



Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

MPIbpc NEWS

21. Jahrgang | November 2015



Im Fokus: Abteilung *Molekularbiologie*
Monitoring mRNA metabolism

Nachrichten

**Stefan Hell und Gerald Donert
sind *Entrepreneur of the year***

Neues vom *Göttingen Campus*

**Hermann Parzinger beim
*Göttinger Literaturherbst***



IM FOKUS

3 Abteilung *Molekularbiologie*: Monitoring mRNA metabolism

NACHRICHTEN

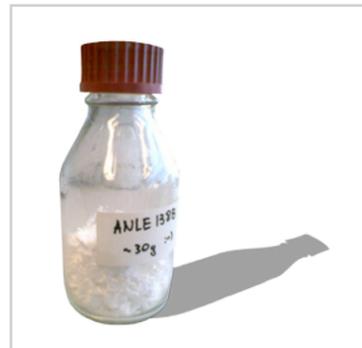
- 8 anle138b: Experimenteller Wirkstoff lindert Beschwerden neurodegenerativer Hirnerkrankung im Laborversuch
- 10 Gut verdrahtet: wie Mikroorganismen ihre Energieversorgung meistern
- 12 Stefan Hell und Gerald Donnert sind *Entrepreneur of the year 2015*

NEUES AUS DEM INSTITUT

14 Bauvorhaben am Institut nehmen Gestalt an

NEUES VOM GÖTTINGEN CAMPUS

- 15 Erster E-Rad-Schnellweg Deutschlands in Göttingen eingeweiht
- 16 Hermann Parzinger beim *Göttinger Literaturherbst*
- 18 Superrechner kommt an den *Göttingen Campus*



8 | *anle138b*: Experimenteller Wirkstoff lindert Beschwerden neurodegenerativer Hirnerkrankung bei Mäusen



12 | Stefan Hell und Gerald Donnert sind *Entrepreneur of the year 2015*



Monitoring mRNA metabolism

Margaux Michel, Carlo Bäjén, Carina Demel, Michael Lidschreiber, Kerstin Maier, Björn Schwalb, Phillipp Torkler, Patrick Cramer
Department of *Molecular Biology*

Messenger-RNAs (mRNAs) are central molecules in cells that dictate which protein is synthesized at which time and to what extent. Understanding the dynamics of mRNA synthesis and degradation is thus of central importance. Here, we describe recent developments in our laboratory that enable us to globally monitor mRNA metabolism in a quantitative manner.

The concept of mRNA metabolism

The life cycle of mRNAs in eukaryotic cells starts with synthesis of pre-mRNA molecules in the nucleus during the transcription of protein-coding genes (Fig. 1). These pre-mRNAs are processed co-transcriptionally by capping of the RNA 5' end, splicing of introns, and formation of the 3' poly-A tail. Mature mRNAs are then exported to the cytoplasm and used as templates for protein synthesis during translation. Finally, mRNAs are degraded and their building blocks are recycled.

Over the last decade it has become clear that the different phases in the mRNA life cycle are intimately coupled. For example, 5'-capping occurs as soon as the nascent pre-mRNA first reaches

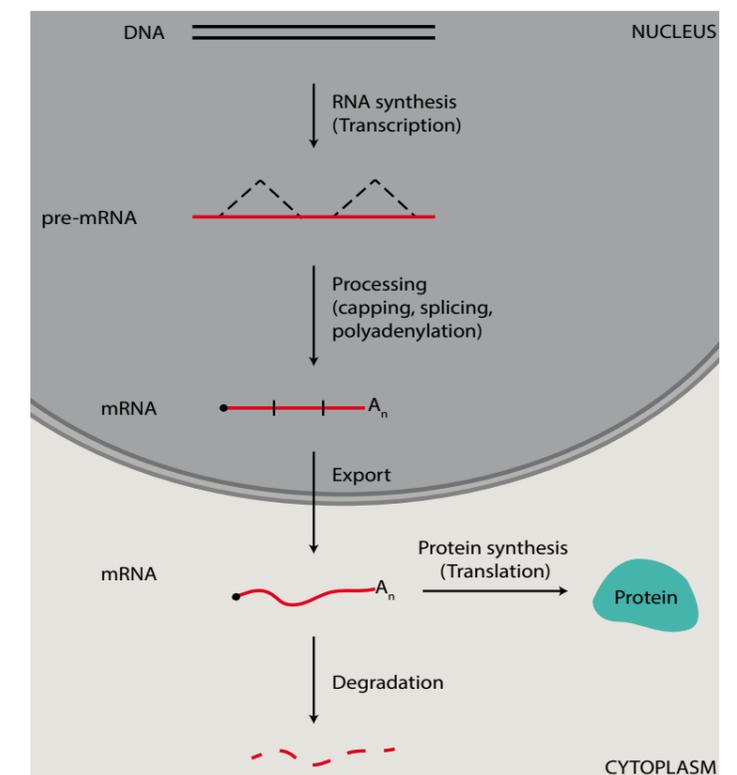


Fig. 1. Overview of cellular mRNA metabolism.

Abb. 1. Übersicht über den zellulären mRNA-Metabolismus.

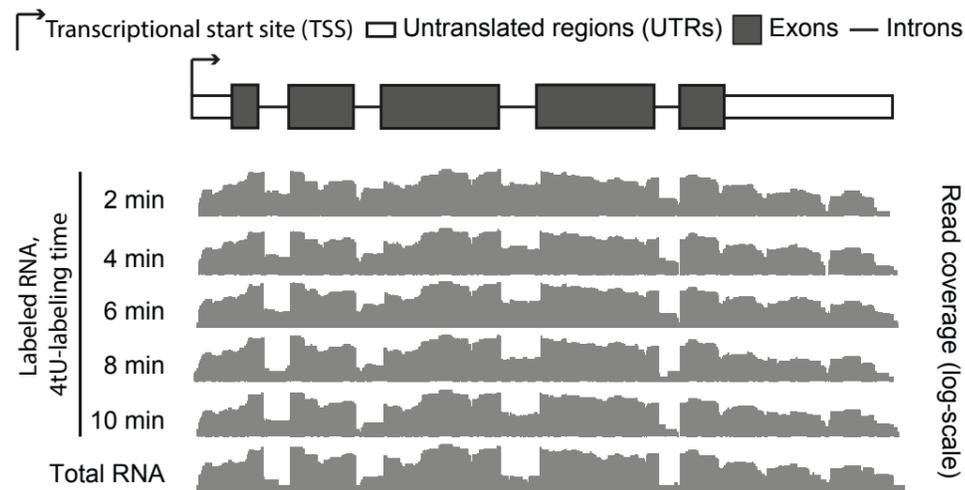


Fig. 2. Metabolic RNA labeling pulses reveal short-lived RNAs including intronic RNA regions. The vertical lines represent accumulated reads derived from sequencing newly synthesized labeled RNA in fission yeast cells. Only one example gene is depicted, although data extend to the entire genome.

Abb. 2. Die metabolische Markierung der RNA in Zellen ermöglicht es, kurzlebige RNA-Regionen wie etwa Introns zu detektieren. Senkrechte Linien stellen akkumulierte Sequenz-Reads aus der Spalte dar. Je kürzer die Zellen metabolisch markiert wurden, desto mehr kurzlebige RNAs konnten detektiert werden. Es ist nur ein Gen als Beispiel dargestellt, die Daten erstrecken sich aber über das ganze Genom.

the surface of the transcribing enzyme RNA polymerase II (Martinez-Rucobo et al., 2015). Splicing also occurs co-transcriptionally, although the underlying mechanisms remain unclear.

RNA 3'-processing is tightly linked to transcription of the polyadenylation site at the end of genes (Schrieck et al., 2014), and to the export of mRNAs. The degradation of mRNAs is generally coupled to translation. To reflect the observation that the different steps in mRNA life cycle are interconnected, we use the term mRNA metabolism.

Limitations of traditional methods to monitor mRNA

Traditionally, the levels of cellular mRNAs were measured by standard transcriptomics. RNA was isolated from cells and the amount of different mRNA species was measured using microarrays from companies such as Affymetrix or NimbleGen or later with the use of next generation sequencing technologies from Illumina, Roche, or Agilent. The latter method is known as RNA-Seq and is widely used to determine the gene expression patterns in cells. An advantage of RNA-Seq is its unbiased nature,

that is all RNA molecules can in principle be detected, whereas on microarrays only those RNAs are observed for which complementary probes are present.

A disadvantage of such standard transcriptomic methods is that they only measure the total levels of RNAs, and thus do not allow to determine what the contributions of RNA synthesis and RNA degradation rates are to achieve these RNA levels in cells. Therefore, standard methods cannot determine whether changes in gene expression involve changes in RNA synthesis or RNA degradation or both, i.e. whether gene regulation occurs during transcription or on the level of RNA turnover.

Metabolic RNA labeling and dynamic transcriptome analysis

To overcome these limitations, we use metabolic RNA labeling, which directly measures the rates of RNA synthesis in cells (Miller et al., 2011). Cells are grown in media containing 4-thiouracil or 4-thiouridine, which is rapidly converted to 4-thio-UTP. RNA polymerases readily incorporate 4-thio-UTP instead of normal UTP into nascent RNA. Cellular RNA that has been la-

beled this way (typically for 5 minutes) is then purified based on its containing thiol groups using an affinity capture method, and is monitored by microarray analysis or next-generation sequencing. Metabolic RNA labeling enables detection of short-lived RNAs, including introns (Fig. 2).

The amount of newly synthesized, labeled mRNA provides mRNA synthesis rates. If total mRNA levels are also measured, it is then possible to estimate mRNA degradation rates. This requires fitting of the data with a kinetic model that describes the amount of total RNA as a function of RNA synthesis and degradation rates. For example, a particular mRNA that is more abundant but synthesized at the same rate than another mRNA must have a longer half-life, and thus a lower degradation rate. The required kinetic modeling was pioneered by our collaborator Achim Tresch (MPI for Plant Breeding Research, Cologne) and his research group and later adopted and further developed by Julien Gagneur (Gene Center Munich) and his team. We called the resulting method dynamic transcriptome analysis or DTA.

Application of DTA to yeast cells revealed that certain classes of genes such as genes encoding for cell cycle regulators or transcription factors produce only short-lived mRNAs (Eser et al., 2014). Also it was found that mRNAs required at high levels in cells are both synthesized at high rates and show low degradation rates. DTA allowed us to monitor changes in mRNA metabolism over time and showed that both changes in mRNA synthesis and degradation occur in a coordinated fashion during a cellular stress response. This method is more sensitive and has a higher temporal resolution than standard transcriptomics.

Buffering of mRNA levels

Another complication of standard transcriptomics is the inability to put two experiments on the same scale, that is to normalize data between samples. Such normalization is not required if one wishes to only see relative changes in mRNA metabolism between different mRNAs, but it is absolutely necessary if one wants to detect global effects that relate to all mRNAs.

We established a procedure that allows for the required normalization by introducing an internal standard to experiments (Sun et al., 2012). When we applied the resulting comparative DTA (cDTA) protocol to mutant yeast cells, we observed a very interesting phenomenon that we called RNA synthesis-degradation compensation or mRNA level buffering (Sun et al., 2013). Briefly, when RNA synthesis was perturbed by mutation of the polymerase, RNA degradation rates changed in a compensatory manner, resulting in similar mRNA levels in the mutant cells. Also, when a mutation changed cellular mRNA degradation rates, mRNA synthesis compensated for this defect, again leading to relatively stable mRNA levels.

The mechanisms underlying such buffering of mRNA levels remain poorly understood. By systematically testing many different mutant yeast strains, however, we could show that the mRNA degradation enzyme Xrn1 is important for mRNA level buffering (Sun et al., 2013). When the Xrn1 RNA exonuclease is deleted, cells are growing very poorly and accumulate a lot of mRNA, because synthesis still occurs at a high

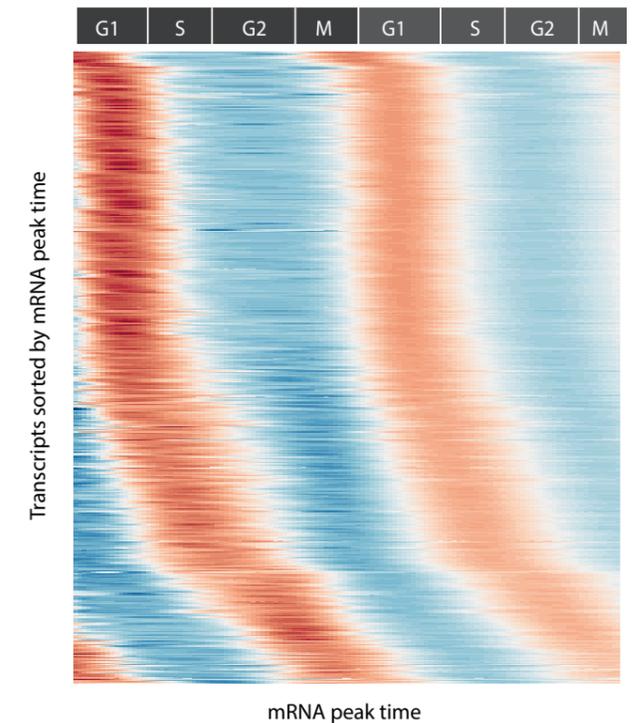
rate whereas mRNA degradation is defective. We proposed a simple mechanism underlying these observations. The mRNA encoding Xrn1 is under the control of its own product, the Xrn1 nuclease. This forms a feedback loop that allows Xrn1 to control not only its own mRNA level, but rather all cellular RNA levels, because it can act on all mRNAs.

Changes in mRNA metabolism during the cell cycle

The cDTA method also enabled us to monitor changes in mRNA synthesis and degradation rates over the cell cycle (Eser et al., 2014). When cell growth is synchronized in a population and all mRNA synthesis and degradation rates were estimated every five minutes, we found that about 10% of all yeast genes change their expression during the cell cycle (Fig. 3). For those cycling genes, subsequent peaks of RNA synthesis and degradation generate high and sharp peaks of mRNAs. If there were only peaks of mRNA synthesis without changes in mRNA degradation, mRNA levels would rise, but would remain high for extended periods of time. As a consequence, gene expression would not

Fig. 3. Comparative dynamic transcriptome analysis (cDTA) monitors periodic mRNA synthesis and degradation during the cell cycle in budding yeast. Red and blue horizontal lines represent high and low levels of mRNA synthesis for hundreds of periodically expressed genes at different times during the cell cycle.

Abb. 3. Die vergleichende dynamische Transkriptomanalyse (cDTA) ermöglicht es, die periodisch wiederkehrende Synthese und den Abbau von mRNAs während des Zellzyklus der Bäckerhefe zu verfolgen. Hohe und niedrige mRNA-Synthese ist in rot und blau für im Zellzyklus periodisch exprimierte Gene gezeigt.



be restricted to defined times in the cell cycle. Thus, both mRNA synthesis and mRNA degradation co-operate during cell cycle gene expression.

Transcriptome surveillance in yeast cells

A very surprising finding from the first RNA-Seq experiments was that in addition to mRNAs and well-known non-coding RNAs (ncRNAs) such as small nuclear RNAs, many new ncRNAs were detected in regions of the genome that were not known to be transcribed. As sequencing methods became more sensitive, it was found that extended regions of genomes in various organisms give rise to such cryptic ncRNA species. Whereas some of these new ncRNAs may have functions, it is commonly believed that many are aberrant RNAs that stem from spurious transcription and must be degraded. This requires cellular surveillance mechanisms that detect aberrant ncRNAs and govern their removal.

We could characterize a mechanism for transcriptome surveillance in yeast cells. To this end we sequenced newly synthesized cellular RNA using a combination of RNA metabolic labeling and next generation sequencing (4tU-Seq). We found that the factor Nrd1, which was known to terminate RNA synthesis of small nuclear RNAs, acts globally to terminate synthesis of ncRNAs (Schulz et al., 2013). In collaboration with the group of Johannes Söding (MPI-BPC), we also found that Nrd1 preferentially binds to nascent RNAs that contain certain tetramer motifs that are depleted in mRNAs, but found in ncRNAs, explaining how the factor is recruited to its target RNAs. The same factor can also stimulate subsequent degradation of the RNAs by the exosome (Tudek et al., 2014). Many of these aberrant ncRNA arise from bi-

directional promoter regions, and we are now trying to find out how such bidirectional transcription is controlled in cells.

Globally monitoring pre-mRNA splicing

We have recently adopted our 4tU-Seq protocol to cells from the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* (Eser et al., unpublished). Our data show that short-lived RNA species can be monitored accurately, including pre-mRNA introns that are rapidly spliced out and degraded (Fig. 2). In collaboration with the laboratory of Julien Gagneur we could extend the kinetic modeling to include rates of pre-mRNA splicing, in addition to rates of mRNA synthesis and degradation. We could see that rates of splicing vary for different genes and introns, and that this variation is both a function of the mRNA synthesis rate and of the intron sequence. When introns contain optimal splicing sequences, they are more rapidly removed and degraded *in vivo*. We also found new RNA motifs located in the untranslated regions (UTRs) that are associated with rapid turnover of mRNAs.

The transient transcriptome of human cells

Other unpublished results from our group show the value of the metabolic labeling method for monitoring mRNA metabolism in human cells (Schwalb, Michel, unpublished). Due to the presence of alternative splicing in human cells, the splicing patterns are currently too complicated to be interpreted in a systematic manner. However, due to the sensitivity of the method we are able to detect many new ncRNAs and to observe short-lived ncRNAs that were thus far only observed after components of the RNA degradation machinery were depleted.

For example, the synthesis of short ncRNAs arising from bidirectional transcription is directly observed, and RNAs synthesized from regulatory regions of the genome, so-called enhancer-RNAs, are visualized directly. We also observe very short-lived RNA portions at the end of genes that are produced just before transcription terminates. We refer to the entirety of these short-lived RNAs and RNA regions as the transient transcriptome. We could also assign degradation rates to different classes of RNAs. Whereas mRNAs on average are stable for about one hour, enhancer-RNAs have a half-life of only around one minute.

The future is bright

Based on these observations it is clear that metabolic RNA labeling coupled to deep sequencing of the newly synthesized RNAs in cells holds great promise for globally monitoring mRNA metabolism in a very sensitive and non-perturbing way during key cellular processes such as differentiation or the response to stimuli. The method also nicely complements other methods of functional genomics that provide occupancy maps of protein factors over the genome or the transcriptome. Together, these methods hold the promise of gaining a better understanding of the regulatory circuits that underlie genome expression and its regulation. Future projects will make use of these methods to systematically identify active enhancers, to understand how mammalian cells repress spurious transcription, and to monitor mRNA metabolism during the reprogramming of human cells. From such studies we hope to unravel gene expression programs and their modulation by intrinsic and extrinsic perturbations. Ultimately, the regulatory code of the genome may emerge.

Before sequencing, DNA must be fragmented with ultra-focused acoustics.

Vor der Sequenzierung wird die DNA mit ultra-fokussierten akustischen Wellen fragmentiert.



Zusammenfassung

Die im Erbgut eukaryotischer Zellen gespeicherte Information wird exprimiert, indem bestimmte Regionen in RNA-Moleküle umgeschrieben werden (Transkription). Um zu verstehen, wie das Erbgut zur Steuerung der Lebensfunktionen verwendet wird, müssen Methoden entwickelt werden, um die Gesamtheit der RNA-Kopien in Zellen zu erfassen und deren Synthese, Prozessierung und Abbau global zu verfolgen. Hier beschreiben wir unsere Arbeiten der letzten Jahre und die aktuellen Projekte, die darauf abzielen, den RNA-Metabolismus in Zellen zu verfolgen und so die Grundlagen für verschiedene zelluläre Prozesse zu studieren. Dabei verwenden wir unter anderem die sogenannte 4tU-Seq-Methode. Sie beruht darauf, dass man Zellen mit einem Analogon von Uracil füttert, um so während der Transkription neu synthetisierte RNA-Moleküle zu markieren.

Die markierte, neu synthetisierte RNA lässt sich dann isolieren und mithilfe der Sequenzierung analysieren. Gemeinsam mit einer mathematischen Modellierung ermöglicht diese Methode Einblicke in die Dynamik des RNA-Metabolismus. Wie schnell werden welche RNAs synthetisiert? Wie lange leben diese RNAs in der Zelle, bevor sie abgebaut werden? Diese Methode ermöglicht es auch, biologische Prozesse wie zum Beispiel den Zellzyklus oder die Antwort auf einen Hitze-stress viel sensitiver und genauer zu untersuchen. Unser Labor hat nach Entwicklung dieser Methoden zuerst grundlegende Mechanismen in der Hefe aufgeklärt, nun wenden wir diese Technik auf menschliche Zellen an. Die Herausforderung der nächsten Jahre wird es sein, die Komplexität der menschlichen Genregulation zu verstehen, etwa während Zellen sich differenzieren.

References

- Eser P, Demel C, Maier KC, Schwalb B, Pirkl N, Martin DE, Cramer P, Tresch A: Periodic mRNA synthesis and degradation co-operate during cell cycle gene expression. *Mol Syst Biol* **10**, 717 (2014).
- Martinez-Rucobo FW, Kohler R, Van De Waterbeemd M, Heck AJ, Hemann M, Herzog F, Stark H, Cramer P: Molecular basis of transcription-coupled pre-mRNA capping. *Mol Cell* **58**, 1079-89 (2015).
- Miller C, Schwalb B, Maier K, Schulz D, Dumcke S, Zacher B, Mayer A, Sydow J, Marciniowski L, Dolken L, Martin DE, Tresch A, Cramer P: Dynamic transcriptome analysis measures rates of mRNA synthesis and decay in yeast. *Mol Syst Biol* **7**, 458 (2011).
- Schrieck A, Easter AD, Etzold S, Wiederhold K, Lidschreiber M, Cramer P, Passmore LA: RNA polymerase II termination involves C-terminal-domain tyrosine dephosphorylation by CPF subunit Glc7. *Nat Struct Mol Biol* **21**, 175-179 (2014).
- Schulz D, Schwalb B, Kiesel A, Baejen C, Torkler P, Gagneur J, Soeding J, Cramer P: Transcriptome surveillance by selective termination of noncoding RNA synthesis. *Cell* **155**, 1075-1087 (2013).
- Sun M, Schwalb B, Pirkl N, Maier KC, Schenk A, Failmezger H, Tresch A, Cramer P: Global analysis of eukaryotic mRNA degradation reveals Xrn1-dependent buffering of transcript levels. *Mol Cell* **52**, 52-62 (2013).
- Sun M, Schwalb B, Schulz D, Pirkl N, Etzold S, Lariviere L, Maier KC, Seizl M, Tresch A, Cramer P: Comparative dynamic transcriptome analysis (cDTA) reveals mutual feedback between mRNA synthesis and degradation. *Genome Res* **22**, 1350-1359 (2012).
- Tudek A, Porrua O, Kabzinski T, Lidschreiber M, Kubicek K, Fortova A, Lacroute F, Vanacova S, Cramer P, Stefl R, Libri D: Molecular basis for coordinating transcription termination with noncoding RNA degradation. *Mol Cell* **55**, 467-481 (2014).

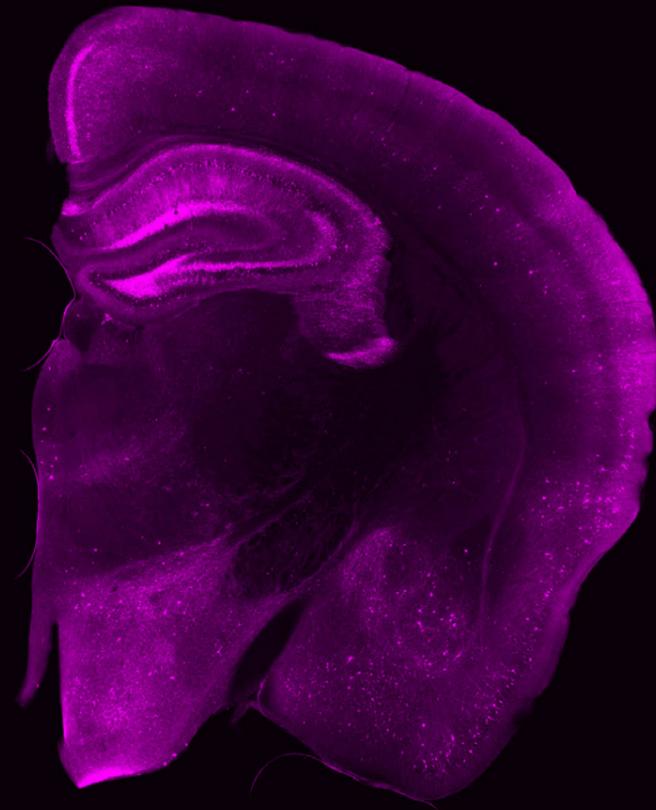
Cover picture / Titelbild

Monitoring global changes in RNA metabolism. Shown here are differences in the rates of RNA synthesis from yeast transcripts after depletion of the factor Nrd1, a nuclear RNA-binding protein. Transcripts above or below the dashed line are significantly up- or down-regulated. RNAs from different classes are shown as dots in different colors. These data establish Nrd1 as a surveillance factor that suppresses the erroneous synthesis of aberrant RNAs.

Globale Änderung der Gentranskription. Die Grafik zeigt Änderungen in der Syntheserate von RNAs, wenn der RNA-bindende Faktor Nrd1 aus Hefezellen depletiert wird. RNAs aus verschiedenen Klassen sind in unterschiedlichen Farben dargestellt. Diese Daten etablieren Nrd1 als einen Faktor, der die fehlerhafte Synthese von funktionslosen RNAs unterdrückt.

Experimenteller Wirkstoff lindert Beschwerden neurodegenerativer Hirnerkrankung im Laborversuch

Forscher des Deutschen Zentrums für Neurodegenerative Erkrankungen (DZNE) in Bonn haben gemeinsam mit Forscherteams um Christian Griesinger vom MPI-BPC und Armin Giese von der Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU) einen neuartigen Wirkstoff untersucht, der als Prototyp für die Entwicklung von Medikamenten gegen Alzheimer und andere Hirnerkrankungen dienen könnte. Die Substanz mit der Bezeichnung „anle138b“ linderte bei Mäusen Krankheitsbeschwerden und verbesserte deren kognitive Leistung. (*Acta Neuropathologica*, 8. Oktober 2015)



Drug ameliorates symptoms of neurodegenerative brain disease in lab experiments

In cooperation with colleagues in Göttingen and Munich, researchers at the German Center for Neurodegenerative Diseases (DZNE) in Bonn have analyzed a novel substance that could serve as a prototype for the development of drugs to treat Alzheimer's and other brain diseases. Known as "anle138b", this substance ameliorated disease symptoms in mice and improved their cognition. (*Acta Neuropathologica*, October 8th 2015)

Wir haben festgestellt, dass dieser Wirkstoff das Verklumpen der Tau-Proteine verhindert. Dieses Zusammenkleben ist typisch für Alzheimer und andere Hirnerkrankungen aus der Gruppe der Tauopathien“, erläutert DZNE-Forscher Martin Fuhrmann. „Die Behandlung mit anle138b bietet eine Möglichkeit, um in das Krankheitsgeschehen einzugreifen.“

Effekt auf krankhaft verändertes Protein

Im Normalzustand festigen die Tau-Proteine das Grundgerüst von Nervenzellen des Gehirns. Dieses Skelett verleiht der Zelle mechanische Stabilität und dient zugleich als Verkehrsnetz für Substanzen, die für den Stoffwechsel erforderlich sind. Bei Alzheimer und anderen Tauopathien sind die Tau-Proteine jedoch verändert: Sie lösen sich vom Zellgerüst und legen sich zu Klumpen zusammen. Infolgedessen zerfällt das zelluläre Skelett allmählich und die Versorgung innerhalb der Zelle gerät ins Stocken. Die Hirnzelle verkümmert und kann sogar absterben.

Linderung von Krankheits-symptomen

„Anlass für die Untersuchungen waren unsere vorausgehenden Studien, in denen wir eine hohe Wirksamkeit auf die Bildung krankhafter Eiweißablagerungen zeigen konnten“, so Armin Giese vom Zentrum für Neuropathologie und Prionforschung der LMU. „Diese haben uns vermuten lassen, anle138b könnte die Aggregation von Tau-Proteinen unterbinden.“

Die von den Wissenschaftlern behandelten Mäuse zeigten aufgrund eines Gendefektes diverse Merkmale einer Tauopathie, wie sie auch bei Menschen auftreten. Dazu gehörten neben verklumpenden Tau-Proteinen kognitive Störungen und eine verkürzte Lebensdauer. Wie sich nun zeigte, wirkt die über die Nahrung verabreichte Substanz nicht nur auf molekularer Ebene. Sie beeinflusst auch Krankheitssymptome. „Das Gedächtnis und Orientierungsvermögen der Mäuse verbessert sich. Außerdem verlängert sich die Lebenszeit“, sagt Martin Fuhrmann. Darüber hinaus stellten die Wissenschaftler fest, dass die therapierten Mäuse im Vergleich

zu unbehandelten Tieren weniger Nervenzellschäden aufwiesen.

Krankheitsentwicklung offenbar verlangsamt

„Im Gegensatz zu anderen Wirkstoffen ist anle138b aufgrund seiner chemischen und metabolischen Eigenschaften oral verfügbar, verbleibt über Stunden im Körper und wirkt gezielt auf das Verklumpen der Proteine“, berichtet Christian Griesinger, in dessen Abteilung der Wirkstoff synthetisiert wurde.

„Anle138b kann die Erkrankung im untersuchten Tiermodell zwar nicht aufhalten. Aber er scheint den Krankheitsverlauf zu verlangsamen“, meint Martin Fuhrmann. „Insofern ist anle138b ein möglicher Ausgangspunkt für die Entwicklung von Medikamenten, die die Aggregation von Tau-Proteinen verhindern.“ Ob daraus ein für den Menschen wirksames Medikament wird, bleibt abzuwarten und wird sicherlich mehrere Jahre in Anspruch nehmen. Derzeit wird der Wirkstoff anle138b in einer gemeinsamen Ausgründung der LMU und der Max-Planck-Gesellschaft, der MODAG GmbH, weiterentwickelt.

(Marcus Neitzert, DZNE)

We have found that this substance prevents the aggregation of tau proteins. This aggregation is typical of Alzheimer's and other brain diseases classified as tauopathies,” explains DZNE researcher Martin Fuhrmann, who worked on this study with Armin Giese at the Ludwig Maximilians University Munich (LMU) and Christian Griesinger at the MPI-BPC. “Treatment with anle138b could be one way of intervening in the progress of the disease.”

Under normal conditions, the tau proteins stabilize the microtubules that are part of the cytoskeleton of neurons in the brain. The cytoskeleton gives the cell mechanical stability and serves as a transport network for substances essential to the cell's metabolism. However, in cases of Alzheimer's disease and other tauopathies, the tau proteins have undergone an alteration: They become detached from microtubules and aggregate into filamentous tau-tangles. As a result, the microtubules' function and the cell's metabolism are impaired, which eventually leads to neuronal death.

Amelioration of disease symptoms

“The experiments were inspired by our earlier studies that showed high efficacy against the formation of pathological protein aggregation,” says Armin Giese at the Center for Neuropathology and Prion Research at the LMU Munich. “These led us to suspect that anle138b could prevent the aggregation of tau proteins.”

The mice treated by the scientists had a genetic defect that caused them to display various characteristics typical of tauopathies, the same as those that manifest in humans. Besides aggregation of tau proteins, these include cognitive disorders and a shorter life expectancy. It turned out that the substance, which was administered in the mice's food, not only works at molecular level but also influences disease symptoms. “The mice's working memory skills improved and they lived longer,” states Martin Fuhrmann. The scientists also found that the treated mice had less neuron loss than those that had not been treated.

“In contrast to other substances anle138b is orally available because of

its chemical and metabolic characteristics. Therefore, it stays for hours within the body and targets specifically protein aggregation,” says Christian Griesinger, whose team synthesized the substance.

“Anle138b cannot stop the disease from progressing in the animal model, but it seems to slow it down,” explains Martin Fuhrmann. “Anle138b is therefore a possible starting point for the development of drugs that prevent the aggregation of tau proteins.” However, the results from mice are not directly transferable to human. “The efficacy and tolerance for humans have to be tested in demanding clinical trials. Even with an optimistic perspective it will take years until a treatment for patients might be available.” Currently, a joint venture of LMU and MPG, MODAG GmbH, develops the drug anle138b further. (Marcus Neitzert, DZNE)

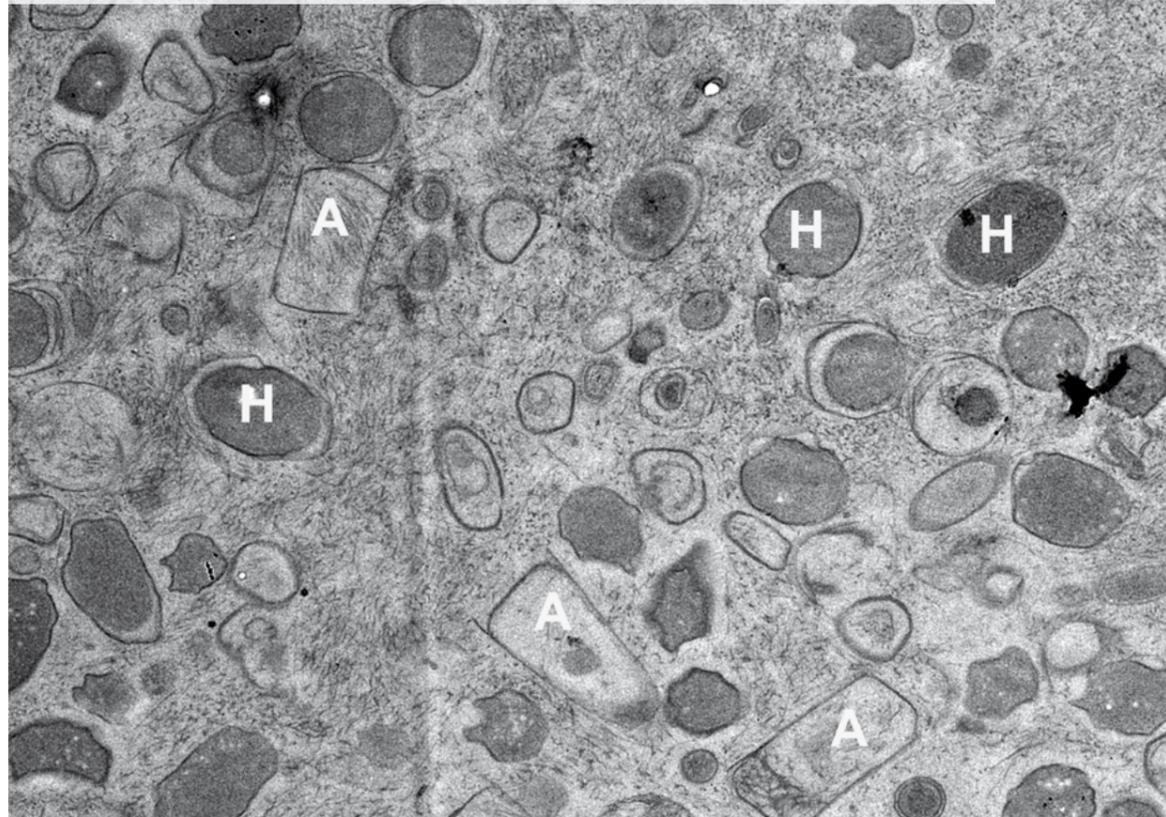
Picture: A look inside the brain of a mouse.

Tau proteins are enriched in the magenta areas. (Image: Jens Wagner / DZNE)

Bild: Blick ins Gehirn einer Maus.

In den magenta leuchtenden Bereichen haben sich Tau-Proteine angesammelt.

Gut verdrahtet: wie Mikroorganismen über Nano-Stromnetze ihre Energieversorgung meistern und das Treibhausgas Methan knacken



Strom wie aus der Steckdose – diese bequeme Art der Energieversorgung bewahrt sich scheinbar für bestimmte Mikroorganismen. Die Zellen können ihren Energiebedarf in Form von elektrischem Strom über Nano-Drahtverbindungen decken. Diese wahrscheinlich kleinsten Stromnetze der Welt haben Forscher entdeckt, als sie Zellaggregate Methan-abbauender Mikroorganismen untersuchten. Diese bestehen aus zwei völlig verschiedenen Zelltypen, die Methan nur gemeinsam abbauen können. Mithilfe genetischer und elektronenmikroskopischer Verfahren fanden sie kabelartige Verbindungen zwischen den Zellen, die erklären wie die Organismen ihren Energieaustausch organisieren. Die Ergebnisse wurden in der Ausgabe von *Nature* am 21. Oktober 2015 veröffentlicht.

Bremer Wissenschaftler untersuchen seit mehreren Jahren, wie Methan im Meeresboden von Mikroorganismen abgebaut wird. Es bleibt ein Rätsel, wie die Methanfresser ohne Sauer-

stoff ihren Energiehaushalt regeln. Nun zeigen neue Ergebnisse, dass vielleicht der direkte Fluss von Elektronen zwischen Zellen des Rätsels Lösung darstellt.

Elektrischer Strom als Energieträger

Es war eine Sensation, als im Jahre 2010 Forscher erstmals Strom leitende Verbindungen zwischen verschiedenen Mikroorganismen fanden. Es stellte sich nun die Frage, ob elektrischer Strom als Energieträger auch für andere mikrobielle Prozesse in der Natur in Frage kommt. Einer dieser Prozesse ist der Abbau von Methan in Bereichen des Meeresbodens, in denen kein molekularer Sauerstoff vorhanden ist. Dieser Vorgang ist unter dem Namen *Anaerobe Oxidation von Methan*, kurz AOM, bekannt. Er ist ein klimarelevanter Prozess. Die beteiligten Mikroorganismen haben Bremer Forscher im Jahre 2000 erstmals beschrieben und seitdem intensiv studiert.

Das Klimagas Methan im Meeresboden

In den tiefen Schichten des Meeresbodens bildet sich Methan aus abgestorbener Biomasse. Dieses Gas steigt zunächst auf, doch noch vor dem Austritt ins Meer wird es im Meeresboden durch ganz spezielle Gemeinschaften (Konsortien) von bestimmten Typen von Bakterien und Archaeen abgebaut. Die Archaeen nehmen das Methan auf und oxidieren es zu Carbonat. Dabei entstehende Energie muss den Partnerbakterien übergeben werden, damit der Prozess ablaufen kann. Die Bakterien veratmen dann statt Sauerstoff Sulfat, um ebenfalls Energie zu gewinnen (Sulfatreduzierer). Aber in welcher Form der Transfer geschieht, blieb bis vor Kurzem ein Rätsel. Dieser Prozess findet wahrscheinlich seit Milliarden von Jahren statt und hat schon den Methangehalt in der sauerstofffreien Atmosphäre der jungen Erde beeinflusst.

Gunter Wegener, Wissenschaftler am MPI für Marine Mikrobiologie, sagt: „Unser Team hat sich besondere AOM-Konsortien angeschaut, die bei 60 Grad Celsius leben. Hier gelang es erstmals, das Partnerbakterium allein wachsen zu lassen. Dann haben wir diese Kultur und die AOM-Kultur systematisch unter verschiedenen Bedingungen getestet und verglichen. Wir wollten wissen, welche Stoffe als Energieträger zwischen den Archaeen und dem Sulfatreduzierer in Frage kommen.“

Die meisten Verbindungen konnten die Wissenschaftler schnell ausschließen. Gaben die Forscher jedoch Wasserstoff und Methan gemeinsam zu den Konsortien, wurde kein Methan mehr abgebaut, stattdessen nutzten die Sulfatreduzierer den Wasserstoff. Erst als dieser aufgebraucht war, lief die Methanoxidation wieder an. Wasserstoff kam als Intermediat in Betracht, nur produzierten Archaeen nicht ausreichend davon, um das Wachstum der Sulfatreduzierer zu erklären.

Direkte Stromkabel und Elektronentransporter

Es blieb als mögliche Alternative eine direkte Stromverbindung zwischen den Zellen. Für die AOM-Kulturen traf diese Vermutung ins Schwarze. Dietmar Riedel, Leiter der Facility für Elektronenmikroskopie am MPI-BPC, sagt: „Die Schwierigkeit bestand darin, diese Verbindungen auch morphologisch nachzuweisen. Um die Strukturen nachzuweisen, mussten die Proben unter Hochdruck gefroren und in Epoxidharz eingebettet werden. Danach konnten ultradünne Schnitte der so präparierten Probe in nahezu nativem Zustand am Transmissions-elektronenmikroskop untersucht werden.“ Viola Kruenberg, eine der Erstautoren der Arbeit, ergänzt: „Wir haben alle notwendigen Gene für den Elektronentransport gefunden und gezeigt, dass sie durch Methan und Sulfat aktiviert werden.“ Mit Methan als Energiequelle wuchsen kabelartige Strukturen, sogenannte Pili, von den Bakterien zu den Archaeen und docken dort an. Die Kabel sind bis zu mehrere Mikrometer lang, also länger als eine Zelle. Sie sind mit wenigen Nanometern aber sehr dünn. Die Kabel schaffen den Kontakt zwischen den eng benachbarten Zellen und erklären auch die räumliche Struktur des Konsortiums, wie von einem Team von Forschern um Victoria Orphan von Caltech in der gleichen *Nature*-Ausgabe gezeigt wurde. Wie die Forschung über diese Nano-Stromnetze weitergehen soll, fasst die Arbeitsgruppenleiterin Antje Boetius vom MPI für Marine Mikrobiologie zusammen: „In der Natur gibt es eine erhebliche Vielfalt von den Archaea-Bakterien-Konsortien. Der nächste Schritt ist zu schauen, ob die Stromkabel auch bei anderen Konsortien vorkommen. Wir möchten verstehen, wie diese Gemeinschaften funktionieren und wie sie ihren Stoffwechsel regeln, weil dadurch entscheidende Prozesse in der Natur gesteuert werden.“

(Manfred Schlösser)

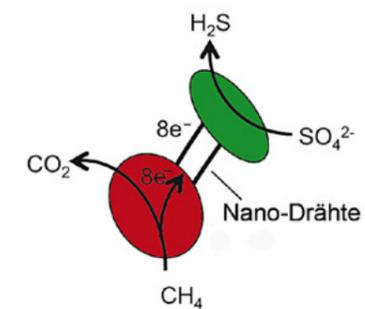


Abb. 1. So funkt es zwischen den Zellen. Die rot dargestellten Archaeen sind die Stromversorger. Sie setzen bei der Oxidation von einem Molekül Methan acht Elektronen frei, die über die Nanodrähte zum grün dargestellten Sulfatreduzierer fließen. Dort wird mit diesen acht Elektronen ein Molekül Sulfat in Schwefelwasserstoff umgewandelt. Die Expression der Gene für Cytochrome c und die Pili lief sofort auf Hochtouren, wenn die Forscher Methan und Sulfat zur Kultur gaben und stoppte sofort, wenn Wasserstoff zur Verfügung stand. Zusammen mit den elektronenmikroskopischen Aufnahmen ist dies ein Hinweis für den Energietransport via Stromkabel.

(Bild: MPI für Marine Mikrobiologie)

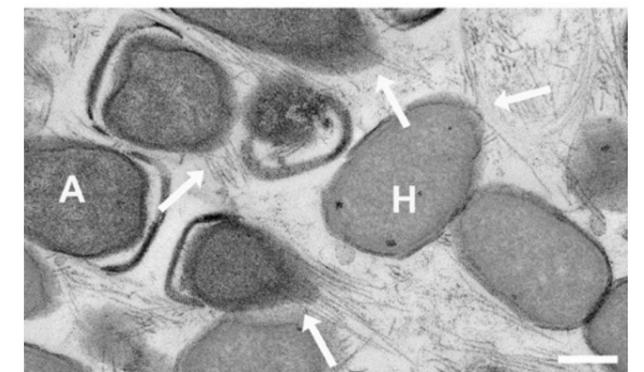


Abb. 2 und großes Bild linke Seite. Mithilfe der Elektronenmikroskopie entdeckten die Wissenschaftler die Nanodrähte, die bis zu mehreren Mikrometern lang wurden. Die Länge des weißen Balkens entspricht einem Mikrometer. Die Pfeile verweisen auf die Nanodrähte. (A=ANME-Archaeen, H=HotSeep-1 Partnerbakterien)

(Bild: Riedel, MPI-BPC)

Entrepreneur des Jahres 2015

Zum 19. Mal hat die Prüfungs- und Beratungsgesellschaft *Ernst and Young* Unternehmer mit dem Titel „Entrepreneur of the year 2015“ geehrt. Sie werden damit für ihre Innovationskraft und ihr vorbildliches unternehmerisches Engagement gewürdigt, das zur Besetzung neuer Geschäftsfelder geführt hat. Gewinner des diesjährigen Wettbewerbs in der Kategorie Start-up sind Nobelpreisträger Stefan Hell und Gerald Donnert, die mit der *Abberior Instruments GmbH* eine wissenschaftliche Revolution in der Mikroskopie weltweit wirtschaftlich nutzbar machen. Der renommierte Unternehmerpreis wurde am 15. Oktober 2015 auf einer feierlichen Galaveranstaltung im Deutschen Historischen Museum Berlin überreicht. Den Festvortrag hielt Günter Oettinger, EU-Kommissar für digitale Wirtschaft und Gesellschaft.



Der Preis ist eine Anerkennung für den Mut der Gründer, auf eigenes Risiko ein Unternehmen ins Leben zu rufen. Er würdigt auch ihr Geschick, alle unternehmerischen Herausforderungen so zu meistern, dass diese Ausgründung aufgrund ihres technologischen Vorsprungs organisch wachsen kann“, sagte *Abberior*-Mitgründer und Gesellschafter Stefan Hell, der am MPI-BPC in Göttingen und am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg forscht. Der Geschäftsführer von *Abberior Instruments*,

Gerald Donnert, erklärte: „Der Preis zeichnet auch die Leistung aller Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter unserer jungen Firma aus, die sich diesen Erfolg in weniger als vier Jahren erarbeitet haben. Ihre persönliche Risikobereitschaft und ihr hoher Arbeitseinsatz wurden so prominent honoriert. Für mich persönlich bedeutet der Preis auch eine Bestätigung unserer bisherigen Strategie. Er wird mich noch mehr motivieren, in die Entwicklung der besten höchstauflösenden Mikroskope zu investieren.“



Stefan Hell (links) und Gerald Donnert (2. von rechts) mit Moderatorin Judith Rakers (Bild: Ernst & Young)

Die Preisträger Stefan Hell und Gerald Donnert hatten gemeinsam mit Alexander Egner, Benjamin Harke, Lars Kastrup, Matthias Reuss und Andreas Schönle im Jahr 2012 das auf hochauflösende Lichtmikroskopie spezialisierte Unternehmen aus der Taufe gehoben. Grundlage für die Ausgründung der *Abberior Instruments GmbH* aus dem MPI-BPC und dem DKFZ war die bahnbrechende Entdeckung von Stefan Hell, dass man die Abbesche Beugungsgrenze überwinden und das Auflösungsvermögen herkömmlicher Lichtmikroskope um das bis zu Zehnfache steigern kann – und prinzipiell noch mehr. Bei den von *Abberior Instruments* bis zur Produktreife entwickelten STED- und RESOLFT-Mikroskopen werden eng benachbarte Details unter Verwendung eines speziellen Lichtstrahls sequenziell dunkel gehalten, so dass sie nicht gleichzeitig, sondern nacheinander aufleuchten. Somit können sie im Lichtmikroskop deutlich unterschieden werden. Für diese bahnbrechenden Arbeiten wurde Stefan Hell im Jahr 2014 mit dem Nobelpreis für Chemie ausgezeichnet.

Abberior Instruments mache diese Mikroskopieverfahren in ihrer leistungsfähigsten Form verfügbar. Das bringe die industrielle und akademische Forschung voran und helfe, die Systematik von Krankheiten oder des Lebens zu erkennen, lobte die Jury. „Diese Auszeichnung bestätigt unseren generellen Anspuch, bei unseren Produkten keine Kompromisse

einzugehen und immer die Bedürfnisse der Anwender in den Vordergrund zu stellen. Dazu haben wir uns bei *Abberior Instruments* zum Ziel gesetzt, Forschern auf der ganzen Welt kostengünstigen Zugang zu den schärfsten Mikroskopen zu ermöglichen“, so Gerald Donnert. (cr)

Über den Wettbewerb „Entrepreneur of the year“

Die Auszeichnung „Entrepreneur of the year“ honoriert unternehmerische Spitzenleistungen weltweit in über 60 Ländern. In Deutschland wird der Preis 2015 zum 19. Mal verliehen. Insgesamt 44 Firmen hatten in diesem Jahr nach einer mehrstufigen Auswahl den Sprung ins Finale geschafft. Aus allen Finalisten wählte eine unabhängige Jury namhafter Wirtschaftsexperten die Preisträger in vier Kategorien: Dienstleistung/IT, Industrie, Konsumgüter/Handel und Start-up. Für Familienunternehmen wurde ein Ehrenpreis vergeben. Alle Finalisten und Preisträger wurden für ihre Verdienste in die *Hall of Fame* aufgenommen.

In Deutschland wird der von *Ernst and Young* organisierte Wettbewerb von namhaften Unternehmen und Medien unterstützt, darunter die LGT Bank, Jaguar Land Rover, die Frankfurter Allgemeine Zeitung, das manager magazin und die strategische Unternehmensberatung für Kommunikation CNC.

Bauvorhaben am Institut nehmen Gestalt an

Am Max-Planck-Campus sind die Bauplanungsbücher gut gefüllt. Während im Moment der Neubau des MPI für Dynamik und Selbstorganisation (MPIDS) in die Höhe wächst und die Bushaltestelle „Am Faßberg“ behindertengerecht modernisiert wird, verändert sich auch am MPI-BPC einiges.

Beim täglichen Gang über das Institutsgelände und durch die Türme trifft man immer wieder auf geschäftige Bauarbeiter. Zum Beispiel bei der Warenannahme und der Tischlerei. „Bis zum Frühjahr 2016 sollen diese Bauarbeiten abgeschlossen sein. Hier entstehen neue Räumlichkeiten für ein Kryo-Elektronenmikroskop, das vor allem von den Abteilungen von Patrick Cramer und Holger Stark genutzt wird, aber auch allen anderen Wissenschaftlern am Institut zur Verfügung steht“, sagt Reiner Schymura, Leiter der Betriebstechnik und verantwortlicher Koordinator der Baumaßnahmen.

Die Warenannahme wird an gewohnter Stelle in modernisierte und den Brandschutzrichtlinien entsprechende Räume zurückkehren. Die Tischlerei zieht in den Bereich hinter der Warenannahme. Tischlerei-Leiter Peter Böttcher: „Es ist schon eine logistische Herausforderung bei laufendem Betrieb umzuziehen. Gut, dass an unserem Institut viele Zahnräder sehr gut ineinander greifen.“ Auch die Stickstoffstation wird umziehen und neben der Warenannahme ihren neuen Platz bekommen. Für die Direktorin Melina Schuh wird das 1. Obergeschoss von Turm 5 umgebaut. Diese Modernisierung wird bis Mai 2017 andauern. Bis dahin bezieht die neue Abteilung *Meiose* Interimsräume in Turm 1.

Ein längerfristiges Großprojekt auf dem Campus ist weiterhin die Modernisierung der Energieerzeugungsanlage, die

schon von Ferne durch den großen Schornstein sichtbar ist. Für dieses Bauvorhaben wird im Laufe des nächsten Jahres eine Baustraße angelegt. Die bestehende Einfahrt für Baufahrzeuge hinter dem MPIDS wird dafür mit genutzt und erweitert. Der sich anschließende Wegabschnitt wird hinter dem Neubau des MPIDS und dem Kitagelände am Feldrand auf dem Institutsgelände weitergeführt und in den Weg hinter dem Alpakagehege münden. „Die neue Straße wird keine versiegelte Asphaltdecke haben, sondern aus abtragbarem Kalkmergel bestehen – ein Wall sorgt darüber hinaus für Schallschutz“, erklärt Reiner Schymura.

Der geplante Baubeginn an der Energieerzeugungszentrale verschiebt sich durch verschiedene noch andauernde Genehmigungsverfahren um ein Jahr auf März 2017. Dann sollen innerhalb von fünfzehn Monaten die bestehenden Gebäude entkernt und die Innentechnik erneuert werden. Vier neue Kessel, drei Kältemaschinen und ein zusätzliches Blockheizkraftwerk sind geplant, außerdem zwei Hybridkühltürme zur Kälteerzeugung. Der 52 Meter hohe Schornstein wird zum Ende der Bauarbeiten abgetragen und durch einen mit 23 Metern vergleichsweise kleinen Turm ersetzt. Aber bis dahin vergeht noch einige Zeit – über zwei Jahre kann das Institut sein „Wahrzeichen“ noch behalten. (es)



Die Warenannahme kehrt bald wieder in ihre Räume zurück (oben). Die Tischlerei wird in neue Räumlichkeiten hinter der Warenannahme umziehen (rechts).

Am Feldrand hinter dem Neubau des MPIDS und der Kita wird im nächsten Jahr eine Baustraße für den Transport schwerer Geräte angelegt.



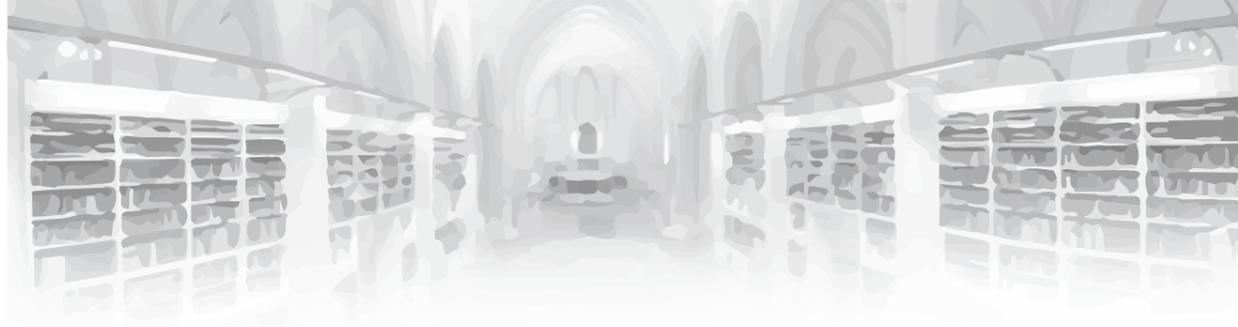
Erste E-Rad-Schnellstrecke Deutschlands eingeweiht

Von Bahnhof zum Nordcampus auf dem Rad-Schnellweg: Bereits seit 2013 nutzen viele E-Biker und Radfahrer Teile dieses deutschlandweit einzigartigen Radwegs. Anfang Oktober wurde auch das letzte Stück fertig gestellt und die vier Kilometer lange Strecke offiziell eingeweiht.

Das Projekt ist Teil des Vorhabens *Schaufenster Elektromobilität Niedersachsen* und wurde mit rund einer Million Euro vom Bund gefördert. Etwa 600 000 Euro hat die Stadt Göttingen beigesteuert. Die Strecke verläuft auf modernisierten, verbreiterten und mit Spezialbelag versehenen Wegen und zum Teil in Tempo-30-Straßen. An den Ampelkreuzungen bekommen die Radfahrer mit Extra-Lichtzeichenanlagen Vorrang.

Die Radlerautobahn wird laut der fünf Zählstationen entlang des Weges hervorragend genutzt. Besonders hoch frequentiert ist der Abschnitt Zentralcampus – Klinikum – Nordcampus. Eine Zählstelle an der Robert-Koch-Straße hat Spitzentageswerte von bis zu 8000 Radfahrern registriert. Der Rad-Schnellweg soll künftig weiter ausgebaut werden – voraussichtlich bis nach Rosdorf. (es)





Göttinger Literaturherbst

Eine Geschichtsstunde der besonderen Art

Die Wissenschaftsreihe beim *Göttinger Literaturherbst* führte auch in diesem Jahr wieder viele interessierte Zuhörerinnen und Zuhörer in die Paulinerkirche. Nicht nur der Vortrag von Harald Lesch, dem die diesjährige *Science Communication*-Medaille verliehen wurde, war ausverkauft. Auch bei dem Prähistoriker Hermann Parzinger, der am 14. Oktober über „Die Kinder des Prometheus“ sprach, blieb kein Stuhl frei. Und die Gäste sollten nicht enttäuscht werden.

Von den Anfängen des Menschen vor mehreren Millionen Jahren bis zur Entstehung komplexer Gesellschaften vor wenigen Jahrtausenden, vom *Sahelanthropus tchadensis* bis zum *Homo sapiens* in nur einer Stunde: Hermann Parzinger nimmt die Zuhörer in seinem Vortrag mit auf eine gewaltige Reise im Zeitraffer. Nicht weniger als eine globale Betrachtung der Menschwerdung ist sein Anspruch an diesem Abend. Dieser umfassende Blick scheint zunächst ungewöhnlich für einen Archäologen, dessen Disziplin sich doch klassischerweise sehr auf regionale Funde und Entwicklungen fokussiert. Doch Hermann Parzinger ist nicht nur Prähistoriker, Archäologe und erfolgreicher Judoka, wie Gregor Eichele, Direktor am MPI-BPC, in seiner Anmoderation herausstellt. Seit 2008 ist er auch Präsident der *Stiftung Preußischer Kulturbesitz*, einer der größten Kultureinrichtungen der Welt. Dieses Amt, so sagt Hermann Parzinger selbst am Anfang seines Vortrags, habe ihm ganz wesentlich die globale Perspektive auf die Entwicklung des Menschen eröffnet.

Hermann Parzinger spricht frei, ohne Manuskript und ohne Präsentationsfolien. Er versteht es geschickt, an das Vorwissen seines Publikums anzuknüpfen. So steigt er in seine Erzählung ein mit dem erst kürzlich bekannt gewordenen Fund des noch undatierten *Homo naledi* in einer Höhle in Südafrika und nutzt diesen gleich, um zu verdeutlichen, wie außergewöhnlich es ist, mehrere fast komplette Skelette eines Frühmenschen zu entdecken. Denn im Normalfall stehen Forschern nur einige wenige Knochen oder deren Fragmente zur Verfügung, um daraus das Skelett und den Entwicklungsstand der frühen Menschenformen zu rekonstruieren. Hermann Parzinger ordnet den Wissensstand zur menschlichen Frühgeschichte gleich zu Beginn deutlich ein: „Riesige Lücken klaffen auf dem Weg der menschlichen Entwicklung“, betont er. Trotzdem gelingt es ihm, diese Entwicklung als eine Geschichte zu schildern, deren einzelne Kapitel wie in einer großen Erzählung aufeinander aufbauen. Eine Geschichte, der sein Publikum gebannt folgt.

Schnell merkt man, dass Hermann Parzinger sich im Großen wie im Kleinen exzellent mit dem großen Thema der Menschwerdung auskennt. Immer wieder verlässt er den globalen Betrachtungswinkel, um anhand spezifischer Funde einzelne Entwicklungsschritte zu erläutern. Dabei konzentriert sich der Prähistoriker an diesem Abend besonders auf jene Errungenschaften, die den Menschen in seiner Evolution entscheidend vorangebracht haben. So schildert er ausführlich, wie sich das Leben des Frühmenschen änderte, als er gelernt hatte, das Feuer zu beherrschen. *Homo erectus* wurde es so vor etwa einer Million Jahre möglich, Nährstoffe besser zugänglich zu machen und Fleisch zu konservieren – entsprechend nahmen Gehirn und Muskelmasse zu. Etwa zeitgleich, so der Archäologe, habe der Mensch angefangen, Treibjagden zu veranstalten. Dies sei ein weiterer wichtiger Schritt gewesen, denn diese Jagdform erfordere eine komplexe Kommunikation und mache große Mengen Fleisch auf einen Schlag verfügbar, die wiederum nur mithilfe des Feuers haltbar gemacht werden konnten. Und noch einen Vorteil brachte das Feuer für den frühen Menschen: Es wärmte. So half es ent-



Bild: Berthold Weikmann, fotolia



(Bild: Jan Vetter, Göttinger Literaturherbst)

scheidend, kühlere Gebiete zu besiedeln. *Homo erectus* verließ als erster Vertreter des menschlichen Stammbaums Afrika.

Hermann Parzinger erzählt weiter, von der Besiedlung Europas, von bedeutenden archäologischen Funden wie den Speeren von Schöningen, 350.000 Jahre alt, die in ihren Flugeigenschaften modernen Wettkampfspeeren erstaunlich nahe kommen. Sein Fazit: „Schon damals muss es Sprache gegeben haben, um Erfahrungswissen weiterzugeben.“ Er berichtet auch vom Neandertaler, bei dem der Prähistoriker angesichts der Gräber erste Anzeichen einer Jenseits-Vorstellung ausmacht. Trotz dieses Parforceritts durch die Jahrtausende verlieren die Zuhörer nie den Anschluss, denn Hermann Parzinger erklärt stets mit klaren Worten und ordnet jedes Detail in den Gesamtkontext seiner Erzählung ein.

Der Mensch hat sein eigenes Schicksal früh mitgeprägt

Schließlich, die Vortragszeit ist schon zur Hälfte rum, betritt *Homo sapiens* in Hermann Parzingers Erzählung die Bühne der Welt. Und das Publikum erfährt von der zweiten wesentlichen Entwicklung auf dem Weg zum modernen Menschen: Vor etwa 12.000 Jahren lernt *Homo sapiens*, der mittlerweile alle Kontinente erobert hat, im Mittleren Osten Pflanzen und Tiere zu domestizieren. In der Folge wird er sesshaft. Für Hermann Parzinger illustriert besonders dieser Schritt, was den Menschen in seinen Augen von anderen Tieren unterscheidet: Er habe seine eigene Entwicklung immer wieder durch strategische Entscheidungen selbst vorangetrieben. An dieser Stelle offenbart sich, dass Hermann Parzinger bei der Wahl seines

Vortragstitels „Die Kinder des Prometheus“ wohl zweierlei im Sinn hatte: Zum einen brachte der antike Held den Menschen in der griechischen Mythologie das Feuer. Zum anderen ist auch Prometheus' Name bei Hermann Parzinger Programm: Er bedeutet auf Deutsch *Der Vorausdenkende*.

»Die Geschichte der Menschheit wird noch viele Überraschungen bereithalten.«

Mit der Sesshaftwerdung, fährt der Prähistoriker fort, habe der Mensch allerdings auch erstmals eine Entwicklung in Gang gesetzt, die er nicht mehr zurückdrehen konnte: Dank planbarer Ernährung wuchs die Bevölkerung, es folgten Arbeitsteilung, Spezialisierung und soziale Ungleichheit. Kurz: Komplexe Gesellschaften entstanden.

Als Hermann Parzinger vom letzten Schritt zur modernen Zivilisation berichtet, kann er sich einen Scherz nicht verkneifen: Die Schrift sei wahrscheinlich entstanden, weil die komplexen Gesellschaften eine effiziente Verwaltung erforderten hätten. „Insofern“, sagt er, „kann man sagen, dass Bürokraten den letzten Schritt zur Zivilisation ermöglichten.“

Eine Stunde lang hat Hermann Parzinger seinem gebannten Publikum eine spannende Geschichte erzählt. Und er will es dann auch nicht entlassen, ohne für die Zukunft zu versprechen: „Die Menschheitsgeschichte wird noch viele Überraschungen bereithalten.“ (fk)



(Bild: Axel Hindemith, Wikimedia Commons, Creative Commons-Lizenz CC-by-sa-3.0 (<http://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/de/legalcode>))

Superrechner kommt an den *Göttingen Campus*

Göttingen und Berlin werden Standorte eines neuen Hochleistungscomputer-Systems, das von sieben norddeutschen Bundesländern betrieben wird. Göttingen hatte sich erstmals als Rechner-Standort beworben und nun vom Niedersächsischen Ministerium für Wissenschaft und Kultur den Zuschlag erhalten.

Der Göttinger Hochleistungsrechner wird das aktuelle Supercomputersystem HLRN-III, das an der Leibniz Universität Hannover installiert ist, ersetzen. Zweiter Standort des neuen Supercomputers bleibt das Konrad-Zuse-Zentrum für Informationstechnik in Berlin. Der neue Hochleistungsrechner HLRN-IV soll im Jahr 2018 in Betrieb gehen.

Wie der Sprecher des niedersächsischen Wissenschaftsministeriums, Jan Haude, erklärte, ist der neue Hochleistungsrechner derzeit noch in der Entwicklung. Ähnlich wie sein Vorgänger sollen die Kosten rund 30 Millionen Euro betragen. Die eine Hälfte der Kosten

übernehmen die sieben norddeutschen Länder Berlin, Brandenburg, Bremen, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen und Schleswig-Holstein, die im Verbund für Hoch- und Höchstleistungsrechner (HLRN) zusammengeschlossen sind. Die andere Hälfte trägt der Bund.

Dass sich das Ministerium für den Standort Göttingen entschied, hätte vor allem wirtschaftliche Gründe gehabt, so der Ministeriumssprecher. In Göttingen seien niedrigere Betriebskosten zu erwarten und die Stadt biete sowohl hinsichtlich der Energiekosten als auch der Energieeffizienz günstigere Voraussetzungen. So will die Universität Göttingen

beispielsweise künftig auf effizientere Energienutzung setzen und verstärkt selbst Energie erzeugen, unter anderem durch Geothermie-Nutzung.

Die erste Komponente des neuen Hochleistungsrechners soll an einem der Standorte der Gesellschaft für wissenschaftliche Datenverarbeitung Göttingen (GWDG) in der Zimmermannstraße aufgebaut werden. Weitere Elemente sollen dann in einem neuen Rechenzentrum installiert werden, das von der Universität, der Universitätsmedizin Göttingen und der Max-Planck-Gesellschaft gemeinsam betrieben wird. Es soll ab 2017 auf dem Nordcampus der Universität Göttingen entstehen. (cr)

IMPRESSUM

Redaktionsleitung

Carmen Rotte (cr), Tel. 1304

Redaktion

Carmen Rotte, Tel. 1304

Elisa Schubert (es), Tel. 1308

Frederik Köpper (fk), Tel. 1310

Layout

Christine Hemme, Tel. 1095

Fotos

Irene Böttcher-Gajewski, Tel. 1135

Peter Goldmann, Tel. 1423

Elisa Schubert

Druck

Bonifatius GmbH, Paderborn

Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

Am Faßberg 11, 37077 Göttingen

Tel. +49 551 201-0

Fax +49 551 201-1222

www.mpibpc.mpg.de