

Forscherteam baut Hirn von Fliege nach

Universität Leipzig an Durchbruch beteiligt.

LEIPZIG/MZ/MM. Ein internationales Forschungsteam mit Beteiligung aus Leipzig hat einen bedeutenden Fortschritt in den Neurowissenschaften erzielt: die vollständige Rekonstruktion des Konnektoms des Gehirns einer Fruchtfliege. Diese bahnbrechende Leistung, die als der größte jemals erstellte Gehirnschaltplan gilt, wurde durch die Arbeit des FlyWire-Konsortiums aus zahlreichen Wissenschaftlern erzielt, dem auch die Biologin Dr. Katharina Eichler von der Universität Leipzig angehört. Die Rekonstruktion wurde in einer Reihe von neun Artikeln in der renommierten Fachzeitschrift „Nature“ veröffentlicht. Einen Einblick in seine Arbeit und in die Rekonstruktion bietet das Konsortium unter flywire.ai im Internet.

Folgt nun der Mensch?

Das Konnektom, ein detaillierter Plan der neuronalen Verbindungen eines Gehirns, umfasst bei der Fruchtfliege etwa 140.000 Neuronen und rund 54,5 Millionen Synapsen, die miteinander in Verbindung stehen. Es bietet tiefgreifende Einblicke in die Funktionsweise des Fliegengehirns und liefert wertvolle Informationen über die neuronalen Schaltkreise, die komplexe Verhaltensweisen wie Lernen, Navigation und soziale Interaktionen ermöglichen.

54,5

MILLIONEN SYNAPSEN

umfasst der detaillierte Schaltplan des Fliegengehirns, der unter Beteiligung der Universität Leipzig entworfen wurde.

Langfristig könnte dies ein essenzieller Schritt sein, um eines der größten Rätsel der Neurowissenschaften zu beantworten: Wie funktioniert ein Gehirn tatsächlich? „Das Fliegenkonnektom gibt uns Einblicke, wie Informationen im Gehirn verarbeitet und in Verhalten umgewandelt werden. Einige dieser Prinzipien sind wahrscheinlich in menschlichen Gehirn ganz ähnlich organisiert“, erklärt Katharina Eichler.

Maschinelles Sehen

Wobei das menschliche Hirn ungleich komplexer ist: Es enthält mehr als 80 Milliarden Neuronen und 100 Billionen Verbindungen. Und dennoch könnte das FlyWire-Projekt die Grundlage für die Rekonstruktion zunächst des Mauskonnektoms sein – „oder vielleicht in einigen Jahren auch des menschlichen Konnektoms“, so Eichler.

Die Rekonstruktion des Fliegengehirns basiert auf Bildern, die mit modernster Elektronenmikroskopie-Technologie aufgenommen wurden. Diese wurden in jahrelanger Arbeit mithilfe fortschrittlicher Technologie inklusive maschinellem Sehen verarbeitet, um die Neuronen und ihre Verbindungen automatisch zu rekonstruieren.



Die Rekonstruktion der 50 größten Neuronen des Konnektoms im Fliegenhirn. FOTO: TYLER SLOAN UND AMY STERLING FÜR FLYWIRE, PRINCETON UNIVERSITY

Das Puzzle der Pflanzenproteine

Forscher aus Mitteldeutschland haben eine Millionenförderung erhalten, um genetische Prozesse in der Natur besser zu verstehen – und dieses Wissen gezielt zu nutzen. Die Früchte der Arbeit könnten künftig auf vielen Feldern zu finden sein.

VON MATTHIAS MÜLLER

HALLE/MZ. Es hätte auch alles ganz anders kommen können. Denn das Einzige, was Marcel Quint in seiner Jugend in Sachen Pflanzen so wirklich interessierte, war der Rasen auf dem Sportplatz. „Fußball war lange Zeit das Wichtigste in meinem Leben“, sagt der gebürtige Niedersachse und lacht.

Dass der nunmehr 50-Jährige sich heute an der Universität Halle wissenschaftlich mit Pflanzen beschäftigt und nun Sprecher eines neuen, mit rund 13 Millionen Euro geförderten Sonderforschungsbereichs ist, kam daher einst auch eher auf Umwegen zustande: Biologie-Leistungskurs, Gartenbau-Studium in Hannover, wegen der Nähe zum Heimatsportverein in Celle. Zunächst eher etwas halberzig, „doch dann hatten wir in der Mitte des Studiums Pflanzenzüchtung und Genetik – und das fand ich dann richtig interessant“.

Der Kick in Kalifornien

Quint fokussierte sich fortan auf diesen Bereich, isolierte bald schon als Hilfwissenschaftler Pflanzen-DNA im Labor, ging dann für einige Monate nach Kalifornien an die University of California in den USA, eine der größten Agrarhochschulen der Welt. „Das hat mir den Kick gegeben“, erinnert er sich heute.

Es folgten die Promotion in Deutschland und ein weiterer Aufenthalt in den Vereinigten Staaten an der University of Minnesota – zur Grundlagenforschung, nachdem er jahrelang sehr anwendungsbezogen gearbeitet hatte. „Ich wollte auch die Mechanismen verstehen, die dahinterstecken.“ Quint widmete sich fortan vor allem Arabidopsis thaliana, der Kleinen Ackerschmalwand. Ein unscheinbares Kraut, aber für die Forschung sehr wichtig: Ist es doch der bestbeschriebene pflanzliche Organismus überhaupt, eine Modellpflanze sozusagen.

„Und eigentlich bin ich seitdem dageblieben“, sagt er. Nur die Forschungsstätte hat er doch mehrfach gewechselt. Zunächst über den großen Teich von der Forschung in Minnesota ans IPB Leibniz-Institut in Halle. Und dann 2015 quasi über die Straße, als Professor für Ertragsphysiologie der Kulturpflanzen auf den Heide-Campus der Martin-Luther-Universität (MLU). „Wissenschaftlich ist das ein Glücksfall, die Pflanzencommunity in Halle und Umgebung ist sehr stark“, ergänzt Quint, von dessen noch heute vorhandenem Sportsgeist das Rennrad in seinem Büro zeugt, mit dem er nicht nur an diesem Tag den Arbeitsweg für eine Tour verlängert hat.

Sportliche Aufgabe

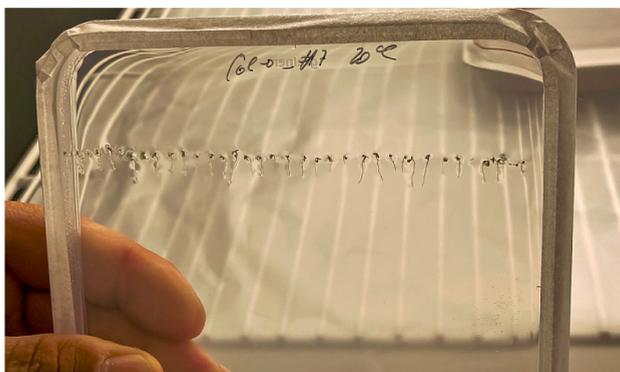
Sportlich ist auch die Aufgabe, die man sich im Sonderforschungsbereich „Plant Proteoform Diversity“ vorgenommen hat. Dort sollen, vereinfacht gesagt, die beiden großen Säulen Pflanzenforschung und Proteinforschung zusammengeführt werden und insgesamt mehr als 30 Wissenschaftler Veränderungen im Erbgut von Pflanzen verstehen – und selbst gezielt nutzen.

Ein Großprojekt. 13,4 Millionen Euro beträgt die Fördersumme, an Bord sind gleich vier Forschungsschwerpunkte: neben der MLU auch die Universität Leipzig sowie die Leibniz-Institute IPB auf dem Weinberg-Campus und IPK in Gatersleben.

„Wir haben hier im Umfeld jeweils eine große Gruppe von molekularen Pflanzenforschern und an Proteinwissenschaftlern“, sagt Quint. Diese sollen im SFB 1664, so die Abkürzung des neuen Bereichs, nun interdisziplinär zusammenarbeiten. Mit einem Portfolio an Methoden aus Pflanzen- und Strukturbiologie, Biochemie und Bioinformatik.



In speziellen Kammern können an der Universität Halle Wachstumsfaktoren wie Licht und Temperatur für Pflanzen, hier Gerste, verändert werden. Forscher wie Marcel Quint können daraus wertvolle Erkenntnisse gewinnen. FOTOS: MATTHIAS MÜLLER



Für die Forschung werden die Pflanzen in Laborarbeit herangezogen – doch auch sogenanntes Proteindesign am Computer spielt eine wichtige Rolle.



Arabidopsis thaliana (Kleine Ackerschmalwand) wirkt unscheinbar, gilt aber als bestbeschriebener pflanzlicher Organismus und wird als Modellpflanze benutzt.

Zwei Universitäten und zwei Leibniz-Institute

Am neuen Sonderforschungsbereich 1664 mit dem Namen „Plant Proteoform Diversity“ (Diversität pflanzlicher Proteoformen) sind neben der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie (IPB) und die Universität Leipzig beteiligt. Gefördert wird der SFB durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) mit rund 13 Millionen Euro. Im Zentrum der Forschungsprojekte steht die Frage, wie winzige

Veränderungen im Erbgut von Pflanzen die Funktion von Proteinen beeinflussen und damit zu neuen Eigenschaften führen. „Die Proteinbiochemie und die Pflanzenforschung gehören zu den wissenschaftlichen Schwerpunkten der Martin-Luther-Universität. Hier leisten unsere Forschenden jeweils hervorragende Arbeit. Der neue SFB hebt ihre Arbeit nun auf ein noch höheres Level“, so MLU-Rektorin Prof. Dr. Claudia Becker. Mehr Infos zum neuen Forschungsbereich gibt es unter snp2prot.uni-halle.de MM

Doch warum sind Proteine auch für die Pflanzenforschung überhaupt so interessant? „Proteine sind für uns alle zentral, auch für Pflanzen“, betont der Experte. In der DNA, im Erbgut der Pflanze, ist sozusagen die Bauanleitung für die Proteine gespeichert, die dann wiederum alle wichtigen Abläufe in der Pflanze steuern. Oder wie der Wissenschaftler es auf den Punkt bringt: „Das sind die Moleküle, die die Arbeit machen.“ Und dafür sorgen, dass beispielsweise ein Maiskolben heranwächst oder dass eine Getreidesorte zu einem bestimmten Zeitpunkt blüht.

Quint und seine Kollegen interessieren sich allerdings nicht für die Norm, sondern für Abweichungen davon – für natürlich auftretende Mutationen. Ein Beispiel dafür ist, dass Pflanzen bei höheren Temperaturen auch stärker in die Höhe wachsen. Eine Eigenschaft, die nicht immer erwünscht ist. Schließlich kann sie auch dazu führen, dass Stengel und Halme zwar länger, aber auch brüchiger werden. „Schauen Sie mal auf die Getreidefelder im Juni und Juli“, sagt Quint. Dort sehe man teilweise umgeknickte Pflanzen, was wiederum zu Ertragseinbußen führen könne.

Die Forscher versuchen also, wie in einem Puzzle, ihr Verständnis über Proteine und die dazugehörige Molekularfunktion zusammenzusetzen. Sprich: Wie erkennt eine Pflanze, dass es wärmer ist, wie genau setzt sie das in Wachstum um? „Wenn man dabei die Prozesse in der Pflanze versteht, dann kann man gezielt nach natürlichen Genvarianten suchen, die nicht mehr diese Höhenwachstumsreaktion hervorrufen – sondern die Pflanzen stabiler machen, die mehr Energie ins Korn bringen.“ Und dieses Beispiel aus Quints Team ist nur eines von vielen, mit denen sich die Wissenschaftler im neuen Sonderforschungsbereich beschäftigen. In rund 15 Gruppen arbeiten sie an biologisch anderen, aber vom Ansatz her ähnlichen Themen.

Grundsätzlich geht es dabei darum, zunächst einmal die Natur zu verstehen. Mit dem Gelernten wollen man dann aber auch noch einen Schritt weitergehen, ergänzt Quint. „Wir wollen Proteine so gezielt ver-

ändern, dass diese dann eine bestimmte Funktion ausüben, die wir ihnen vorgeben.“ Etwa, um resistenter gegen Trockenheit vor dem Hintergrund des Klimawandels zu werden. Oder um Inhaltsstoffe zu produzieren, die für Medikamente genutzt werden können. „Das ist Grundlagenforschung, aber mit einem ganz klaren Anwendungshintergrund.“

Science-Fiction wird real

Das Werkzeug, auf das Quint und seine Kollegen dabei zurückgreifen können, wäre dem Star-Trek-Fan noch zu Beginn seiner Studienzeit wohl auch eher wie Science-Fiction vorgekommen. Der Einsatz solcher Tools wie der vielzitierten Genschere Crispr/Cas9, mit der man Gene zerschneiden, zusammenfügen und somit korri-

„Proteine sind für uns alle zentral, auch für Pflanzen.“

Prof. Dr. Marcel Quint
Pflanzenwissenschaftler

gieren kann, ist heute hingegen für ihn und andere Wissenschaftler Routine. Und auch der Einsatz von Computern und Künstlicher Intelligenz hat längst in die Pflanzenforschung Einzug gehalten.

Auch im Sonderforschungsbereich werde sich der Schwerpunkt im Verlauf der nächsten maximal zwölf Förderjahre von der experimentellen Laborarbeit verstärkt in Richtung Bioinformatik verschieben, erwartet Marcel Quint. Um Proteine am Rechner zu designen und direkt die Auswirkungen auf die Pflanze simulieren zu können.

Das auf diese Weise im Sonderforschungsbereich 1664 erarbeitete Know-how könnten dann wiederum Unternehmen aus der Pflanzenzüchtungsbranche nutzen, um neue Sorten zu entwickeln. Und diese werden dann irgendwann, so die Vision, bei zahlreichen Landwirten auf den Feldern wachsen – womöglich auch direkt hier in Sachsen-Anhalt.