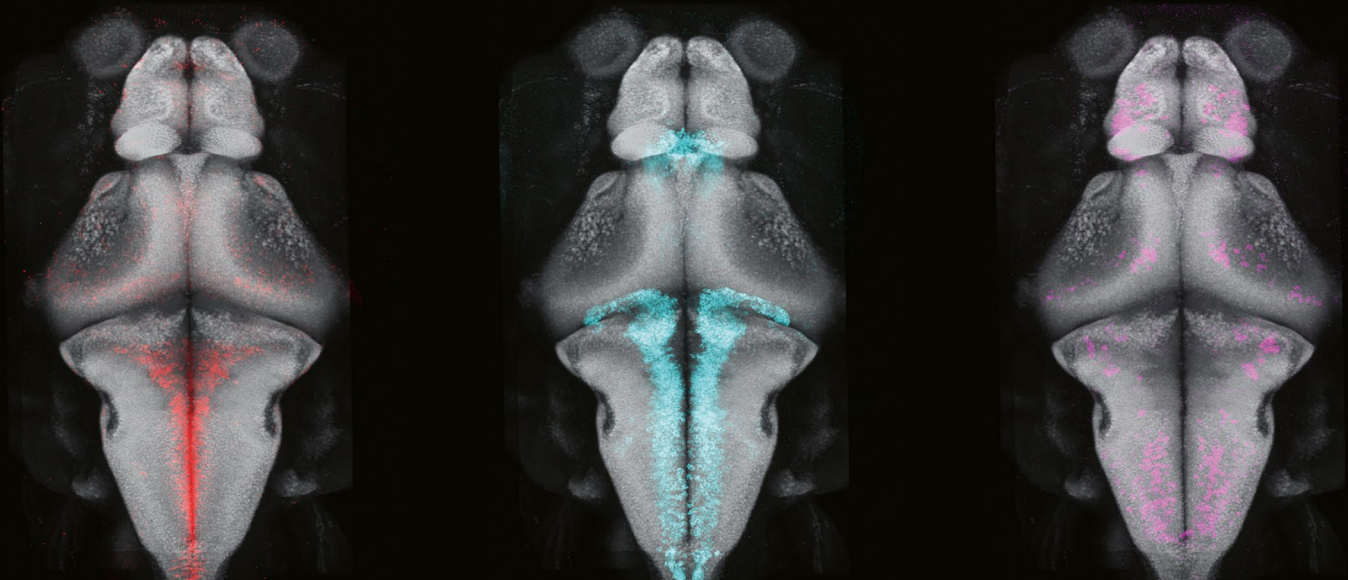
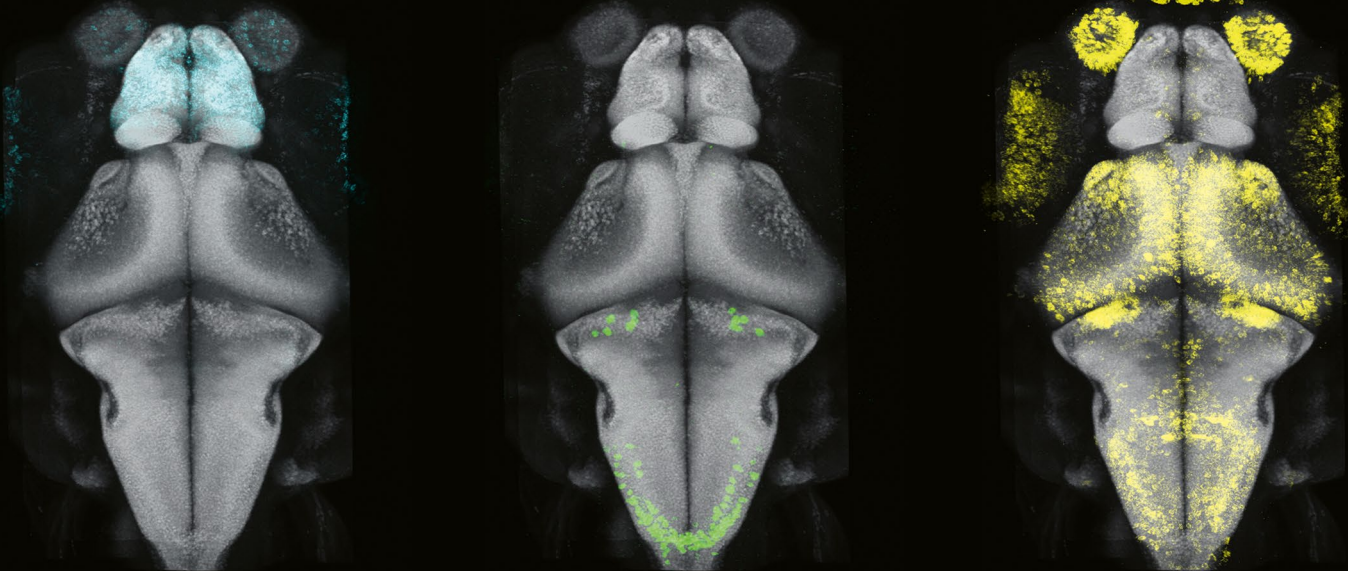


Diese Abbildung zeigt einige der Genexpressionskarten, die jetzt in den Max-Planck-Zebrafisch-Gehirn-Atlas (mapzebrain) aufgenommen wurden. Die Forscher kartierten die Genexpression einzelner Zellen im gesamten Zebrafischgehirn mit hoher Auflösung.
Foto: Max-Planck-Institut für biologische Intelligenz / Inbal Shainer, Enrico Kuehn.



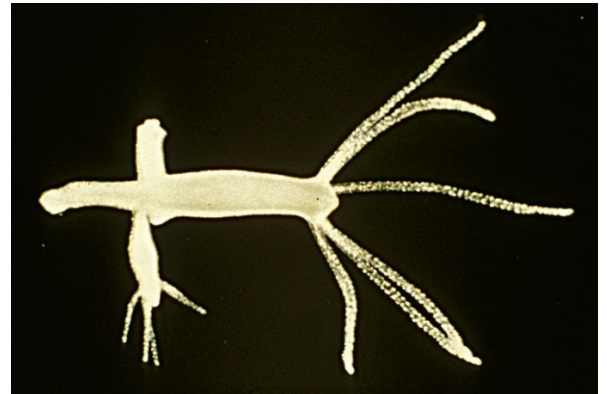
FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Ein komplexes Netzwerk aus Nervenzellen ermöglicht es Zebrafischen, ihre Umgebung wahrzunehmen, Nahrung oder Artgenossen für die Paarung zu finden oder Feinden zu entkommen. Neuronen mit ähnlichen Eigenschaften werden zu Nervenzelltypen zusammengefasst, von denen es im Fischgehirn hunderte, wenn nicht sogar tausende, gibt. Karten, die die Genexpression im Gehirn abbilden, können helfen, die Funktionsweise des Gehirns besser zu verstehen. Die bislang vorhandenen Karten weisen allerdings noch viele weiße Bereiche auf. Um diese mit Informationen zu füllen, verwendete ein Team um Inbal Shainer und Enrico Kuehn aus der Arbeitsgruppe von Herwig Baier am Max-Planck-Institut für biologische Intelligenz ein Verfahren, das die Expression einzelner Gene unter dem Mikroskop in zellulärer Auflösung sichtbar macht. Aus den gewonnenen Daten erstellte das Team für jedes der untersuchten Gene eine Expressionskarte und kombinierte hunderte dieser Karten dann zu einem Atlas. Dieser neue Genexpressionsatlas fügt sich nahtlos in den zuvor entwickelten 'Max-Planck-Zebrafisch-Gehirnatlas' (mapzebrain) ein, der Informationen zu Gehirnstrukturen, Zelltypen und den Verbindungen zwischen Zellen enthält. Aus der Kombination dieser Merkmale und der Genexpression können sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler nun ein **vollständigeres Bild davon machen, wie das Gehirn des Zebrafisches Informationen verarbeitet.** Der Zebrafisch-Atlas ist ein kostenloses Online-Tool und wird von der Forschungscommunity laufend mit neuen Datensätzen erweitert. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler können die Karten online einsehen und analysieren, sie auf ihre Geräte herunterladen oder den Atlas mit Auswertungsprogrammen verbinden. www.bi.mpg.de/de

Eine *Hydra* aus dem Piburger See in Tirol könnte neue Erkenntnisse über diese Tiere mit der außergewöhnlichen Regenerationsfähigkeit liefern. Die Arbeitsgruppe von Bert Hobmayer am Institut für Zoologie der Universität Innsbruck konnte nun die gesamte Erbinformation von *Hydra oligactis* mithilfe der neuesten DNA-Sequenzierungstechnologie, dem *Oxford Nanopore Sequencing*, bestimmen und analysieren. Dies war die letzte Hydren-Art, deren Genom bisher noch nicht vollständig bekannt war. Die Ergebnisse sind deswegen so interessant, **weil *Hydra oligactis*, im Gegensatz zu allen anderen Hydren-Arten, Tumore ausbilden und sterben kann.**

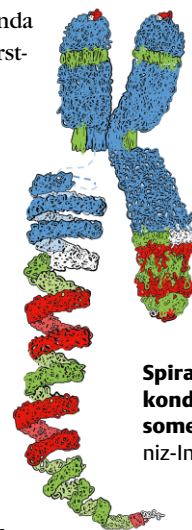
„Nun, da wir das Genom von *Hydra oligactis* genau kennen, können wir viel präziser untersuchen, welchen Beitrag einzelne Gene zum stressinduzierten zellulären Altern in diesen Tieren leisten“, erzählt Bert Hobmayer. „Diese molekularen Prozesse können wir dann vergleichend in anderen Arten untersuchen, deren Zellen nicht altern und die nicht sterben.“ Die Arbeit der Innsbrucker Forscher/-innen war Teil eines internationalen Projektes unter der Leitung von Celina Juliano an der *University of California* in Davis, dessen Ergebnisse letzte Woche als Cover-Story im Fachjournal *Genome Research* veröffentlicht wurden. Ein internationales Team hat darin zum ersten Mal in umfassender Weise die Prinzipien der Genregulation in Hydren untersucht. www.uni-innsbruck.de

■ In früheren Studien wurde angenommen, dass sich die Chromatiden der Metaphase-Chromosomen zu einer Spirale aufrollen, dem Chromonema. Nun hat ein internationales Forschungsteam unter der Leitung des IPK Leibniz-Instituts und des Instituts für Experimentelle Botanik der Tschechischen Akademie der Wissenschaften erstmals diesen direkten Nachweis erbracht. „Die gewundene Chromatidenorganisation und ihre Organisationseinheit,



Eine knospende *Hydra* unter dem Mikroskop. Foto: Bert Hobmayer.

das Chromonema, wurden unabhängig voneinander mit verschiedenen Methoden bestätigt“, sagt Dr. Veit Schubert von der IPK-Forschungsgruppe „Chromosomenstruktur und -funktion“. Dazu gehörten die Chromosomen-Konformationserfassung (Hi-C) an isolierten mitotischen Chromosomen, die Polymermodellierung sowie die Analyse von Schwesterchromatid-Austauschen und Oligo-FISH-markierten Regionen mit Hilfe der super-auflösenden Mikroskopie. „Um die übergeordnete Struktur mitotischer Chromosomen zu untersuchen, wurden die großen Chromosomen der Kulturgerste als Modell verwendet. Eine einzige helikale Windung umfasst 20 bis 38 Megabasen DNA und bildet eine ~400 nm dicke Faser, die wir als Chromonema bezeichnen“, sagt Dr. Amanda Camara, eine der Erstautorinnen der Studie. Das Modell schlägt einen allgemeinen Mechanismus für die Bildung kondensierter mitotischer Chromosomen vor, der auf alle Eukaryoten mit einem breiten Spektrum von Genomgrößen anwendbar ist. „Wir erwarten, dass nach



Spiralförmige Struktur kondensierter Chromosomen. Grafik: IPK Leibniz-Institut.

unserer Studie die Chromonema-basierte Organisation von Chromosomen in einer größeren Anzahl von Pflanzen- und Tierarten mit großen Chromosomen bestätigt wird. Die Identifizierung des Prinzips der Chromosomenkondensation in dieser Arbeit ist die Voraussetzung zum Verständnis der Chromatindynamik im Verlauf des Zellzyklus“, sagt Dr. Amanda Camara.

www.ipk-gatersleben.de

■
Acht Arme und eine Tarnkappenhaut – Kraken erscheinen uns aufregend fremdartig, ihre kognitiven Fähigkeiten faszinieren uns, weil sie mit denen von Wirbeltieren vergleichbar sind. Dabei haben sich unsere Entwicklungslinien vor etwa 550 Millionen Jahren getrennt. Die Kombination von Intelligenz und Fremdartigkeit veranlasste Neurowissenschaftlerinnen und -wissenschaftler bereits vor 150 Jahren, das Gehirn von Oktopoden zu studieren. Einem internationalen Team mit Beteiligung der Universität Göttin-

gen sind nun **die ersten Hirnstrommessungen in freischwimmenden Kraken gelungen**. Dazu nutzten die Forschenden miniaturisierte Datenlogger, die ursprünglich für Vögel entwickelt wurden. Sie wurden abgedichtet und so implantiert, dass die Kraken frei durch ihr Aquarium schwimmen konnten. Dadurch konnten Hirnströme und Verhalten synchron aufgezeichnet werden. Die elektrischen Messungen erfolgten in Hirnregionen, die vermutlich für Lernen und Gedächtnis verantwortlich sind. Deren geschichteter Aufbau erinnert an den Hippocampus, der im Säugetierhirn diese Aufgaben übernimmt und sich dabei verschiedener Aktivitätsmuster bedient. Eins dieser Muster sind langsame Spannungsauslässe mit überlagerten hochfrequenten Schwingungen, sogenannte *sharp waves with ripples*. „Im Kraken beobachteten wir zwar Ausschläge, die in Größe und Zeitverlauf den *sharp waves* ähneln, allerdings ohne die *ripples*“, erläutert Dr. An-

dreas Neef vom Göttingen Campus Institut für Dynamik Biologischer Netzwerke, der die Messungen auswertete. Ob die Ähnlichkeit der Aktivitätsmuster auf eine vergleichbare Rolle für die Gedächtnisbildung hinweist, ist noch offen. Ebenso unklar ist die Funktion von langsamen, viele Sekunden andauernden Schwingungen im Krakenhirn, die keinem bekannten Aktivitätsmuster ähneln und die in weiteren Studien untersucht werden sollen.

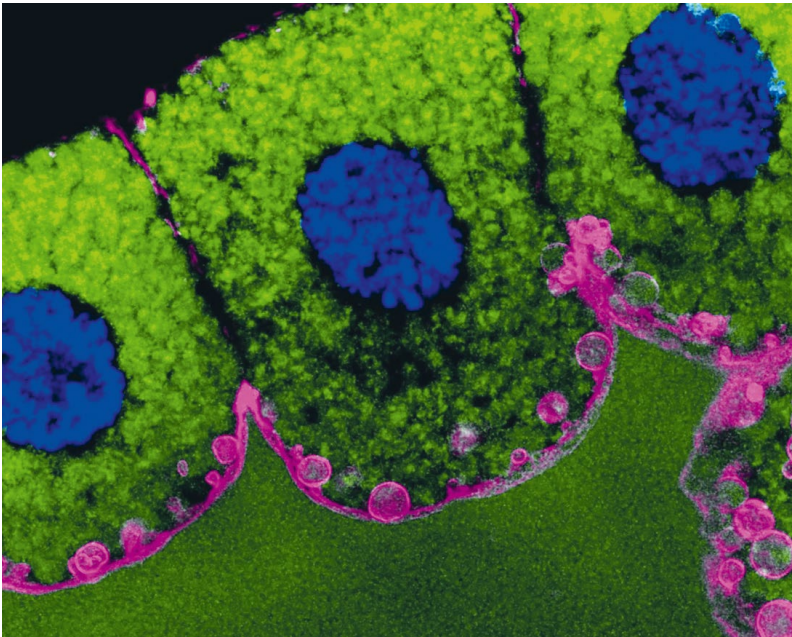
www.uni-goettingen.de

■
Das Protein EFhD2/Swip-1 trägt bei Fruchtfliegen zur kontrollierten Absonderung von Sekreten bei und könnte beim Menschen an Fehlfunktionen von Nervenverknüpfungen beteiligt sein. Das hat eine Arbeitsgruppe aus der Marburger Hochschulmedizin herausgefunden, indem sie Experimente an Drüsenzellen von Fruchtfliegen durchführte. „Zellen nutzen den strikt geregelten Prozess der Exozytose, um Moleküle aus dem Zellinneren nach außen zu schleusen“, erklärt der Marburger Physiologieprofessor Dr. Sven Bogdan. Die Zellen verpacken dabei Moleküle in membranumhüllten Vesikeln, die anschließend mit der Außenhülle der Zelle verschmelzen, wobei der Inhalt in die Umgebung gelangt. Der gesamte Vorgang – die Herstellung der Vesikel, ihr Transport durch die Zelle, die Verschmelzung mit der Außenhülle samt Absonderung des Vesikelinhalts – beruht auf den Bewegungen des Zellskeletts, das aus Fäden des Moleküls Aktin besteht. Bogdan und seine Mitarbeiterin Dr. Franziska Lehne erforschten den Prozess an Speicheldrüsenzellen der Fruchtfliege *Drosophila*. Insbesondere untersuchte das Forschungsteam das Protein EFhD2/Swip-1, von dem man weiß, dass es an Aktin bindet. „Das Protein ist an verschiedenen zellulären Prozessen beteiligt, so an der Wanderung von Zellen, an der Krebsausbreitung und am Wundverschluss der Haut“, legt Koautorin Franziska Lehne dar. Das Team stellte fest, dass EFhD2/



Acht Arme und eine Tarnkappenhaut – Kraken erscheinen uns aufregend fremdartig, ihre kognitiven Fähigkeiten faszinieren uns, weil sie mit denen von Wirbeltieren vergleichbar sind.

Foto: Tamar Gutnick, Michael Kuba.



Das mikroskopische Bild einer Speicheldrüse zeigt in grün drei sekretorische Zellen mit ihren blau gefärbten Zellkernen. Die violette Färbung kennzeichnet das Protein EFhD2/Swip-1 von sekretorischen Vesikeln. Foto: Dr. Franziska Lehne

Swip-1 vermehrt in Drüsenzellen von *Drosophila* vorkommt und dort zusammen mit Aktin auftritt, wenn sich Vesikel bilden. „EFhD2/Swip-1 wird nicht für die Vereinigung von Vesikeln zu größeren Bläschen benötigt, sondern eher für die Zusammenziehung der Vesikelhülle, wodurch der Inhalt freigesetzt wird“, führt Lehne aus. „Die Befunde sind auch deswegen von Belang, weil das Pendant von EFhD2/Swip-1 beim Menschen eine Reihe von krankhaften Störungen begleitet“, ergänzt Bogdan. „Das Protein gilt daher als möglicher Biomarker für chronische Krankheiten; das betrifft zum Beispiel Fehlfunktionen von Nervenverbindungen, die ihre chemische Kommunikation ja auch mithilfe von Vesikeln bewerkstelligen.“

www.uni-marburg.de

STANDORTE

Die Heinz Nixdorf Stiftung stellt der Technischen Universität München (TUM) über 3,8 Mio. Euro zur Erforschung von organoiden Modellsyste-

men zur Verfügung. Das Geld wird in eine Stiftungsprofessur für KI-unterstützte Organoid-Entwicklung und in ein hochspezialisiertes „Heinz Nixdorf Labor für Organoid-system-Analytik“ fließen. Organoide sind außerhalb des Körpers im Labor erzeugte Mini-Organen, die unter

Zellkulturbedingungen wachsen können. So können aus Stamm- oder Patientenzellen organ- und erkrankungsspezifische Organoide generiert werden. Somit ergibt sich ein direkter Zugang zu den komplexen Prozessen der Organentwicklung und krankheitsbedingter Fehlentwicklungen. Dies ist besonders für Wirkstofftests interessant und **eröffnet die Möglichkeit, patientenspezifische Therapien zu entwickeln**. Zudem hat die Organoid-Technologie das Potenzial, Tierversuche langfristig zu reduzieren.

Die Heinz Nixdorf Professur für KI-unterstützte Organoid-Entwicklung soll insbesondere die Gewinnung und integrative Analyse der Datensätze aus zellulären Mikrosystemen bzw. Organoiden erforschen. Das „Heinz Nixdorf Labor für Organoidsystem-Analytik“ wird die vollautomatisierte Generierung von Organoid-, Genomics- und Proteomics-Analysen ermöglichen. Das Labor und die Professur werden künftig im gerade im Bau befindlichen Gebäude des neu gegründeten *Centers of Organoid Systems* beherbergt.

<https://www.bioengineering.tum.de>



Partnerschaft für medizinischen Fortschritt (v. l.): TUM-Präsident Prof. Thomas F. Hofmann, Dr. Horst Nasko, stellvertretender Vorstandsvorsitzender der Heinz Nixdorf Stiftung, Prof. Matthias Hebrok, Dr. Sandra Bogdanovic, TUM-Fundraising, Prof. Andreas Bausch. Foto: Ulrich Meyer / TUM.

LEBENDIGER SEE DES JAHRES 2023

Der *Global Nature Fund* (GNF) und das Netzwerk Lebendige Seen Deutschland (NLSD) verleihen dem Geiseltalsee in Sachsen-Anhalt diese Auszeichnung als Anerkennung für die **herausragenden Leistungen bei der Wiederherstellung der Natur und der Schaffung einer artenreichen Umgebung** am und im See: Innerhalb von nur 30 Jahren hat sich dieser von einer lebensfeindlichen Grube inmitten einer kahlen Bergbaulandschaft zu einem natürlichen Kleinod mit einer einzigartigen Pflanzen- und Tierwelt entwickelt.

Der Geiseltalsee hat eine Fläche von 1.840 Hektar, ist bis zu 76 Meter tief, besitzt ein Wasservolumen von 423 Millionen Kubikmetern und ist heute der größte künstliche See Deutschlands. In den drei Jahrzehnten seit Ende des Tagebaus hat das oligotrophe, also nährstoffarme Ökosystem des Sees eine außergewöhnliche Pflanzen- und Tierwelt entwickelt, die an die besonderen Bedingungen angepasst ist: Es beherbergt 11 verschiedene Armleuchteralgen, deren Bestände aufgrund der Klarheit des Wassers bis 13 Meter Tiefe reichen. Diverse Wasserinsekten und Fischarten können

beobachtet werden, zudem 240 Vogelspezies, davon 108 Brutvogelarten und zahlreiche Durchzügler und Wintergäste. Tundra-saatgans, Kolbenente, Bienenfresser und Flusseeeschwalbe sind nur einige der schützenswerten Vögel, die hier einen neuen Lebensraum gefunden haben. Der Wechsel zwischen Kippenwäldern, Lösssteilwänden, Gebüschern, Grünländern und Brachen, Rohböden und Röhrichten schafft einmalige Bedingungen für Pflanzen und Vögel in der neu entstandenen Bergbaufolgelandschaft. www.globalnature.org/de/living-lakes/lebendiger-see-2023



Herbststimmung am Geiseltalsee, dem „Lebendigen See des Jahres 2023“. Foto: Heiko Günzel.

AUSSTELLUNGEN

Was verraten unsere Gene über uns? Wie viel von uns steckt in unserer DNA? Was passiert, wenn wir unser Erbgut verändern? Die Ausstellung **„Von Genen und Menschen“ im Deutschen Hygiene-Museum Dresden** hinterfragt noch bis zum 10. September 2023 die aktuellen Erkenntnisse der Genforschung aus der Perspektive der Sozial- und Kulturwissenschaften: mit Objekten aus Alltag und Wissenschaft, Kultur und Geschichte, mit Positionen der zeitgenössischen Kunst – und mit Stationen, die dazu einladen selbst herauszufinden, wer wir sind und werden könnten.

Um das Jahr 2000 sah es so aus, als würde das Geheimnis des Lebens langsam gelüftet: Die Entschlüsselung des menschlichen Erbguts durch das Humangenomprojekt schien nur noch eine Frage der Zeit; das Schaf Dolly war erfolgreich geklont. Für die einen rückte damit die Bekämpfung bislang unheilbarer Krankheiten in greifbare Nähe, andere sahen bedrohliche Science-Fiction-Szenarien

Wirklichkeit werden. Hat sich seither etwas an dieser Konstellation verändert?

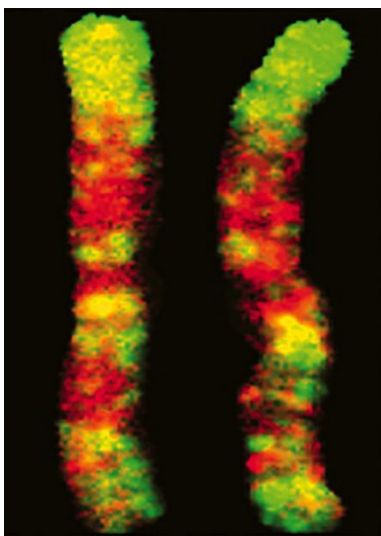
Die Genforschung hat in den letzten Jahrzehnten neues Wissen und faszinierende Technologien hervorgebracht – von der Sequenzierung des Neandertalergenoms über die Genschere CRISPR-Cas9 bis hin zu modernen mRNA-Impfstoffen. Auch wenn sich nicht alle Zukunftserwartungen erfüllt haben, sind diese Fortschritte doch im Begriff, unser Verständnis von Herkunft, Identität und Gesundheit zu verschieben. Und sie beeinflussen die Stellung des Menschen in der Natur. Die Ausstellung hinterfragt: Wie kritisch müssen wir mit diesen Errungenschaften und ihren möglichen Konsequenzen umgehen? Ist das technisch Machbare auch das ethisch Vertretbare? Und: Ist die Gefahr einer rassistischen Instrumentalisierung der Genetik für immer gebannt?

www.dbmd.de

■ Menschen und Schweine leben bereits seit Jahrtausenden miteinander. Seitdem haben sich die Tiere

enorm verändert. Heutige Hausschweine sind viel größer und schwerer als ihre Vorfahren, die Wildschweine. Sie haben mehr Fleisch, weniger Fett und sie erscheinen oft rosa, weil sie fast kein Fell mehr haben. Wie es dazu kam, zeigt bis zum 27. August 2023 die **neue Sonderausstellung im Naturkundemuseum Potsdam „SUS100 – Mensch verändert Schwein“**. Die Ausstellung zur Schweinezucht der letzten 100 Jahre ist eine Leihgabe des Zentralmagazins Naturwissenschaftlicher Sammlungen der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg. Museumsgäste können beeindruckende Präparate von modernen Zuchtschweinen und historischen Ferkeln sowie Fotos zur Entwicklung von Edel- und Landschweinen anschauen. Außerdem gibt es ein Spiel, in dem Schweine gezüchtet werden und eine Umfrage über den eigenen Fleischkonsum. Kinder entdecken die Ausstellung mit dem Ferkel Susi, das auf den Tafeln zu finden ist.

www.naturkundemuseum-potsdam.de



Die abgebildeten Chromosomen eineiiger Zwillinge weisen Unterschiede auf, die darauf hindeuten, das Alter und Umwelt die menschliche Gesundheit beeinflussen könnten. Abb.: (2005) National Academy of Sciences, U.S.A.



Einblick in die Ausstellung „SUS100 – Mensch verändert Schwein“.
Foto: NKMP/D.