflanze das Eindringen von Bakterien, Viren oder Pilzen zu erkennen und eine Abwehrreaktion auszulösen. (Foto: © emer – Fotolia.com).

Die Medizin unterscheidet zwei Arten von Immunität: Die "erworbene Immunität" beruht auf spezialisierten Immunzellen und auf der Bildung von Antikörpern nach einem genetischen Programm, das in jedem Individuum im Lauf der Entwicklung neu erworben wird. Die "angeborene Immunität" ist eine Eigenschaft aller Zellen und beruht auf der Erkennung von molekularen Mustern, sogenannten "MAMPs" (microbe associated molecular patterns), die für ganze Gruppen von Mikroorganismen typisch sind, im Wirt aber nicht vorkommen. Die MAMPs ermöglichen es dem Immunsystem, das Eindringen von Bakterien, Viren, Pilzen oder Parasiten zu erkennen und eine allgemeine Abwehrreaktion auslösen. Über die angeborene Immunität ist noch wenig

bekannt, und sie derzeit ein besonders bedeutendes Forschungsthema. Pflanzen haben keine "erworbene Immunität", also keine spezialisierten Immunzellen und keine Antikörper. Dafür verfügt jede einzelne Zelle über ein besonders ausgefeiltes System der angeborenen Immunität. Auch bei den Pflanzen beruht diese auf der Erkennung von MAMPs. Von zentraler Bedeutung für die angeborene Immunität sind die sogenannten "pattern recognition receptors", das sind Oberflächenproteine, welche die molekularen Muster von Krankheitserregern erkennen und eine Abwehrreaktion einleiten können. Der erste MAMP-Rezeptor wurde im Jahr 2000 identifiziert. Er war ein Rezeptor für bakterielles Flagellin, den Grundbaustein der Bakteriengeißel. Ein Jahr später stellte sich heraus, dass ein ähnlicher Rezeptor für Flagellin auch eine zentrale Rolle in der angeborenen Immunität bei Mensch und Tier spielt. Dies löste einen eigentlichen Paradigmenwechsel in der Erforschung der angeborenen Immunität aus. Die Wahrnehmung von MAMPs spielt offenbar sowohl bei Pflanzen wie bei Tieren eine zentrale Rolle als erstes Schutzschild des Immunsystems. Interessanterweise besitzen Krankheitserreger spezifische Instrumente, um diesen Schutz zu durchbrechen. Sie produzieren sogenannte Effektoren, die über eine raffinierte molekulare Injektionsspritze direkt in die Wirtszelle hineingebracht werden und dort die MAMP-Rezeptoren oder ihre nachgeschaltete Signalkaskade außer Gefecht setzen. Dass auch diese Effektoren bei Krankheitserregern von Pflanzen und Tieren ähnliche Wirkmechanismen besitzen, wie Forscher dies jetzt entdeckt haben, hebt die zentrale Bedeutung der angeborenen Immunität für die Abwehr von Krankheitserregern besonders hervor.

Originalpublikation: Boller, T. und Yang He, S. (2009) *Innate Immunity in Plants: An Arms Race Between Pattern Recognition Receptors in Plants and Effectors in Microbial Pathogens. Science 8 May 2009 324: 742-744. doi: 10.1126/science.1171647*

Neue Strahlensensibilitäts-Krankheit entdeckt

Viele tausend Mal pro Tag bricht in unseren Körperzellen ein Chromosom – die Struktur, die Erbinformationen enthält. Verursacher sind Stoffwechselprozesse und radioaktiv strahlende Substanzen. Bei gesunden Menschen erkennt und repariert der Körper den Schaden innerhalb von 36 Stunden, aber bei Patienten mit Strahlensensibilitäts-Erkrankungen



Neue Krankheit beschrieben: Erstautorin Regina Waltes im Labor (Foto: MHH/Bandel).

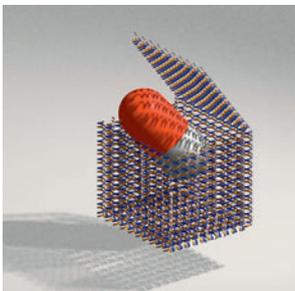
geschieht dies nur unvollständig. Neurologische Erkrankungen und Wachstumsverzögerungen, Immunschwäche und eine hohe Anfälligkeit für Krebs sind die Folgen. Mehrere dieser Krankheiten sind bereits von ihrer genetischen Ursache bis zur Ausprägung der Symptome aufgeklärt. Eine davon ist beispielsweise das so genannte Nijmegen-Breakage-Syndrom (NBS), das etwa 90 Familien in Mittel- und Osteuropa betrifft. Nun hat ein Forscherteam eine neue Strahlensensibilitäts-Erkrankung entdeckt: den RAD50-Mangel. Die Wissenschaftler konnten beweisen,

sen, dass das sogenannte RAD50-Protein eine zentrale Funktion bei der Erkennung und Reparatur von strahleninduzierten Chromosomenschäden in menschlichen Körperzellen hat. Bei einer Patientin, deren Krankheitssymptome denen des NBS sehr ähneln, ist das Gen für NBS intakt. Stattdessen ist ein anderes Gen verändert, das für die Produktion des RAD50-Proteins sorgt. Führen die Wissenschaftler das Gen wieder ein, normalisierte sich die Strahlenempfindlichkeit in der Zellkultur. Ursache der Symptome ist bei dieser Patientin also ein Mangel an RAD50-Protein. Die Ergebnisse sind ein wichtiger Schritt bei der Aufklärung, warum Menschen unterschiedlich auf Strahleneinwirkung reagieren und wie radiogene Chromosomenbrüche erkannt und repariert werden können. Die Arbeiten könnten auch bei der Diagnostik und Therapie von Tumorerkrankungen helfen. Man könnte beispielsweise das RAD50-Protein bei der Bestrahlung eines Tumors gezielt ausschalten. Das Ergebnis zeigt auch, dass die Aufklärung sehr seltener Krankheitsbilder hilfreiche Erkenntnisse für allgemeine medizinische Fragestellungen liefern kann.

Originalpublikation: *Waltes, R. et al. (2009) Human RAD50 Deficiency in a Nijmegen Breakage Syndrome-like Disorder. American Journal of Human Genetics, Online 29. 04. 2009. doi:10.1016/j.ajhg.2009.04.010*

Origami für Moleküle – DNA in Box-Form

Wie Viren eine Zelle befallen, wie Nervenzellen Signale weiterleiten oder wie Proteine arbeiten – alle diese Vorgänge spielen sich im Nanokosmos der Zelle ab und sind für unser Auge unsichtbar.



Speziell entworfene DNA-Moleküle falten sich selbstständig zu einer winzigen Nano-Box, die sich kontrolliert öffnen und schließen lässt. Denkbar wäre der Einsatz einer solchen Box als Transportbehälter, um Wirkstoffe in der Zelle zu transportieren und erst an Ort und Stelle freizusetzen (Bild: Stark / MPI/bpc).

einer dreidimensionalen Box. Doch wie bringt man DNA dazu, genau diese Form anzunehmen? Die Wissenschaftler nutzten aus, dass DNA die Fähigkeit besitzt, sich selbst zu definierten Strukturen zu organisieren. Diese konnten sie über die Reihenfolge ihrer Basen-Bausteine vorbestimmen. Mithilfe eines speziellen Computer-Verfahrens haben die Wissenschaftler sechs DNA-Stränge entworfen. Jeder dieser DNA-Stränge lässt sich zu einer zweidimensionalen "Miniatur-Wandplatte" zusammenketten. Im näch-

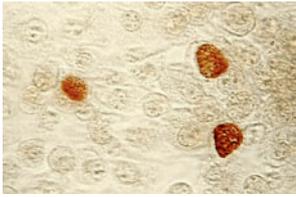
sten Schritt erfolgte das Design und Anbringen der "Ösen", um die sechs Wandplatten aneinander zu klammern. Der Clou an der Box ist der verschließbare Deckel: Die Box ist mit einem molekularen "Schloss" ausgestattet, das sich über winzige DNA-"Schlüssel" öffnen und schließen lässt. Mit einer Größe von nur 42 x 36 x 36 Nanometern (millionstel Millimetern) und einer Wanddicke von knapp 2,5 Nanometern sind diese DNA-Boxen nanoskopisch klein und weder für unser Auge noch für konventionelle Lichtmikroskope sichtbar. Doch in der Welt der Moleküle bieten sie viel Platz. Auch große makromolekulare Maschinen der Zelle ließen sich darin mühelos verstauen, beispielsweise ein ganzes Ribosom – die "Proteinfabrik" der Zelle. Dass die DNA-Moleküle tatsächlich richtig gefaltet sind, davon konnten sich die Wissenschaftler erst mithilfe ausgeklügelter struktureller Methoden wie der Rasterkraftmikroskopie, der Kryo-Elektronenmikroskopie und der Röntgenkristallographie überzeugen. Dabei konnten sie zeigen, dass die meisten DNA-Moleküle tatsächlich zu Nanoboxen gefaltet vorliegen. Ob sich die Nano-Box kontrolliert über DNA-"Schlüssel" öffnen und schließen lässt, sehen die Forscher so allerdings nicht. Um dies zu testen, markierten sie den molekularen Schließmechanismus mit zwei unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen am Deckel und an der Wand der Box. Ist die Box geschlossen, sind die beiden Farbstoffe in unmittelbarer Nähe zueinander und sie können ein deutliches Signal messen. Durch Hinzufügen der Schlüssel wurde dieses Signal sehr viel schwächer. Der Abstand zwischen den beiden Farbstoffen hat sich vergrößert – weil sich der Deckel geöffnet hat. Doch wozu lässt sich ein solcher Nano-Transporter einsetzen? Denkbar wäre, dass mit diesem Nanocontainer Wirkstoffe in der Zelle transportiert und erst an Ort und Stelle durch ein spezifisches Signal freigesetzt werden. Aber auch andere Anwendungen wären prinzipiell möglich, beispielsweise DNA-Bauelemente für Mikroelektronik.

Um diese Welt weiter zu erforschen oder sogar in diese einzugreifen, entwickeln Wissenschaftler nicht nur hochauflösende Mikroskope, sondern greifen zunehmend auch auf zelluläre Bausteine zurück. Dabei machen sie sich vor allem einen Trick der Natur zunutze: Viele Zell-Moleküle kommen von selbst "in Form" und lagern sich sogar selbstständig zu höchst komplexen Strukturen zusammen. Forscher haben jetzt erstmals DNA-Moleküle entworfen, die sich nicht zu verkäuelten DNA-Strängen formen, wie wir sie aus der lebenden Zelle kennen. Stattdessen falten sie sich selbstständig zu

Originalpublikation: *Andersen, E. S. et al. (2009) Self-assembly of a nanoscale DNA box with a controllable lid. Nature 459, 73-76. doi:10.1038/nature07971 Letter.*

Bakteriellen Infektionen auf der Spur

Gerade mal 80 Nanometer misst eine der wichtigsten Waffen aus dem Arsenal der Krankheitserreger, das Typ III Sekretionssystem. Dieses System, eine kleine molekulare Nadel, wird von vielen Bakterien wie den Salmonellen oder dem Pesterreger benutzt, um bestimmte Proteine in die Zellen ihrer Wirte zu schleusen und dadurch die Infektion zu ermöglichen. Nur wenige der so transportierten Effektor-Proteine kennt man bisher genauer. Diesen Molekülen kommt eine Schlüsselrolle zum Verständnis der Infektion und des Wechselspiels zwischen Erreger und Wirt zu. Die Identifizierung aller Effektor-Proteine aus der großen Zahl von mehreren tausend Proteinen eines Bakteriums ist von großer Bedeutung. Dies ist allerdings keine leichte Aufgabe, da die Experimente zur Identifizierung der Effektor-Proteine sehr aufwändig sind. Eine Unterstützung durch Computervorhersagen war bislang nicht möglich, da bisher kein typisches Erkennungssignal der Effektor-Proteine bekannt war. Einem Forscherteam ist es nun erstmals gelungen, dieses bisher verborgene Merkmal mit



Aufnahme von Chlamydien-Einschlusskörperchen in menschlichen Zellen: Effektor-Proteine spielen bei der Bildung dieser Einschlusskörperchen eine wichtige Rolle (Foto: CDC/ Dr. E. Arum, Dr. N. Jacobs).

Methoden der Bioinformatik zu identifizieren. Dieses kann für eine computergestützte Vorhersage bisher unbekannter Effektor-Proteine genutzt werden. Zudem konnte gezeigt werden, dass so unterschiedliche Bakterien wie den Menschen infizierende Chlamydien und das Pflanzenbakterium *Pseudomonas syringae* das gleiche Signal zur Sekretion verwenden und es sich daher um

einen sehr allgemeinen Mechanismus handelt. Diese Methode liefert einen wichtigen Beitrag zum besseren Verständnis der molekularen Grundlagen vieler bakterieller Infektionskrankheiten und wird dabei helfen neuartige Antibiotika zu entwickeln.

Originalpublikation: Arnold, R. et al. (2009) Sequence-Based Prediction of Type III Secreted Proteins. *PLoS Pathogens*, 5(4): e1000376. doi:10.1371/journal.ppat.1000376

Genveränderungen beeinträchtigen Lungenentwicklung

Menschen unterscheiden sich in der Funktionsfähigkeit ihrer Lunge und in ihrer Anfälligkeit für umweltbedingte Lungenerkrankungen. Wie beides zusammen hängt, ist jedoch unklar. Einen Erklärungsansatz konnte jetzt ein internationales Forscherteam liefern. Die Wissenschaftler konnten

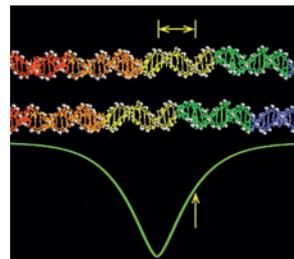
zeigen, dass bei zwei Mauseinzuchtstämmen vorliegende Varianten des für das Enzym Superoxid Dismutase 3 codierenden Gens die Entwicklung der Lunge beeinträchtigen. Das Gen war bereits in früheren Untersuchungen für verringerte Lungenfunktion und -leistung identifiziert worden. Erstmals ist es jetzt gelungen, die biologische Funktion des Gens und des von ihm gebildeten Proteins bei der nachgeburtlichen Entwicklung der Lunge näher zu beleuchten. Die untersuchten Genvarianten der Superoxid Dismutase 3 sind dafür verantwortlich, dass in den verschiedenen Stadien der Lungenausbildung in dem Mausstamm mit "kleiner Lunge" immer weniger Enzymprotein gebildet wird. Dies wirkt sich insbesondere auf das Bronchialepithel und das für den Gasaustausch entscheidende Alveolarparenchym aus. In einem ersten Ansatz konnte das Forscherteam die Laborergebnisse auch für die Lungenentwicklung bei Kindern nachvollziehen: Wie bei der Maus reift die menschliche Lunge nach der Geburt weiter und entwickelt im Verlauf der Kindheit und frühen Jugend ihre volle Leistungsfähigkeit. Weiter gingen die Wissenschaftler daher der Frage nach, ob die gefundenen Genvarianten auch für die Lungenfunktion von Kindern Bedeutung haben. Die Internationale Asthma- und Allergiestudie ISAAC lieferte die hierfür erforderlichen Daten. Bei einer Stichprobe von gut 1500 neun- bis elfjährigen Kindern aus München und Dresden wurde die Assoziation zwischen Genvarianten und Lungenfunktion untersucht. Das Team konnte bei den in ihrer Lungenfunktion beeinträchtigten Kindern vergleichbare Genvariationen wie bei den untersuchten

Mäusen nachweisen. Dabei wurde die Lungenfunktion mit spirometrischen Methoden getestet, die Menge und Geschwindigkeit der ausgeatmeten Luft messen. Mit der Untersuchung ist ein wichtiger Schritt getan, um die im Labor gewonnenen Erkenntnisse zur Genetik der Lungenfunktion auf den Menschen zu übertragen und die zugrunde liegenden Mechanismen verstehen zu können. Bekannt ist, dass Superoxid Dismutase 3 die Lunge vor oxidativem Stress schützt, wie er beispielsweise durch Chemikalien oder Zigarettenrauch verursacht wird. Dies könnte ein Bindeglied zwischen Passivrauch und eingeschränkter Lungenentwicklung bei Kindern sein, so die Forscher.

Originalpublikation: Ganguly, K. et al. (2009) Superoxide Dismutase 3, Extracellular (SOD3) Variants and Lung Function. *Physiological Genomics* March 24, 2009. doi:10.1152/physiolgenomics.90363.2008

Gene flirten auf Distanz

Trotz der Fülle an menschlichen Genen finden sich im Genom ähnliche Exemplare mit hoher Präzision. Das ist wichtig, denn bei der Vererbung ebenso wie bei der Reparatur defekter Gene dürfen nur Teile ausgetauscht werden, die Informationen für dasselbe Merkmal tragen, die also zu zwei Varianten desselben Gens



Homologe Sequenzen erkennen sich schon aus gewisser Distanz (Abbildung: MPI für Mathematik in den Naturwissenschaften).

gehören. Wie die Gene einander erkennen ist bislang jedoch unbekannt, es gibt jedoch zwei große Theorien. Die eine geht davon aus, dass ähnliche Sequenzen sich nur finden, wenn der Doppelstrang sich wie ein Reißverschluss geöffnet hat. Die zweite Theorie dagegen besagt, dass homologe Gene, also solche mit vergleichbarer Zusammensetzung, sich schon aus der Ferne identifizieren und ein Auftrennen der

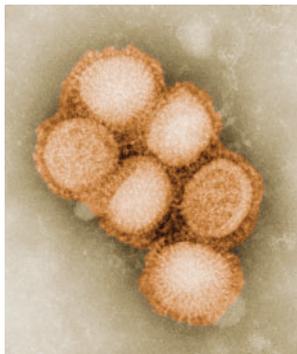
Doppelstränge nicht nötig sei. Möglich ist das – so das Modell – weil sich zwischen den negativ geladenen Doppelsträngen der DNA, die sich wie eine Wendeltreppe winden, positiv geladene Teilchen festsetzen, etwa Natrium-, Kalium- oder Magnesiumionen. Die unterschiedlich geladenen Bereiche üben anziehende Kräfte aufeinander aus, wenn zwei Doppelstränge aneinander vorbei gleiten. Forscher haben nun untersucht, wie weit zwei Doppelstränge gegeneinander verschoben werden dürfen, damit sich die ähnlichen Sequenzen noch erkennen. Dazu betrachteten sie wie durch ein Fenster einen Abschnitt eines Gens und berechneten, wie sich die Energie ändert, wenn ein zweiter DNA-Doppelstrang vorbei gleitet. Dabei stellten sie fest: Ein Gen merkt, dass sich ein ähnliches nähert, bevor die beiden exakt gegenüber stehen. Es "spürt", dass sich eine energetisch günstigere Position bietet. Solange die homologen Teile um mehr als die Hälfte der Fensterbreite zueinander versetzt sind, entspricht die Wechselwirkung noch der zwischen verschiedenen Genen. Nähern sich die homologen Doppelstränge weiter an, sinkt die Energie. Sie ist am kleinsten, wenn die beiden Doppelstränge einander exakt gegenüber liegen. Die Kurve, die den Energievorteil beschreibt, sieht aus wie die Kontur eines umgedrehten Som-

breros. Sie zeigt: Homologe Sequenzen erkennen sich schon aus gewisser Distanz. Die Gene verhalten sich also wie Gäste auf einer Party. Lernen sich dort zwei Menschen kennen, prüfen sie auch erst aus der Distanz, ob sie füreinander interessant sind. Da sich Modell und Realität häufig unterscheiden, streben die Wissenschaftler nun die experimentelle Überprüfung der Modelle an. Erste Versuche im Reagenzglas zeigten bereits, dass geschlossene homologe DNA-Sequenzen aus mehreren hundert Bausteinen ohne Hilfe von Proteinen zueinander finden. Es sei daher durchaus möglich, dass sich homologe Gene anhand ihrer Struktur erkennen, bevor der komplexe Prozess startete, in dem sich die Stränge auftrennen und austauschen.

Originalpublikation: Kornyshev, A. A. und Wynveen, A. (2009) *The homologous recognition as well as innate property of DNA structure. PNAS 2009, Online-Vorabpublikation 9. März 2009. DOI:10.1073/pnas.0811208106*

Der Wirt macht den Unterschied

Für manche Menschen ist es Gewissheit: Sobald die jährliche Grippezeit beginnt, erwischt es sie auf jeden Fall. Da tröstet es wenig, dass es andere Menschen gibt, die scheinbar resistent sind gegen die Grippe oder die Krankheit nach ein paar Tagen auskuriert haben. Genau dieses Phänomen untersuchten nun Forscher am anhand verschiedener Mausstämmen. In Infektionsversuchen fanden sie heraus, dass eine überschießende Immunantwort in Mäusen für den tödlichen Krankheitsausgang verantwortlich ist. Diese Überreaktion ist genetisch veranlagt. Für ihre Untersuchungen infizierten die Wissenschaftler sieben verschiedene Mausinzuchtstämmen mit derselben Menge Grippeviren vom Typ "Influenza A". Innerhalb eines Mausstamms sind die Tiere alle genetisch identisch, wie eineiige Zwillinge. Ein Stamm unterscheidet sich aber von einem anderen wie verschiedene Individuen in der menschlichen Bevölkerung. Zu ihrer Überraschung konnten die Forscher starke Unterschiede beim Grippeverlauf zwischen den sieben Stämmen finden. Bei fünf Stämmen verlief die Erkrankung glimpflich: Die Tiere verloren an Gewicht, erholten sich aber nach sieben bis acht Tagen wieder vollständig. Bei zwei Mausstämmen hingegen kam es zu einem rapiden Gewichtsverlust und die Tiere starben nach wenigen Tagen.



Forscher konnten zeigen, dass das Immunsystem des Wirts für den Verlauf der Influenza entscheidend ist. Haupterreger ist der Typ "Influenza A", hier im Elektronenmikroskop (Foto: © Karelmedical – Fotolia.com).

Die Forscher suchten nach Gründen für diese Unterschiede: Sie erforschten dazu, wie das Immunsystem der Tiere auf das Virus reagiert. Die Mäuse starben an ihrer eigenen Immunabwehr, die sie eigentlich vor dem Virus schützen soll. Das Immunsystem produziert zu viele Botenstoffe, die Immunzellen stark aktivieren. Diese Zellen töten dann virusinfizierte Gewebezellen in den Lungen. Gleichzeitig zerstören diese überaktiven Zellen aber auch gesundes Lungengewebe. In Mäusen, die starben, fanden die Forscher außerdem

hundert Mal mehr Viren als in Tieren, die überlebten. Es scheint, als besitzen die Tiere bestimmte Rezeptoren auf ihren Zellen, die sie empfänglicher machen für eine schwere Virusinfektion. Ähnlich könnte es bei einer Grippeinfektion im Menschen aussehen, auch hier könnten genetische Faktoren einen schweren Krankheitsverlauf begünstigen. Jährlich sterben zwischen 10.000 und 30.000 Menschen in Deutschland an einer Grippe, meist durch den Erreger vom Typ "Influenza A". Von dem Haupttyp A gibt es verschiedene Subtypen, bei denen sich die Zusammensetzung der Virushülle unterscheidet. H1N1 und H3N2 sind die verbreitetsten Grippestämme beim Menschen. Besonders bekannt wurden das Vogelgrippe-Virus H5N1 und das „Schweinegrippe“-Virus H1N1.

Originalpublikation: Srivastava, B. et al. (2009) *Host Genetic Background Strongly Influences the Response to Influenza A Virus Infections. PLoS ONE 4(3), e4857. doi:10.1371/journal.pone.0004857*

Patagonische Gräser trotzten der letzten Eiszeit

Charles Darwin, der Begründer der Evolutionstheorie, war tief beeindruckt von der kargen, weiten Landschaft der patagonischen Steppe. In seinem Bericht über die fast fünfjährige Weltum-



Hordeum comosum vor dem Aconcagua (Foto: F. Blattner/IPK Gatersleben).

seglung mit der Beagle (1831-36) schrieb er, dass diese Landschaft wirkt „als habe sie schon Ewigkeiten so bestanden, wie sie heute ist.“ Möglicherweise lag Darwin mit dieser Einschätzung richtig, vermuten Wissenschaftler vom IPK in Gatersleben jetzt. Sie untersuchten drei Grasarten aus der Verwandtschaft der Gerste, die typische Vertreter der Steppen im südlichsten Südamerika sind. Molekulare Daten zusammen mit Klimamodellen für das Pleistozän zeigen, dass diese Gräser auch während der letzten Eiszeit Südpatagonien und Feuerland besiedelten. Dies steht im

Widerspruch zu der verbreiteten und für viele Arten belegten Annahme, dass Pflanzen dem sich abkühlenden Klima durch Wanderungsbewegungen in wärmere Gebiete ausgewichen sind. Im Gegensatz zu großen Teilen Europas, das während der Eiszeiten einen Teil seiner früheren Artenvielfalt durch Aussterben verlor, waren Pflanzen und Tiere in Amerika deutlich weniger von diesen Klimaänderungen betroffen, da keine West-Ost verlaufenden Gebirge die Abwanderung in wärmere Regionen behinderten. Überraschend sind daher Ergebnisse, die zeigen, dass gleich mehrere Grasarten innerhalb ihres heutigen Verbreitungsgebietes zumindest die letzte Kaltzeit (mit ihrem Höhepunkt vor 21.000 Jahren) ohne nennenswerte geographische oder genetische Einschränkung überdauerten. Sollte dies auch für andere Arten der patagonischen Steppe zutreffen, dann könnte diese schon seit 4,5

Millionen Jahren an Ort und Stelle existieren. Zu diesem Zeitpunkt schnitt die Auffaltung der südlichen Anden die Regionen östlich davon von Niederschlägen ab und führte so zur Ausbildung der Steppenvegetation. Im Gegensatz zu Patagonien waren die Steppen der Nordhalbkugel während der eiszeitlichen Kaltzeiten entweder unter Eis begraben oder durch Tundra ersetzt worden. Darwin war ein extrem guter Beobachter. Er könnte – wie so oft – aus Hinweisen, wie in der Steppe gefundenen Fossilien, die richtigen Folgerungen gezogen haben. Ein anderer Aspekt unserer Studie ist aber auch, dass alles, was wir heute an Pflanzen vorfinden, definitiv die Eiszeiten überlebt hat. Daher sind wohl viele Arten durch die pleistozänen Klimaschwankungen ‚abgehärtet‘ worden, was bedeutet, dass viele heutige Pflanzenarten deutlich toleranter gegenüber Klimaänderungen sein könnten, als wir gemeinhin annehmen, so die Autoren der Studie.

Originalpublikation: Jakob, S. S. et al. (2009) *Phylogeographic Analyses and Paleodistribution Modeling Indicate Pleistocene In Situ Survival of Hordeum Species (Poaceae) in Southern Patagonia without Genetic or Spatial Restriction. Molecular Biology and Evolution 26(4): 907-923. doi:10.1093/molbev/msp012*

Altern als Überlebensprinzip

Äußere Einflüsse, wie zum Beispiel die im Sonnenlicht enthaltene ultraviolette Strahlung oder bestimmte Substanzen in der Nahrung führen zu ständigen Beschädigungen des Erbguts (DNA) einer Zelle. Zellen verfügen deshalb über hochkomplexe Reparaturmechanismen, die die DNA vor einer dauerhaften Schädigung schützen. Sie funktionieren jedoch nicht immer einwandfrei. Treten Fehler bei der Reparatur von DNA auf, kann das zu krebsauslösenden Mutationen in der Zelle führen. Bleiben Schäden an der DNA dagegen unrepariert, altert die Zelle. Dies ist bei Menschen der Fall, die an der seltenen Erbkrankheit Progerie leiden: Hier funktionieren die DNA-Reparatursysteme nicht und Schäden an der DNA häufen sich bereits sehr früh im Leben an. Schon im Kindesalter zeigen sich deshalb bei den Betroffenen Alterserscheinungen. Eine Forschergruppe versucht anhand solcher Patienten zu verstehen, warum bestimmte DNA-Reparaturdefekte zu einer vorzeitigen Alterung führen, während andere DNA-Reparaturdefekte das Krebsrisiko erhöhen. Alterung ist nicht nur eine Folge zufälliger, über Jahre in den Körperzellen angesammelter Schäden. Der Alterungsprozess wird auch von genetischen Programmen, die die Lebensdauer regulieren, kontrolliert. Solche Programme steuern eigentlich das Körperwachstum, haben aber offenbar auch einen Einfluss auf die Lebensdauer. Das haben die Erkenntnisse aus zwei Jahrzehnten Altersforschung gezeigt. Wie die Wissenschaftler nun zeigen konnten, lösen DNA-Schäden, die sich in den aktiven, also „angeschalteten“ Genen ansammeln, das lebensverlängernde genetische Programm aus. Bei den frühzeitig alternden Patienten zeigte sich, dass bereits geringe Mengen von DNA-Schäden in den Zellen die Aktivierung lebensverlängernder Mechanismen zur Folge hatten. Treten die Schäden jedoch im Erbgut außerhalb der aktiven Gene auf, wird das Programm nicht aktiviert. Die Beobachtungen spiegeln genau die Krankheitsbilder der verschiedenen Reparaturdefekte wider.

Demzufolge altern Patienten, die DNA-Schäden in aktiven Genen nicht beheben können, frühzeitig. Menschen, die DNA-

Schäden außerhalb der aktiven Gene nicht beheben können, zeigen dagegen keine frühzeitigen Alterssymptome, entwickeln aber sehr früh Krebs. Die Wissenschaftler schließen daraus, dass eine alterungsbedingte Wachstumshemmung die Krebsentstehung verhindert und damit dem alternden Körper das Überleben trotz Erbgutschäden ermöglicht. Sie versuchen nun zu verstehen, wie dieses "Überlebensprogramm" aktiviert wird, um daraus langfristig therapeutische Ansätze zur Bekämpfung altersbedingter Erkrankungen zu entwickeln.

Originalpublikation: Schumacher, B. et al. (2009) *Persistent transcription-blocking DNA lesions trigger somatic growth attenuation associated with longevity. Nature Cell Biology 11, 604 – 615. doi:10.1038/ncb1866*

Fisch steht Modell für die Altersforschung

Fadenwürmer, Hefepilze und Fruchtfliegen gehören zu den wichtigsten Modellorganismen in der biologischen Altersforschung. Sie geben Aufschluss darüber, welche physiologischen Prozesse und molekularbiologischen Bedingungen Alterungsprozesse beschleunigen oder aufhalten. Diese Altersforschungsmodelle bekommen jetzt Konkurrenz durch einen schmackhaften Neuling in der Branche: den Prachtgrundkärppling *Nothobranchius furzeri*. Dieser bei Aquarianern seit Jahrzehnten sehr beliebte afrikanische Fisch ist bekannt für seine kurze Lebensspanne. In drei Monaten durchläuft er den Kreislauf des Lebens von Geburt, Fortpflanzung und Tod. Wissenschaftler vermuten dahinter ein genetisches Programm, das den Lebenszyklus reguliert und damit Altersprozesse vorbestimmt. Durch Sequenzanalysen konnte nun



Ein neues Modell in der Altersforschung: der Prachtgrundkärppling *Nothobranchius furzeri* (Foto: A. Dorn, FLI).

der Grundstein zur genomischen Charakterisierung des Prachtgrundkärpplings gelegt werden. Dabei fiel auf, dass dessen Genom im Vergleich zu den anderen in der Forschung gebräuchlichen Modellfischen (z. B. Stichling und Zebrafisch) vergleichsweise groß ist und ungefähr 2/3 der Genomgröße des Menschen ausmacht. Wie beim Menschen findet sich auch beim Prachtgrundkärppling ein hoher Anteil an Genabschnitten, die sich häufig wiederholen. Die Ähnlichkeit zum menschlichen Genom ist besonders erfreulich, da das Fischmodell, als kurzlebigstes Wirbeltier, hoffentlich Aufschlüsse geben wird, die auch auf den Menschen übertragen werden könnten. Die Wissenschaftler sind dabei, den Prachtgrundkärppling als viel versprechendes Tiermodell in der biologischen Altersforschung zu etablieren. Sie gehen davon aus, dass sich Forschungsergebnisse über *Nothobranchius* besser auf den Menschen übertragen lassen und der Altersforschung wesentliche Impulse geben werden.

Originalpublikation: Reichwald K et al. (2009) *High tandem repeat content in the genome of the short-lived annual fish Nothobranchius furzeri: a new vertebrate model for aging research. Genome Biol 2009 10: R16.*

Stellenmarkt

UNIVERSITÄTSMEDIZIN : UMG
GÖTTINGEN

PHD STUDENTS in the field of Bioinformatics or Biostatistics

The Georg-August-University Göttingen is one of the excellence universities in Germany located in the beautiful university town of Göttingen in the center of Germany. Within the Biostatistics/Bioinformatics group of the department of Medical Statistics we are seeking

PHD STUDENTS

in the field of Bioinformatics, Biostatistics or Systems Biology with interest in statistical applications and method development in biomedical research.

In the group you will be closely working together with other biostatisticians/bioinformaticists as well as clinical and biological researchers. The focus of the group is the development of methods and tools to analyse biomedical data and to reconstruct biological networks. These methods are implemented mostly in the statistical computing environment of R.

Currently we are seeking PhD students for two different possible PhD projects. One is related to modeling and reconstruction of signaling networks that are relevant in breast cancer based on data from protein arrays. The other is concerned with the improvement of methods for prediction of clinical prognosis based on data generated from a clinical research group on rectal cancer. Possibilities to obtain the PhD exist either at the faculty of Computer Science, Applied Statistics or Biology depending on the preferences of the candidate.

Application due: 31.07.2009
Start Date: as soon as possible
Term: 3 years (can be extended)
Salary level: E13/2

Contact: Prof. Dr. Tim Beissbarth
Universitätsmedizin Göttingen
Abt. Medizinische Statistik
37099 Göttingen
Tel. 0551/39-4990
E-Mail: sekretariat@ams.med.uni-goettingen.de

Further Info: www.ams.med.uni-goettingen.de/biostatistics

UNIVERSITÄTSMEDIZIN : UMG
GÖTTINGEN

POSTDOC in the field of Bioinformatics, Biostatistics or Systems Biology

The Georg-August-University Göttingen is one of the excellence universities in Germany located in the beautiful university town of Göttingen in the center of Germany. Within the Biostatistics/Bioinformatics group of the department of Medical Statistics we are seeking a

POSTDOC

in the field of Bioinformatics with interest in statistical applications and method development in biomedical research.

In the group you will be closely working together with other biostatisticians/bioinformaticists as well as clinical and biological researchers. The focus of the group is the development of methods and tools to analyse biomedical data and to reconstruct biological networks. These methods are implemented mostly in the statistical computing environment of R. The group is closely associated with a clinical research group on colorectal cancer and part of an interdisciplinary project on systems biology of breast cancer in collaboration with scientists of the German Cancer Research Centre (DKFZ Heidelberg).

We are seeking a postdoctoral scientist (salary level E13) with a PhD in Bioinformatics, Statistics, Computer Science or a related subject. You will ideally have some background in statistics and/or computer science, some programming experience (preferably R or Matlab) and an interest in biomedical applications.

Women are especially encouraged to apply. Handicapped applicants with equal qualifications will be given preferential treatment.

Application due: 31.07.2009
Start Date: as soon as possible
Term: 3 years (can be extended)
Salary level: E13

Contact: Prof. Dr. Tim Beissbarth
Universitätsmedizin Göttingen , Abt. Medizinische Statistik
37099 Göttingen, Tel. 0551/39-4990
E-Mail: sekretariat@ams.med.uni-goettingen.de

Further Info: www.ams.med.uni-goettingen.de/biostatistics

Abonnieren Sie den GENOMXPRESS.
So kommt das Magazin stets kostenlos
direkt zu Ihnen ins Haus.

The **Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (Centre for Plant Biotechnology and Genomics)**, is a joint venture of Universidad Politécnica de Madrid (UPM) and Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), to promote excellence in Plant Biology research in Spain. The new facilities of this research centre are located at UPM's Science and Technology Park at Montegancedo, Madrid (Spain).

Research at CBGP is carried by 20 groups organised around four areas: Plant Development, Plant-Microbe Interactions, Abiotic Stress and Functional Genomics. New permanent positions for research leaders are created periodically.

Two new permanent positions (I3 program) at CBGP are now available for scientists holding a Ph D degree and with 6-10 years of post-doctoral experience in the following research areas:

Ref. I3-4 (CBGP): Genomics, Epigenomics or Systems Biology

Application of Genomics, Epigenomics or Systems Biology to research on functional genomics of plants and microorganisms, regulation of plant growth, molecular analysis of plant-microorganism interactions, or plant response to abiotic stress.

Ref. I3-6 (CBGP): Electrophysiology

Electrophysiology of plant potassium and sodium transporters in heterologous expression systems and of mutants of the model plant *Physcomitrella patens*.

Experience in: Intracellular recordings of membrane potentials and currents, whole-cell or single channel patch-clamp recording and data analysis; and use of pH, sodium and potassium microelectrodes.

Further information on these two CBGP Permanent Positions and application forms may be found at the Centre web page (www.cbgp.upm.es), or by directly contacting the CBGP Director (direccion.cbgp@upm.es). The deadline for application to these two positions is July 30.

dkfz.

GERMAN
CANCER RESEARCH CENTER
IN THE HELMHOLTZ ASSOCIATION

Postdoctoral Position(s) in Epigenetics and Transcriptional Regulation

At the German Cancer Research Center are two 3-year ERC-funded positions for postdoctoral fellows available in a group working on the molecular mechanisms controlling mammalian gene expression.

Please visit our Web-site:

www.dkfz-heidelberg.de/de/polymerase/index.html

Preferences will be given to highly motivated applicants with a strong background and scientific interest in transcription, epigenetics or non-coding RNA.

Candidates should send applications by email including full CV, list of publications and the names and email addresses of two referees to i.grummt@dkfz.de

Selected publications:

Grummt, Pikaard, Nature Review Mol. Cell. Biol. (2003) 4, 641-649.

Grummt, Genes&Dev. (2003) 17, 1691-1702

Mayer, Bierhoff, Grummt, Genes & Dev. (2005) 19, 933-941.

Yuan et al. Mol. Cell. (2005) 19, 77-89

Mayer et al. Mol. Cell (2006) 22, 351-361.

Yuan et al. Mol. Cell (2007) 27, 585-595.

Ye et al. Genes&Dev. (2008) 22, 322-330.

Grummt and Ladurner Cell (2008) 133, 577-580.

Schmitz et al. Mol. Cell (2009) 33, 344-353.



Within the Integrated Genome Research Network Translational Genome Research Network in Pancreatic Cancer (PaCa-Net), the Medical Faculty of the Philipps-Universität Marburg, Division of Gastroenterology and Endocrinology, invites applications for the position of

1 PhD Candidate

(Verg.-Gr. IIa BAT, part time position / 50 %)

The aim of the PaCa-Net consortium is to foster the rapid development and transfer of novel genome-based, molecular targeted approaches for diagnosis and therapy of pancreatic cancer from basic research over preclinical testing into clinical applications. For more information, please visit www.ngfn-pacanet.de

Research topic of the available position will be the functional characterization of candidate genes in pancreatic cancer using 'Transfected Cell Microarrays' as well as single gene functional assays. Candidates are expected to have a profound background in molecular biology as well as cell culture and siRNA methods.

The position will be available for three years starting immediately.

The Philipps University Marburg seeks to increase the percentage of women in scientific careers. Women are therefore especially encouraged to apply. Applicants with children are welcome – the Philipps-Universität embraces the concept of a family-friendly University.

In case of equal qualifications, disabled persons will be given preference.

Applications should be sent until 24. July 2009 to

PD Dr. Malte Buchholz

Klinik für Gastroenterologie und Endocrinologie

Baldingerstraße, 35043 Marburg/Lahn, Germany.

HelmholtzZentrum münchen

German Research Center for Environmental Health

Als europaweit führendes Forschungszentrum mit der Ausrichtung "Environmental Health", sind wir Mitglied der Helmholtz Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren e. V.

Ziel unserer Forschung ist es, Gesundheitsrisiken für Mensch und Umwelt frühzeitig zu erkennen, Mechanismen der Krankheitsentstehung zu entschlüsseln und Konzepte zur Prävention und Therapie von Erkrankungen zu entwickeln.

Im Rahmen des vom BMBF geförderten Projektes „Systems Biology of Metabotypes (SysMBo)“ sucht die Arbeitsgruppe „Diabetes“ am Institut für Experimentelle Genetik“ des Helmholtz Zentrums München zum nächstmöglichen Zeitpunkt eine/n

Doktoranden/in

Ihre Aufgaben

- Phänotypisierung von Mausmodellen (physiologisch, metabolisch, biochemisch, molekularbiologisch)
- Biochemische, molekularbiologische und immunhistochemische Analytik (DNA/RNA/Proteinanalysen, Lipidextraktion, ELISAs, etc.)
- Durchführung und Auswertung von Metabolomicsanalysen im engen Verbund mit den Projektpartnern

Ihre Qualifikation

- Diplom oder Master in Biologie, Biochemie oder einem anderen naturwissenschaftlichen Fach
- Essentiell ist Ihre Bereitschaft zum Umgang mit lebenden Mäusen
- Teamfähigkeit
- Fundierte biochemische und molekularbiologische Kenntnisse
- EDV Kenntnisse
- Englischkenntnisse von Vorteil

Unser Angebot

- Abwechslungsreiche Tätigkeit in einem innovativen, zukunftsorientierten Unternehmen
- Umfangreiches Fortbildungsangebot
- Befristetes Arbeitsverhältnis für drei Jahre mit TVÖD Vergütung

Zur Betreuung der Versuchstiere müssen die Bewerber/innen auf diese Stelle auch mit Einsätzen an Sonn- und Feiertagen rechnen. Das Helmholtz Zentrum München als Träger des Bayerischen Frauenförderpreises sowie des Total E-Quality Zertifikates strebt eine Erhöhung des Frauenanteils an und fordert deshalb qualifizierte Interessentinnen auf, sich zu bewerben. Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung bevorzugt.

Bitte senden Sie Ihre Bewerbung bevorzugt per E-Mail an:
Susanne Neschen
E-Mail: susanne.neschen@helmholtz-muenchen.de

Helmholtz Zentrum München
Deutsches Forschungszentrum für
Gesundheit und Umwelt (GmbH)
Institut für Experimentelle Genetik
Ingolstädter Landstrasse 1, D-85764 Neuherberg

HelmholtzZentrum münchen

German Research Center for Environmental Health

Als europaweit führendes Forschungszentrum mit der Ausrichtung "Environmental Health", sind wir Mitglied der Helmholtz Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren e. V.

Ziel unserer Forschung ist es, Gesundheitsrisiken für Mensch und Umwelt frühzeitig zu erkennen, Mechanismen der Krankheitsentstehung zu entschlüsseln und Konzepte zur Prävention und Therapie von Erkrankungen zu entwickeln.

Im Rahmen des vom BMBF geförderten Projektes „Systems Biology of Metabotypes (SysMBo)“ sucht die Arbeitsgruppe „Diabetes“ am Institut für Experimentelle Genetik“ des Helmholtz Zentrums München zum nächstmöglichen Zeitpunkt eine/n

BTA/CTA/MTA/Biologielaborant/in

Ihre Aufgaben

- Assistenz bei der Durchführung physiologischer Studien an der Maus
- Betreuung und Haltung von Mäusen, Kontrolle und Wahrung des Hygienestatus in der Versuchstierhaltung
- Molekularbiologische, biochemische und immunhistochemische Laborarbeiten (DNA / RNA / Proteinanalysen, Lipidextraktion, ELISAs, etc.)

Ihre Qualifikation

- Ausbildung als BTA, CTA, MTA, Biologielaborant/in
- Teamfähigkeit
- Bereitschaft zum tierexperimentellen Arbeiten
- Erfahrungen in molekularbiologischer und biochemischer Analytik
- Dokumentation von Versuchsergebnissen
- EDV Kenntnisse (MS Office)
- Englischkenntnisse von Vorteil

Unser Angebot

- Tätigkeit in einem innovativen, zukunftsorientierten Unternehmen
- umfangreiches Fortbildungsangebot
- zunächst für drei Jahre befristetes Arbeitsverhältnis und eine Vergütung nach TVöD

Zur Betreuung der Versuchstiere müssen die Bewerber/innen auf diese Stelle auch mit Einsätzen an Sonn- und Feiertagen rechnen. Das Helmholtz Zentrum München als Träger des Bayerischen Frauenförderpreises sowie des Total E-Quality Zertifikates strebt eine Erhöhung des Frauenanteils an und fordert deshalb qualifizierte Interessentinnen auf, sich zu bewerben. Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung bevorzugt.

Bitte senden Sie Ihre Bewerbung bevorzugt per E-Mail an:
Susanne Neschen
E-Mail: susanne.neschen@helmholtz-muenchen.de

Helmholtz Zentrum München
Deutsches Forschungszentrum für
Gesundheit und Umwelt (GmbH)
Institut für Experimentelle Genetik
Ingolstädter Landstrasse 1, D-85764 Neuherberg



The IPK (www.ipk-gatersleben.de) is an internationally leading centre for basic and applied research in the following areas: Genetic Diversity of Crop Plants, Dynamics of Plant Genomes and Integrative Biology of Plant Performance with special emphasis on model and crop plants. The institute currently hosts about 500 employees and provides state-of-the-art laboratory facilities and bioinformatics resources for high-throughput molecular biology and plant genome analysis.

We invite applications for the following positions in the Research Group Heterosis, for a period of 3 years, starting by August 2009.

1 PhD student (Biologist / Biochemist) 0,5 E13 TV-L (reference number: 23/06/09)

The successful PhD candidate will perform a screening procedure for different rapeseed genotypes. He/she should hold a degree in biology or related fields. Experience in the field of plant in vitro culture, biochemistry and molecular biology is required.

The candidates will work in a highly interdisciplinary environment in the fields of systems biology and crop plant research. For details, please contact Dr. Hardy Rolletschek (rollet@ipk-gatersleben.de).

The IPK is an equal opportunities employer.

Please send your application including curriculum vitae, grade records / certificates and names and addresses of two references until July 6th, 2009 to:

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)

Personalwesen, Corrensstraße 3, D-06466 Gatersleben
Tel.: +49-39482-5327, Fax: +49-39482-5286
Germany beckerj@ipk-gatersleben.de

Das **IPK** ist eine gemeinnützige Forschungseinrichtung mit ca. 500 Beschäftigten in der Rechtsform einer Stiftung des öffentlichen Rechts und wird im Rahmen der "Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz" gefördert. In der Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne ist baldmöglichst für den Zeitraum von 3 Jahren die Stelle eines/r

Doktoranden/in Ährenmorphologie in Getreide 0,5 E13 TV-L (Stellennummer: 24/06/09)

zu besetzen. Die Arbeitsgruppe nutzt molekulargenetische Ansätze, um die „Molekulare Isolation und Analyse von Genen zur Ährenausbildung in Weizen und Gerste“ besser zu verstehen. Spezifische Ährenmutanten sollen einer detaillierten phänotypischen und genotypischen Charakterisierung unterzogen und molekular kartiert werden. Gras- oder artenspezifische Gene/Proteine, die den Ährenphänotyp regulieren, sollen identifiziert und isoliert werden sowie deren Expression und Gewebespezifität während der Ährenausbildung in Weizen und Gerste studiert werden. Einstellungsvoraussetzung ist ein abgeschlossenes Hochschulstudium der Biologie oder Landwirtschaft/ Gartenbau. Ausführliche genetische oder molekularbiologische Kenntnisse werden vorausgesetzt. Erfahrungen bei der Untersuchung molekularer Mechanismen der pflanzlichen Entwicklung oder vorherige Arbeiten mit Getreide sind von Vorteil.

Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an Herrn Dr. Thorsten Schnurbusch (thor@ipk-gatersleben.de) oder die folgende Internetseite: www.ipkgatersleben.de/Internet/Forschung/Genbank/Pflanzliche

Qualifizierte Frauen werden besonders aufgefordert, sich zu bewerben. Ein familienfreundliches Umfeld ist gegeben. Bitte richten Sie Ihre Bewerbungen mit Lebenslauf, Zeugnissen und Urkunden des Studiums sowie zwei Referenzen unter Angabe der o.g. Stellennummern bis zum 17. Juli 2009 an das:

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

Personalwesen, Corrensstraße 3, 06466 Gatersleben
Tel. 039482 5327, Fax 039482 5286, Email: beckerj@ipk-gatersleben.de



MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT

At the Max-Planck Institute for Neurological Research

a part-time scientist position (50%) in the area of Cancer Genomics

is available starting July 15 2009 until December 31 2011 in the Functional Cancer Genomics lab led by Roman Thomas.

Our group is a highly dynamic and competitive research lab with active collaborations with global

leaders in the area. Our research is focused on understanding clinical as well as cell biology aspects of cancer genomics. We apply high-density SNP arrays for analysis of gene copy number changes, as well as expression arrays and gene mutation analyses to generate genetic lesion profiles of large tumor collections. We apply computational biology and molecular cell biology methods to understand the biological impact of these genetic alterations. A particular focus of our work is currently on analyzing a very large ($n > 1,000$) tumor cohort as part of an international collaboration focused on cancer genome analyses.

The position requires a PhD or MD degree in a relevant field, such as cancer research, molecular cell biology, computational biology, biostatistics or oncology. Experience in molecular biology, cancer genomics, as well as mathematical and scripting skills (preferably R or MATLAB) are highly desirable. Candidates should have some degree of leadership experience and outstanding communication skills.

The successful candidate will be independently driving individual projects and lead a small team dedicated at high-resolution cancer genome analyses involving multiple outside collaborations. Furthermore, the successful candidate will be responsible for all communication inside a national cancer genomics research endeavor. For further information please contact Roman Thomas (email: nini@nf.mpg.de) or see our website at www.nf.mpg.de/index.php?id=197&L=1

The Max Planck Society aims at increasing the percentage of women in research positions and strongly encourages women to apply. The Max Planck Society is an equal opportunity employer and particularly welcomes applications from individuals with disabilities.

Please submit your application including a detailed CV, list of publications, two references, and a brief statement of research interests as a single .pdf file by email only by July 10, 2008 to Roman Thomas: nini@nf.mpg.de.



Am Bereich Mikrobiologie der Ludwig-Maximilians-Universität München ist zum nächstmöglichen Zeitpunkt die Stelle einer/eines

Doktorandin/Doktoranden (TVL-13/2)

für die Dauer von drei Jahren zu besetzen. Der Einsatz erfolgt in einem von der DFG geförderten Projekt mit dem Titel „Structure-function analysis of the Na⁺/proline transporter PutP“. Im Mittelpunkt des Projektes stehen die Identifizierung funktionell wichtiger Aminosäuren und die Analyse von funktionell relevanten Konformationsänderungen innerhalb der wichtigen Transporterfamilie der Na⁺/Substrat-Symporter am Modellprotein PutP. Die Bearbeitung der Thematik erfolgt durch eine Kombination molekularbiologischer, proteinchemischer und spektroskopischer Methoden (z. B. Fluoreszenzspektroskopie, Elektronen-spinresonanz-Spektroskopie). Die Promotion ist in einem wissenschaftlich ausgezeichneten Umfeld (Exzellenzcluster CiPSM, Graduate School in Life Science Munich) möglich.

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

Interessentinnen und Interessenten richten bitte ihre Bewerbungen mit den üblichen Unterlagen möglichst umgehend an

Prof. Dr. Heinrich Jung, e-mail: hjung@lmu.de

LMU München, Biozentrum, Bereich Mikrobiologie,
Großhaderner Strasse 2-4, 82152 Planegg-Martinsried
www.mikrobiologie.biologie.uni-muenchen.de

UNIVERSITÄT
HEIDELBERG



dkfz.
GERMAN
CANCER RESEARCH CENTER
IN THE HELMHOLTZ ASSOCIATION

Postdoctoral position on detection of drug targets from genome wide knock down screens and pathway analysis

The workgroup of Dr. Rainer Koenig, located at the University of Heidelberg (IPMB) and at the German Cancer Research Center (DKFZ) in Heidelberg within the group iBioS – integrated Bioinformatics and Systems Biology, is looking for a talented postdoc.

Subject: bioinformatics, systems biology, computational biology

Starting Date: September/October 2009

Short description

Cancer cells (here: neuroblastoma cells) and virus-infected (HIV, HCV) cells are screened with silencer RNA to detect genes that are essential for growth and proliferation. Our experimentalists spot siRNA on glass slides (labteks) on which each spot corresponds to a gene to be knocked down (see e.g. Neumann, Nat. Methods, 3, 385, 2006). Adding cancer or virus-infected cells onto the slides and imaging the cells results in images that track the phenotypic behavior of the cells. Cellular texture attributes are used to observe shifted cellular decisions (e.g. apoptosis, cell-arrest, differentiation, or virus replication in virus infected cells) leading to candidate genes to be targeted by specific drugs. However, detection of these cellular decisions from the phenotype is challenging and needs intelligent algorithms.

Within the project, we are developing a machine learning system that separates the phenotypic behavior of the cells according to their cellular decision, using texture features from the images and training data from genes with known decision behavior. Hits will be placed on signaling and biochemical networks and network analysis methods be used to validate these hits (see Plaimas, BMC Systems Biology, 2, 67, 2008). This concept allows also to propose combinations of proteins to be knocked down. Predictions will be validated by our experimental partners leading to new drug targets and combined therapies. Besides this, the data can be evaluated with own developed gene set enrichment tests on networks (and further developments on this) supporting drug target detection of high spot pathways (König, BMC Bioinformatics, 7, 119, 2006).

Requirements

Lively interest in machine learning and in analysis of cellular networks. PhD in a field related to machine learning, statistics, or/and functional genomics. Diploma/Master degree in computer science, mathematics, physics, biology or life sciences; good understanding and knowledge of programming.

Email: Don't hesitate to contact me:
Dr. Rainer Koenig <r.koenig@dkfz.de>

Website: www.dkfz-heidelberg.de/tbi/people/koenig/

Universität
Rostock  Traditio et Innovatio

The Systems Biology and Bioinformatics Group, University of Rostock, invites applications for a

Research Assistant

within a project funded the German Research Foundation. The project considers the interaction of cells with titan surfaces and requires experience in statistical data analysis.

Payment and social benefits will be in accordance with the regulations of the German TV-L (Ost). The position is available for an immediate start and is initially limited until September 2010 – with the possibility for an extension.

Applications, including a CV, references and copies of marks/degrees should be sent until July 8 to: Prof. Olaf Wolkenhauer

**Lehrstuhl für Bioinformatik und Systembiologie
Institut für Informatik**

Universität Rostock, D 18051 Rostock, Germany

Informal inquiries should be directed to Prof. Olaf Wolkenhauer (olaf.wolkenhauer@uni-rostock.de). Email applications should provide all documents in PDF format.



HPI
Heinrich-Pette-Institut für Experimentelle Virologie
und Immunologie an der Universität Hamburg



Im **Heinrich-Pette-Institut für Experimentelle Virologie und Immunologie an der Universität Hamburg**

ist ab sofort zu besetzen: eine Stelle, Kennziffer 2029/W3, der/des

Leiterin/Leiters der Abteilung Virologie und Immunologie der BesGr W3

Die Universität und das Heinrich-Pette-Institut wollen den Anteil von Frauen an den Professuren erhöhen. Sie sind deshalb an Bewerbungen von Frauen besonders interessiert. Frauen werden nach dem Hamburgischen Hochschulgesetz bei gleichwertiger Qualifikation vorrangig berücksichtigt.

Das Heinrich-Pette-Institut ist eine eigenständige Forschungseinrichtung der Leibniz- Gemeinschaft (WGL), die mit der Universität Hamburg über einen Kooperationsvertrag verbunden ist. Auf der Grundlage dieses Kooperationsvertrages ist die Abteilungsleiterstelle mit einer W3-Professur der Universität (Department Chemie) verbunden, entsprechend wird bei der Besetzung der Stelle ein gemeinsames Berufungsverfahren durchgeführt.

Aufgabengebiet:

Der Forschungsschwerpunkt sollte im Bereich der virologisch/immunologischen Grundlagenforschung mit dem Schwerpunkt Virus-Wirts-Wechselwirkungen liegen. Eine Zusammenarbeit mit bestehenden Abteilungen des Heinrich-Pette-Instituts und mit Arbeitsgruppen des Departments Chemie der Universität sowie die Mitarbeit im Forschungsschwerpunkt „Infektionsbiologie“ werden erwartet. Die Befähigung und Bereitschaft zur Übernahme einer Funktion bei der Leitung (in der wissenschaftlichen Selbstverwaltung) des Heinrich-Pette-Instituts wird vorausgesetzt. In der Lehre wird eine Beteiligung an den Studiengängen Biochemie/ Molekularbiologie bzw. an den sich daraus entwickelnden Bachelor- und Masterstudiengängen erwartet. Lehrinhalte sollen dabei auch das Gebiet der Zellbiologie beinhalten. Bei ausländischen Bewerberinnen/Bewerbern werden deutsche Sprachkenntnisse bzw. deren Erwerb in angemessener Frist vorausgesetzt.

Lehrverpflichtung: 4 Lehrveranstaltungsstunden.

Einstellungsvoraussetzungen: Gemäß § 15 Hamburgisches Hochschulgesetz.

Die Universität Hamburg legt besonderes Gewicht auf eine hohe Qualität der Lehre. Bewerberinnen und Bewerber sind deshalb aufgefordert, Lehrerfahrungen und Vorstellungen zur Lehre darzulegen. Schwerbehinderte haben Vorrang vor gesetzlich nicht bevorrechtigten Bewerberinnen und Bewerbern gleicher Eignung, Befähigung und fachlicher Leistung. Bewerbungen mit Lebenslauf, Verzeichnis der wissenschaftlichen Veröffentlichungen und eine detaillierte Darstellung der gegenwärtigen und geplanten Forschungsaktivitäten sowie Nachweise über die Einwerbung von Drittmitteln sind unter Angabe der Kennziffer bis zum 30.07.2009 zu richten an die

Präsidentin der Universität Hamburg

Referat Organisation & Personalentwicklung -631.6-
Moorweidenstr. 18, 20148 Hamburg.



**WESTFÄLISCHE
WILHELMS-UNIVERSITÄT
MÜNSTER**



Zum **Universitätsklinikum Münster** gehören Kliniken und Polikliniken sowie Institute mit Aufgaben in Forschung, Lehre und Krankenversorgung. In den verschiedenen Arbeitsbereichen sind mehr als 7.200 Beschäftigte tätig. Das Universitätsklinikum stellt mit mehr als 1.400 Betten eines der führenden Krankenhäuser der Spitzenversorgung in Deutschland dar.

Wir suchen: Für die Poliklinik für Parodontologie zum nächstmöglichen Zeitpunkt befristet für 2 Jahre mit der Möglichkeit der Verlängerung eine/n

Wissenschaftliche/n Mitarbeiter/in

vollzeitbeschäftigt mit 38,5 Wochenstunden, Kennziffer 3260

Verg. je nach Qualifikation und Erfahrung bis Entgeltgruppe 13 TV-L

Thematische Einordnung: Hochdurchsatzanalyse des oralen Mikrobioms mittels Sequenzierungs- (Sanger und 454) und Array-Techniken zur phylogenetische Analyse, Artenvielfaltabschätzung, Kolonisationsdynamik und Assoziation mit oralen Erkrankungen (Parodontitis, Karies). Die Forschungsschwerpunkte der Abteilung bilden molekulare und mikrobielle Mechanismen der Parodontitis-Erkrankung. Es erwartet Sie ein junges und engagiertes gerade im Aufbau begriffenes Forschungsteam. – Die Poliklinik für Parodontologie ist eine der größten Fachkliniken in Deutschland für die Behandlung von Erkrankungen des Zahnfleisches, des Zahnhalteapparates und des zahntragenden Kieferknochens.

Ihr Profil: Einstellungsvoraussetzung ist ein abgeschlossenes Hochschulstudium der Biologie oder Biochemie (Diplom; MSc) sowie eine Promotion in einem dieser Fächer. Die oder der erfolgreiche Kandidat/in soll ein/e ausgewiesene/r Molekularbiologin/Molekularbiologe sein mit Erfahrung in mikrobiologischen Techniken sowie idealerweise Kenntnissen der 454-Sequenzierung und/oder Affymetrix-Technologie. Gute Englisch-Kenntnisse, selbstständiges Arbeiten und Erfahrung im Umgang mit der Analyse großer Datenmengen werden vorausgesetzt.

Informationen zur Klinik finden Sie bitte auf unserer Homepage (<http://paro.klinikum.uni-muenster.de/>). Weitere Fragen beantwortet Ihnen gerne Herr Prof. Dr. Dag Harmsen (Tel.: 0251/83 47059; E-Mail: dharmesen@uni-muenster.de).

Wir freuen uns auf Ihre Bewerbung und bitten Sie, diese unter Angabe der Kennziffer bis zum 31.07.2009 an die Verwaltung des Universitätsklinikums Münster, Domagkstr. 5, 48149 Münster oder an Sonja.Everding@ukmuenster.de zu senden.

Grundsätzlich können Stellen auch mit Teilzeitkräften besetzt werden, sofern nicht im Einzelfall betriebliche Gründe entgegenstehen. Bewerbungen von Frauen sind ausdrücklich erwünscht; Frauen werden bei gleicher Eignung, Befähigung und fachlicher Leistung bevorzugt berücksichtigt, sofern nicht in der Person eines Mitbewerbers liegende Gründe überwiegen. Schwerbehinderte werden bei gleicher Qualifikation bevorzugt.

Diese und weitere Stellenausschreibungen des UKM finden Sie unter: www.klinikum.uni-muenster.de

HelmholtzZentrum münchen

German Research Center for Environmental Health

The **Institute of Bioinformatics and Systems Biology (IBIS) at the Helmholtz-Center for Environmental Health (Munich)** wants to fill several research positions within the framework of the Systems Biology Consortium on Metabotypes (SysMBo) funded by the BMBF as part of the Medical Systems Biology initiative.

Scientific Manager

A 3-year position for a scientific manager within the BMBF funded network "Systems Biology of Metabotypes (SysMBo) TVÖD 13/2; 19 hours/week. The Scientific Manager of SysMBo is responsible for all administrative and organizational issues including the compilation of regular reports, the organization of scientific meetings, as well as the communication with the Helmholtz Centre's administration. The position supports the co-ordination of the 3 year interdisciplinary program joining/involving 9 groups and is responsible for the publicity of the program in scientific and public media. A scientific education in life sciences, preferably in biology/biochemistry and a sound understanding of the research topics in SysMBo is a prerequisite as well as sound experience in scientific project management.

Postdoc Position to develop Qualitative Models for Metabolic Diseases

A 3-year position for a postdoctoral fellow in the field of qualitative models for the analysis of metabolic diseases is open for applications. The work includes the extraction of information related to the genotype/phenotype relations (data collected by the experimental partners in the consortium). A data processing pipeline for the rationale compilation of interactive networks to interpret metabolic phenotypes will be established based on the existing framework of network and knowledge integration software. Candidates should have a Ph.D. in biology, biochemistry, bioinformatics or an equivalent strong background in informatics and network analysis. Programming experience is a prerequisite. IBIS offers career development and a vital and successful scientific environment in multifold collaborations with the experimental institutes of the Helmholtz Centre for Environmental Health.

Postdoc Position in Data Integration, multidimensional data analysis, visualization and Standardization of Data Exchange

A 3-year position for a postdoctoral fellow in the field of data integration and data analysis is open / available --- (TVÖD 13). Work includes the dynamic integration of independent heterogeneous data sources within the SysMBo to allow partners transparent access to the primary data and associated information. The basic middleware technology is established employing layered software components and dynamic web services. Applicants should have a strong interest in the development of data integration systems for molecular research. Programming experience, biological knowledge and communications skills are both prerequisites for the successful candidate. We strongly support interdisciplinary career development. The position is allocated in the group of Dr. V. Stümpfen.

Doctoral Students Position in Modeling Pathophenotypes

Based on knowledge analysis and network integration from public sources, a generic model for the compilation of qualitative sub-networks will be developed as a graduate thesis. The aim is to facilitate knowledge and data integration and to incorporate up-to-date information into a system that links automatic information extraction with curated network models. Components for the dynamic interaction of the biologist with the Knowledge-Management System (GeKnowMe) should be developed and benchmarked. As a further step the interference of siRNAs with the model should be used for the perturbation of the model. The successful candidate will be part of the Helmholtz Graduate School and benefit from the program fostering interdisciplinary education and personal skills development. The position is part of the SysMBo programme.

Applications should be submitted in electronic form to:

Prof. Dr. H.W. Mewes, **Helmholtz-Zentrum München**

82764 Neuherberg; w.mewes@helmholtz-muenchen.de, Telephone 089 3187 3580

Impressum

GENOMXPRESS 2.09

Band 9, Ausgabe 2 – Juni 2009

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 3.09 ist der 21. August 2009.

Herausgeber

Die Koordinierungsstellen der Forschungsnetzwerke GABI, NGFN, GenoMik, FUGATO und der Helmholtz-Allianz Systembiologie

Redaktion

Dr. Matthias Arlt, Dr. Dirk Büssis (GABI)

GABI Geschäftsstelle

c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie

Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

Dr. Silke Argo (NGFN)

NGFN Geschäftsstelle, c/o DKFZ, B050

Im Neuenheimer Feld 580, 69120 Heidelberg

Dr. Werner Selbitschka, Dr. Dietrich Trzeciok,

Dr. Petra Ehrenreich, Dr. Gabriele Gerlach

(GenoMik) · c/o Universität Bielefeld

Postfach 100131, 33501 Bielefeld

Dr. Janet Schmidtko (FUGATO)

FUGATO Sekretariat

Adenaueralle 174, 53113 Bonn

Dr. Jan Eufinger (Helmholtz-Allianz

Systembiologie / SBCancer)

c/o Deutsches Krebsforschungszentrum, B080

Im Neuenheimer Feld 580, 69120 Heidelberg

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 · GABI Geschäftsstelle

c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie

Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

marlt@mpimp-golm.mpg.de

GENOMXPRESSPORTAL

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

www.genomxpress.de



GENOMXPRESSPORTAL Impressum Suche

GENOMXPRESS

Was ist der GENOMXPRESS?

Der GENOMXPRESS ist ein vierteljährlich erscheinendes Magazin, das gemeinsam von den Genomforschungsjointventuren GABI (Genomanalyse im biologischen System Pflanze), Genomik-Plus (Genomforschung an Mikroorganismen), FUGATO-Plus (funktionelle Genomanalyse im Tierischen Organismus) und NGFN (Nationales Genomforschungsnetz), sowie der Helmholtz Allianz Systembiologie und dem RNA-Netzwerk herausgegeben wird.

Die Artikel sind in der Regel in deutscher Sprache verfasst und wenden sich an interessierte Leser, vor allem in Deutschland aber auch im europäischen Ausland.

Der GENOMXPRESS erscheint bereits im dritten Jahrgang und erreicht mittlerweile eine gedruckte Auflage von 3300 Exemplaren.

Zur breit gefächerten Leserschaft gehören neben Politikern auch Wissenschaftler verschiedener Fachgebiete, sowohl aus öffentlichen wie auch aus privaten Institutionen, aber auch Journalisten, Lehrer und die interessierte Öffentlichkeit.

Das Magazin wird aus Mitteln des BMBF (Bundesministerium für Bildung und Forschung) gefördert und kostenlos an seine Abonnenten versendet.

Aktuelle Ausgabe

GENOMXPRESS 1.89

Mikrobielles Leben im Eis - Populationsgenomik
Medizinisch-erkrankter
Staphylokokken Zu viele
Bakterien verändern die Gen-
Ortschneider im
Roggenstängel. Lohnt
depressiv und schnell
getriebe. Leptothorax -
Der Rezeptor p75
reduziert die Fähigkeit von
Neuroblasten, Tumoren zu
überleben. - Die
Anpassung, Genomierung
und Applikation - Der
Wissenschaftlerportrat

Späß an der Forschung kommt aus der Kreativität - Das
Wissenschaftlerportrat

Service

GENOMXPRESS abonnieren

Um den GENOMXPRESS zu abonnieren, füllen Sie bitte
das folgende Formular aus.

[Download PDF-Formular](#)

Sie bekommen den GENOMXPRESS dann ab der nächsten
Ausgabe regelmäßig und kostenlos zugewandt.

gefördert durch:



Alliance on Systems Biology