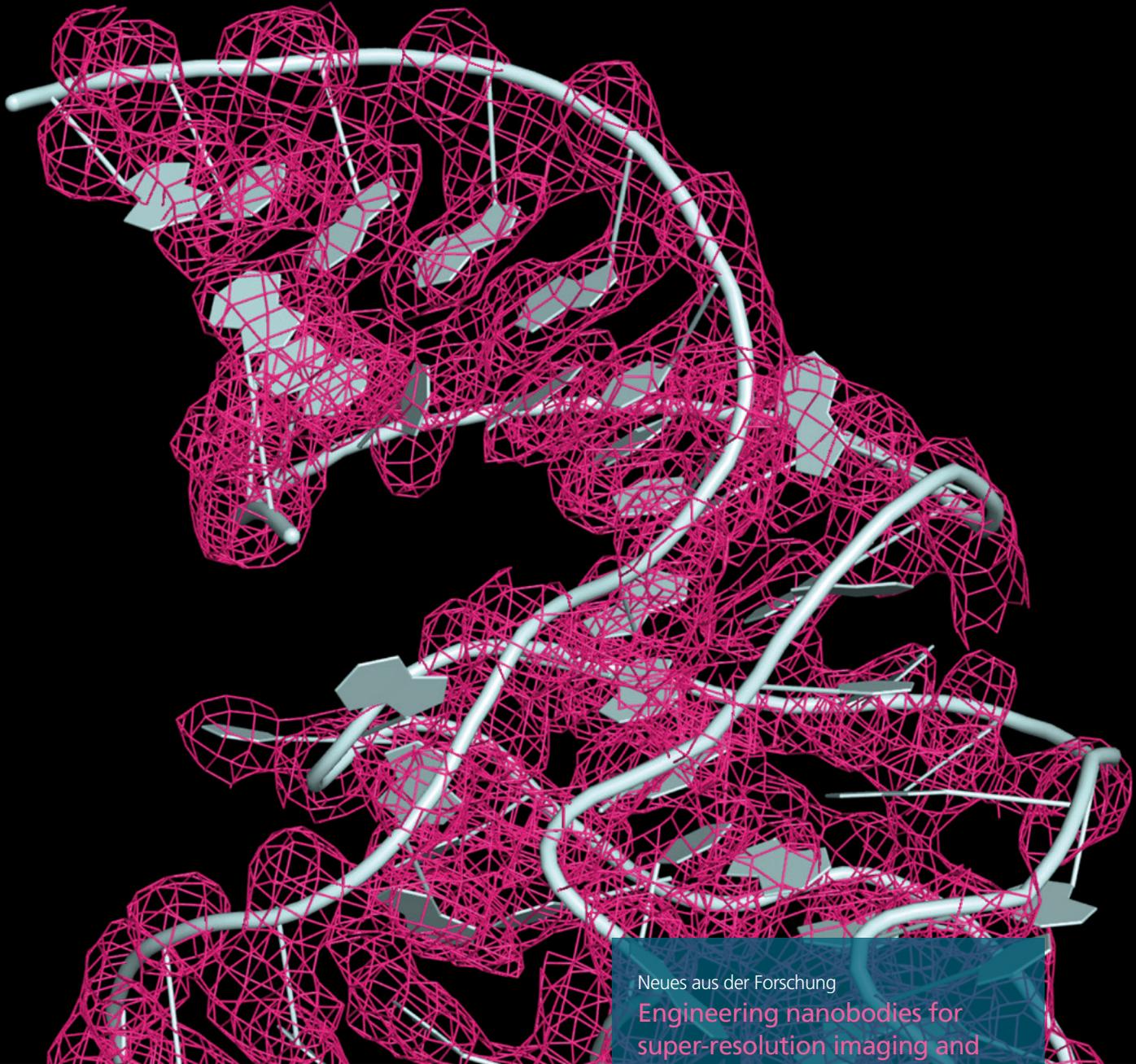




Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

# MPIbpc NEWS

22. Jahrgang | März 2016



Neues aus der Forschung

Engineering nanobodies for  
super-resolution imaging and  
native protein complex isolation

Nachrichten

DNA: nicht nur gut als Erbgut

Im Porträt

Gäste und Events in besten  
Händen



## NEUES AUS DER FORSCHUNG

- 4 Abteilung *Zelluläre Logistik*: Engineering nanobodies for super-resolution imaging and native protein complex isolation



4 *Engineering nanobodies for super-resolution imaging and native protein complex isolation*

.....

## NACHRICHTEN

- 6 DNA: nicht nur gut als Erbgut
- 10 Molekularer Lotse schafft „verirrte“ Proteine aus dem Zellkern heraus
- 11 Alpakas am Institut jetzt zu zehnt
- 12 *ERC Starting Grant* für Alexander Stein

## IM PORTRÄT

- 14 Gäste und Events in besten Händen

## NEUES AUS DEM INSTITUT

- 18 Neues Gesicht in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
- 18 MPI-BPC-Azubis und Ausbilder beim *GöBit*



12 *Alexander Stein erhält ERC Starting Grant*

.....



14 *Das Team der Gästetage ist bestens gerüstet*

.....

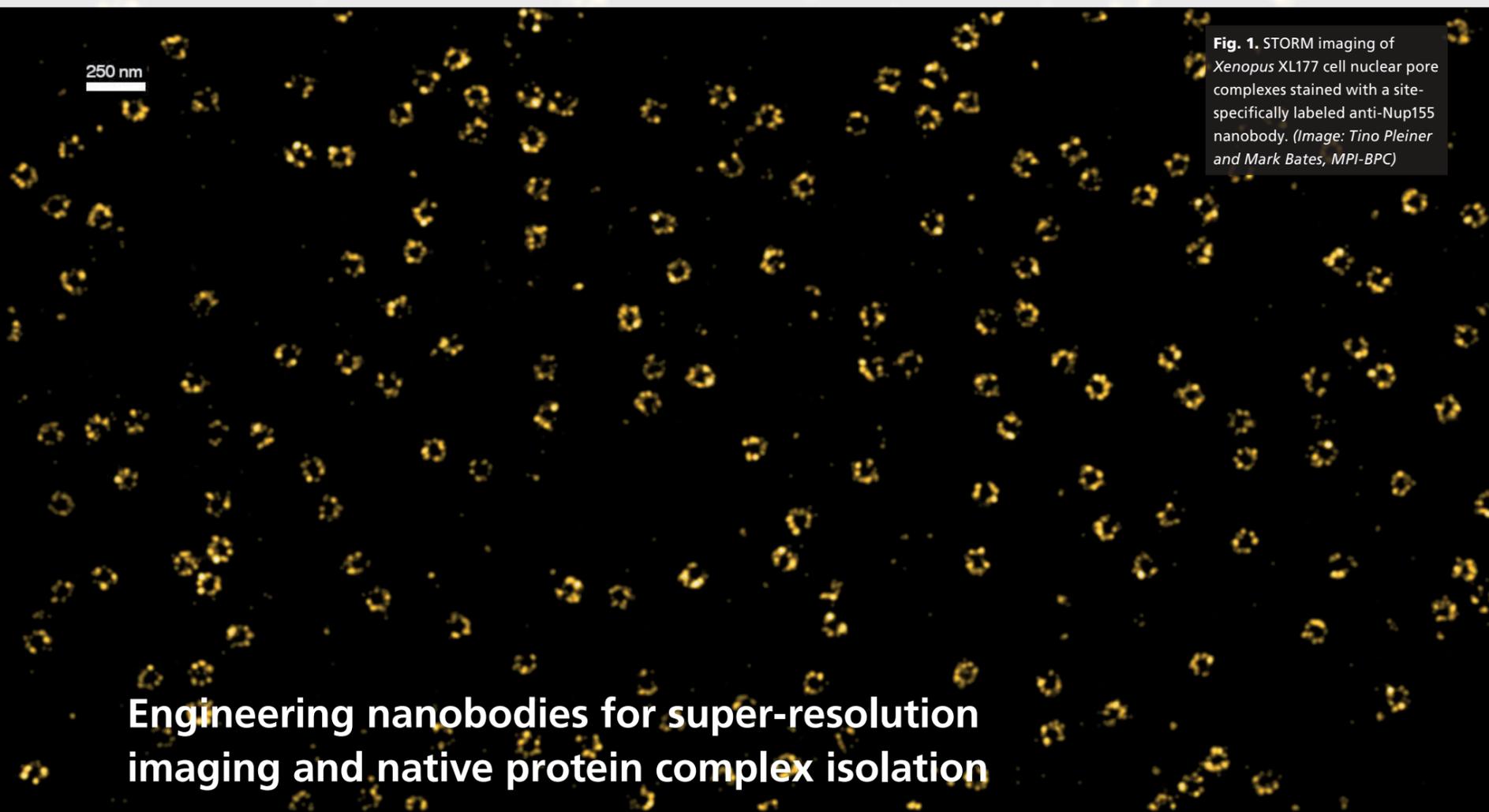


18 *Das MPI-BPC stellt Ausbildungsberufe beim GöBit vor*

.....

## NEUES VOM GÖTTINGEN CAMPUS

<i>Careersteps</i> – Karrieretag für Postdocs	19
GWDG Info	19
Ausstellung am DPZ: Einblicke ins Gehirn	20



**Fig. 1.** STORM imaging of *Xenopus* XL177 cell nuclear pore complexes stained with a site-specifically labeled anti-Nup155 nanobody. (Image: Tino Pleiner and Mark Bates, MPI-BPC)



(Picture: ibg)

## Engineering nanobodies for super-resolution imaging and native protein complex isolation

Tino Pleiner, Mark Bates, Sergei Trakhanov, Chung-Tien Lee, Jan Erik Schliep, Hema Chug, Marc Böhning, Holger Stark, Henning Urlaub, and Dirk Görlich

Antibodies not only protect humans and other animals against disease-causing bacteria and viruses. They can also be used as tools for medical diagnostics and basic research. Conventional antibodies consist of light and heavy protein chains, and both are required for recognizing a target molecule (antigen). Alpacas, llamas, and camels, however, also possess simpler antibodies that lack light chains and bind to antigens via a single protein domain. Such domains can be produced in bacteria and are then called nanobodies. Compared to normal antibodies, nanobodies are ten-fold smaller, which is of great advantage in virtually all practical applications.

Researchers of the Department of *Cellular Logistics* headed by Dirk Görlich at the MPI-BPC made use of the recently established alpaca farm at the institute that by now houses ten alpacas. They immunized the animals with various antigens of the vertebrate nuclear pore complex (NPC) – a nanoscopic machine for transporting large biological molecules in and out of the cell’s nucleus – and eventually obtained a toolbox of nanobodies against the NPC. In the course of this work, however, they had to realize that currently available protocols for applying nanobodies in imaging and affinity purification suffered from substantial limitations.

Nanobodies can be linked to fluorophores and then be used to stain sub-cellular structures so that they can be observed under a microscope. When fluorophores were attached in the traditional way, via the amino acid lysine, all tested nanobodies performed poorly in fluorescence microscopy – pointing to a systematic problem. Tino Pleiner and colleagues therefore explored an alternative, namely to label nanobodies via engineered surface cysteines. This was counterintuitive, because every nanobody already contains two internal cysteines and their modification would compromise the overall stability of the nanobody fold. However, the scientists found out that the labeling reaction is

absolutely specific for the introduced surface cysteines when it is performed at low temperature. This strategy consistently yielded imaging reagents that could effectively position fluorophores as close as 1-2 nanometers to their antigens. Nanobodies labeled in this way are thus ideal to exploit the full potential of super-resolution microscopy (Fig.1).

In contrast to conventional antibodies, which often bind disordered peptide motifs, nanobodies preferentially recognize structured regions of a protein or even contact multiple proteins of a protein complex at the same time. Therefore, it was much more difficult to identify where a nanobody actu-

ally binds. Interestingly, the engineered surface cysteines proved also useful as “position sensors” to report which region of an antigen a given nanobody binds. This was then revealed by cross-linking mass spectrometry.

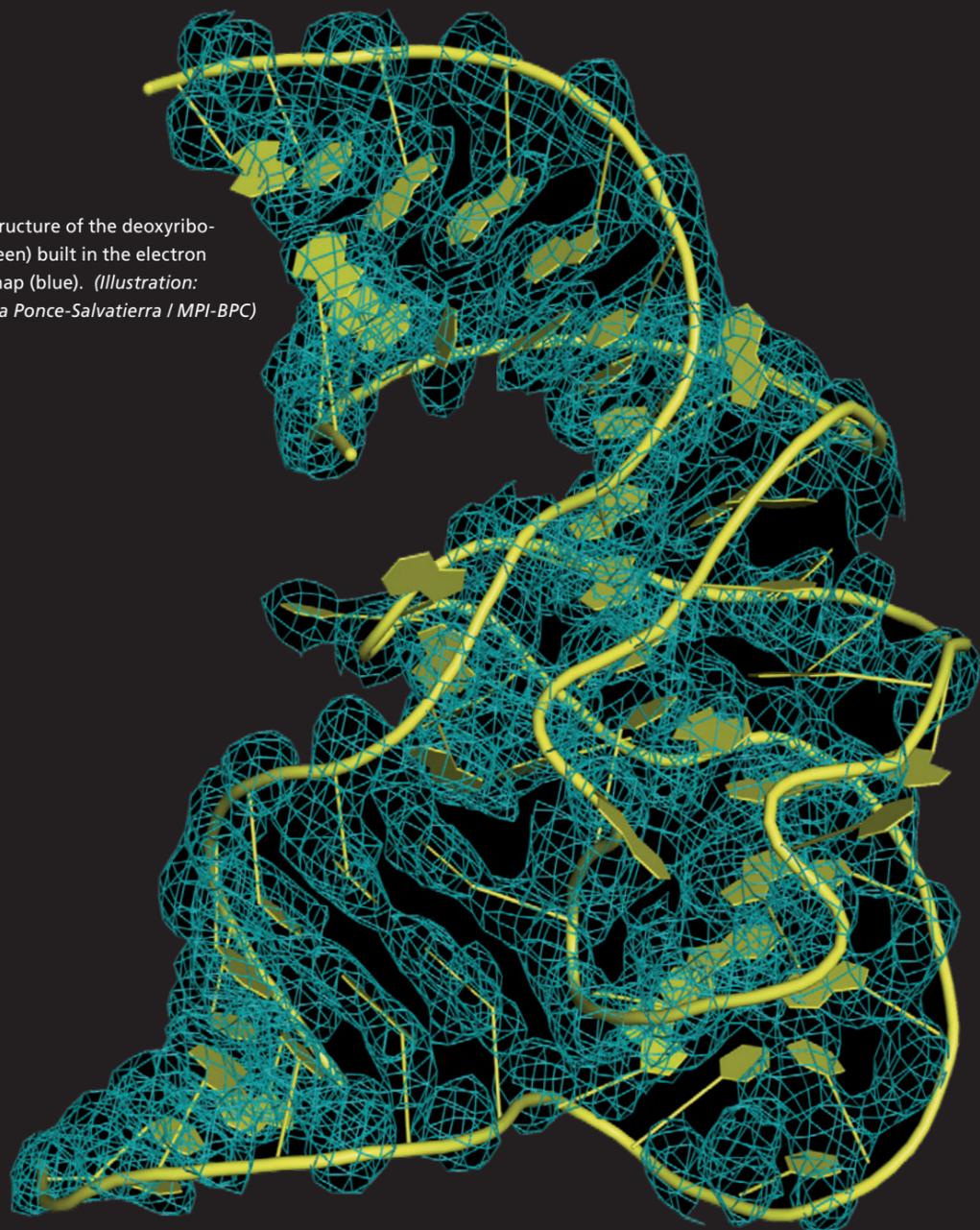
Nanobodies are also used to purify protein complexes from crude cell extracts by affinity chromatography. Previously, nanobodies were chemically attached to an insoluble matrix, and bound protein complexes were released under conditions that destroy interactions between proteins. The Göttingen researchers now replaced the destructive step with a step that uses an enzyme to cut a bond and gently detach the nanobody (along with

any bound protein complex) from the matrix. Bound protein complexes thus stay intact and can be studied further. In the future, this strategy can be applied to nanobodies that recognize tags commonly added to proteins (for example GFP) to isolate virtually any protein complex for functional assays or structural analyses.

### Original publication

**Pleiner T, Bates M, Trakhanov S, Lee CT, Schliep JE, Chug H, Böhning M, Stark H, Urlaub H, Görlich D:** Nanobodies: site-specific labeling for super-resolution imaging, rapid epitope-mapping and native protein complex isolation. *eLife*, doi: 10.7554/eLife.11349 (2015).

Crystal structure of the deoxyribozyme (green) built in the electron density map (blue). (Illustration: Almudena Ponce-Salvatierra / MPI-BPC)



## DNA: Not just good for genes

The main job of deoxyribonucleic acid (DNA) is to encode and store our genetic information. But there is more to it: Like many proteins and ribonucleic acids (RNAs), DNA can also catalyze chemical reactions like an enzyme. A team of Göttingen researchers headed by Claudia Höbartner and Vlad Pena has now, for the first time, visualized the spatial structure of a DNA enzyme in atomic detail. The scientists thus provide evidence that also DNA folds into complex three-dimensional shapes to be catalytically active. The new findings solve a long-standing puzzle in nucleic acid chemistry and are an important step to better understand DNA enzymes as well as to utilize them as tools. (*Nature*, January 14<sup>th</sup>, 2016)

»A fascinating question is whether DNA structures of such complexity might play a role in nature.«

Vlad Pena

Unlike catalytic proteins and RNAs, DNA enzymes – also termed deoxyribozymes – have not been found in living cells so far. Scientists prepare them synthetically by producing a large number of individual DNA strands and then fishing out those which are able to catalyze chemical reactions. The deoxyribozymes can then serve as tools in research. They are used for example for cutting RNA molecules at a specific site or for linking two RNAs. The hope is that they can also be applied in medicine, for example to target genes involved in certain diseases.

“In order to generate more efficient variants of deoxyribozymes by rational optimization we need to know how they function,” explains Claudia Höbartner, head of the Group *Nucleic Acid Chemistry* at the MPI-BPC and Professor at the Institute for Organic and Biomolecular Chemistry at the University of Göttingen. “To this end, it is important to learn how the DNA specifically selects only one out of many possible sites in the RNA for carrying out the reaction. This can only be explained when we understand the DNA’s three-dimensional structure.” Researchers have been trying to solve such a deoxyribozyme structure since DNA enzymes were discovered more than 20 years ago. The team headed by Claudia Höbartner and Vlad Pena has now achieved the breakthrough: They have unveiled the spatial structure of a deoxyribozyme with atomic accuracy. This provided detailed insight into how DNA enzymes work – a milestone in research on nucleic acids and structural biology.

The examined DNA enzyme catalyzes the formation of a natural chemical bond between two RNA molecules, resulting in a single strand of RNA. The structure identified by the Göttingen chemists shows the deoxyribozyme after the reaction has occurred. “We saw that the DNA strand folded up to form a compact unit. Thereby, certain building blocks of the DNA juxtapose with the RNAs’ reactive ends in one spot, forming a center where the chemical reaction takes place,” explains Vlad Pena, head of the Research Group *Macromolecular Crystallography* at the MPI-BPC. With the first three-dimensional structure of a deoxyribozyme, the Göttingen scientists now show what has long been sus-

pected but could not be verified so far: Just like enzymatic RNAs and proteins, DNA enzymes adopt a defined three-dimensional structure to fulfill their catalytic task. “This poses the fascinating question of whether more complex DNA structures might also play a role in nature, similar to what is currently known only for RNAs and proteins,” Vlad Pena says. The researchers’ findings also help to understand the exact course of the reaction and to improve DNA enzymes as tools. Thanks to the new information, they were able to modify the DNA enzyme so that it changed its preference for certain RNA substrates.

With the first structure of a deoxyribozyme, the chemists solved a long-standing puzzle of catalytically active DNA molecules: RNA enzymes are particularly good catalysts because on each individual building block they have an additional so-called hydroxyl group which plays an important role for the 3D organization and catalysis. This additional hydroxyl group is missing in DNA. So how do deoxyribozymes manage to catalyze reactions equally well as the chemically much better equipped RNA enzymes? “The structure of the deoxyribozyme shows that lack of the hydroxyl group is not a disadvantage for DNA,” reports Almudena Ponce-Salvatierra, first author of the publication. “This endows DNA with structural properties more versatile than those of RNA, enabling more possibilities to bring together its chemical building blocks for catalysis.”

In the future, Max Planck researcher Claudia Höbartner wants to find out even more about these particular nucleic acid molecules. “We will try to ‘freeze’ a deoxyribozyme not only after, but also before or during the chemical reaction to analyze its structure. This would give us additional information about the catalytic mechanism.”

Claudia Höbartner/Vlad Pena

### Original publication

Ponce-Salvatierra A, Wawrzyniak-Turek K, Steuerwald U, Höbartner C, Pena V: Crystal structure of a DNA catalyst. *Nature* 529, 231-234 (2016).

## DNA: nicht nur gut als Erbgut

Das „Kerngeschäft“ der Desoxyribonukleinsäure (DNA) ist zweifelsohne, unsere genetische Information zu codieren und zu speichern. Doch sie hat noch mehr im Repertoire: Ebenso wie viele Proteine und Ribonukleinsäuren (RNAs) kann auch DNA wie ein Enzym chemische Reaktionen katalysieren. Göttinger Forscher um Claudia Höbartner und Vlad Pena haben nun erstmals die räumliche Struktur eines DNA-Enzyms im atomaren Detail sichtbar gemacht. Die Wissenschaftler erbringen damit den Beweis, dass sich auch DNA zu komplexen dreidimensionalen Formen faltet, um katalytisch aktiv zu sein. Die neuen Erkenntnisse lösen ein langjähriges Rätsel der Nukleinsäure-Chemie und sind ein wichtiger Schritt, um DNA-Enzyme besser zu verstehen und als Werkzeuge nutzbar zu machen. (*Nature*, 14. Januar 2016)

Anders als katalytische Proteine und RNAs hat man DNA-Enzyme, auch Desoxyribozyme genannt, bisher in lebenden Zellen nicht gefunden. Wissenschaftler stellen diese künstlich her, indem sie eine Vielzahl einzelner DNA-Stränge produzieren und anschließend jene herausfiltern, die enzymatisch aktiv sind, also chemische Reaktionen katalysieren. Die Desoxyribozyme können dann als Werkzeuge in der Forschung dienen. Sie werden beispielsweise dafür eingesetzt, RNA-Moleküle an einer definierten Stelle zu schneiden oder zwei RNAs miteinander zu verknüpfen. Außerdem hofft man, sie auch in der Medizin nutzen zu können, um etwa an Krankheiten beteiligte Gene gezielt auszuschalten.

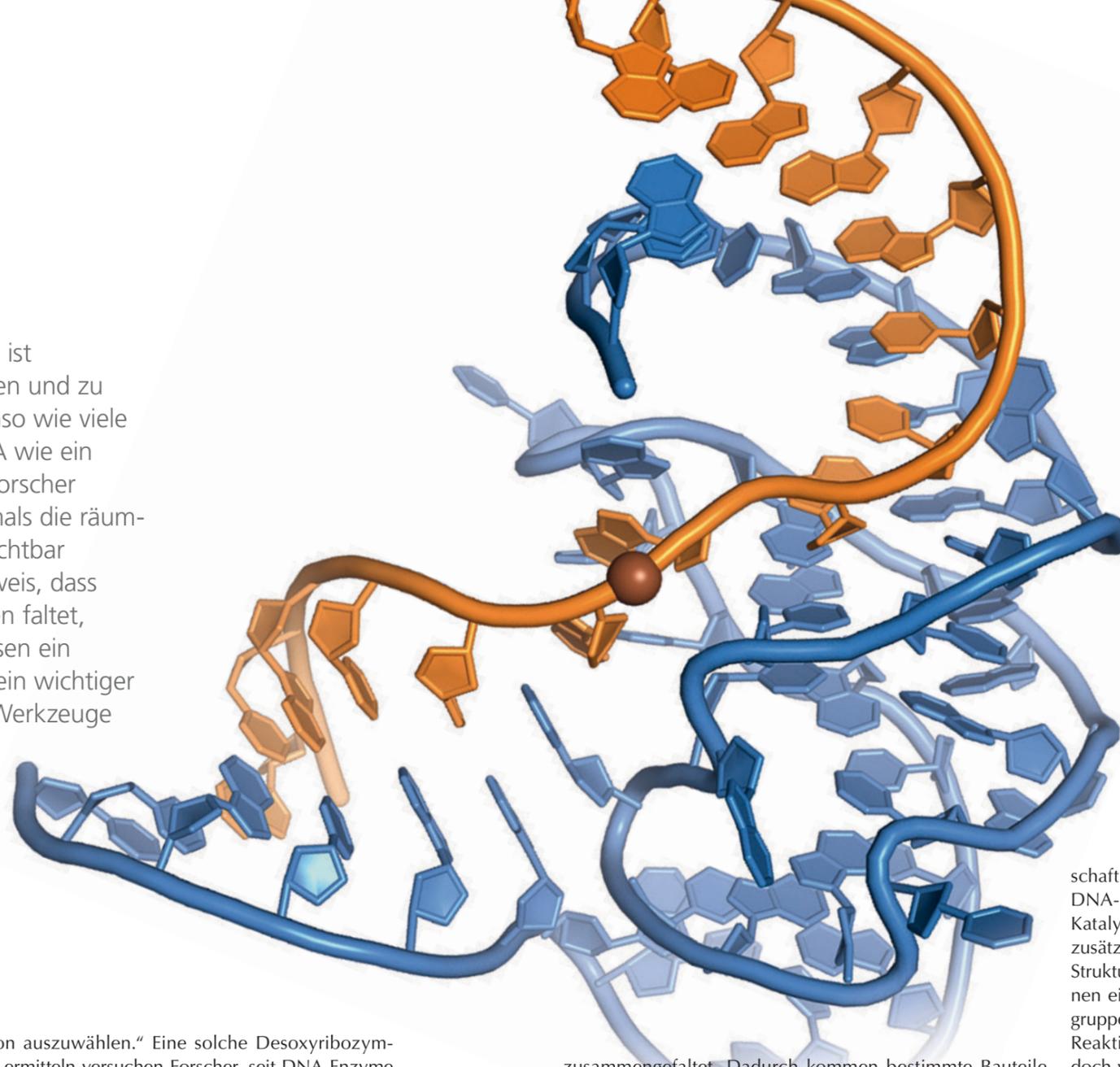
„Um wirksame Desoxyribozyme für einen bestimmten Zweck zu optimieren, müssen wir zunächst mehr darüber lernen, wie sie im Detail funktionieren“, erläutert Claudia Höbartner, Leiterin der Gruppe *Nukleinsäurechemie* am MPI-BPC und Professorin am Institut für Organische und Biomolekulare Chemie an der Universität Göttingen. „Dafür ist es nötig zu verstehen, welche dreidimensionale Struktur der DNA-Strang einnimmt und wie es der DNA gelingt, unter den vielen möglichen Stellen in der RNA genau eine einzige für

die Reaktion auszuwählen.“ Eine solche Desoxyribozym-Struktur zu ermitteln versuchen Forscher, seit DNA-Enzyme vor mehr als 20 Jahren entdeckt wurden. Dem Team um Claudia Höbartner und Vlad Pena ist jetzt der Durchbruch gelungen: Sie haben die räumliche Struktur eines Desoxyribozyms mit atomarer Genauigkeit analysiert und damit detaillierte Einblicke in dessen Funktionsweise gewonnen – ein Meilenstein in der Forschung an Nukleinsäure-Enzymen.

»Um Desoxyribozyme zu optimieren, müssen wir mehr darüber lernen, wie sie im Detail funktionieren.«

Claudia Höbartner

Das untersuchte DNA-Enzym katalysiert das Ausbilden einer natürlichen chemischen Bindung zwischen zwei RNA-Molekülen, die dadurch zu einem einzigen RNA-Strang verschmelzen. Die Struktur der Göttinger Chemiker zeigt das Desoxyribozym am Ende dieser Reaktion. „Wie wir sehen konnten, hat sich der DNA-Strang zu einer kompakten Einheit



Die erste dreidimensionale Struktur eines DNA-Enzyms. Das Desoxyribozym (blau) hat zwei RNA-Stränge (orange) miteinander verknüpft. (Abbildung: Claudia Höbartner und Vlad Pena / MPI-BPC)

zusammengefaltet. Dadurch kommen bestimmte Bauteile der DNA an einem Punkt mit den Enden der RNA-Stränge zusammen und bilden ein Zentrum, in dem die chemische Reaktion abläuft“, erklärt Vlad Pena, der am MPI-BPC die Forschungsgruppe *Makromolekulare Kristallografie* leitet. Mit der ersten dreidimensionalen Struktur eines Desoxyribozyms zeigen die Göttinger Wissenschaftler jetzt, was lange vermutet, bisher aber nicht belegt werden konnte: DNA-Enzyme nehmen, ebenso wie enzymatische RNAs und Proteine, eine definierte dreidimensionale Struktur ein, um ihre katalytische Aufgabe zu erfüllen. „Daraus ergibt sich die spannende Frage, ob komplexere DNA-Strukturen nicht auch in der Natur eine Rolle spielen könnten, ähnlich wie wir es bisher nur von RNAs und Proteinen kennen“, so Vlad Pena.

Die Erkenntnisse der Forscher sind auch hilfreich, um den genauen Ablauf der Reaktion zu verstehen und DNA-Enzyme als Werkzeuge zu verbessern: Dank der neuen Informationen konnten sie das DNA-Enzym so modifizieren, dass es seine „Vorliebe“ für bestimmte RNAs änderte.

Des Weiteren lösten die Chemiker mit der ersten Struktur eines Desoxyribozyms ein Rätsel, das Wissen-

schaftler beschäftigt hat, seit man von katalytisch aktiven DNA-Molekülen weiß: RNA-Enzyme sind besonders gute Katalysatoren, weil sie an jedem einzelnen Baustein eine zusätzliche sogenannte Hydroxylgruppe besitzen, die für die Struktur der RNA-Enzyme und für die Katalyse der Reaktionen eine wichtige Rolle spielt. Diese zusätzliche Hydroxylgruppe fehlt der DNA. Wie also schaffen es Desoxyribozyme, Reaktionen ähnlich gut zu katalysieren wie die chemisch doch viel besser ausgestatteten RNA-Enzyme? „Die Struktur des Desoxyribozyms zeigt, dass die fehlende Hydroxylgruppe für die DNA kein Nachteil ist“, berichtet Almudena Ponce-Salvatierra, Erstautorin der Arbeit. „Ihre Abwesenheit macht den DNA-Strang nämlich viel flexibler. Er kann sich daher zu ganz anderen Formen zusammenfalten, als es einem RNA-Strang möglich wäre. Dadurch hat ein Desoxyribozym noch mehr Möglichkeiten, seine chemischen Bausteine so zusammenzubringen, dass sie Reaktionen katalysieren können.“

In Zukunft will Claudia Höbartner noch mehr über diese besonderen Nukleinsäure-Moleküle herausfinden: „Wir werden versuchen, ein Desoxyribozym nicht nur nach, sondern vor oder während der chemischen Reaktion ‚einzufrieren‘ und seine Struktur zu analysieren. Diese würde uns noch mehr Details über den Mechanismus verraten, mit dem das Enzym seine Reaktion katalysiert.“ (fk)

### Originalveröffentlichung

**Ponce-Salvatierra A, Wawrzyniak-Turek K, Steuerwald U, Höbartner C, Pena V:** Crystal structure of a DNA catalyst. *Nature* 529, 231-234 (2016).

# Molekularer Lotse schafft „verirrte“ Proteine auf schnellem Wege aus dem Zellkern heraus

Schützende Sicherheitskontrollen sind auch für lebende Zellen unverzichtbar. Hochselektive Tore in den beiden Hüllmembranen des Zellkerns – sogenannte Kernporen – überwachen, welche Moleküle in den Kern hinein dürfen und welche nicht. Wie Wissenschaftler um Dirk Görlich und Henning Urlaub am MPI-BPC nun herausgefunden haben, ist dieser Sicherheitscheck an der Kernpore weniger zuverlässig als bisher gedacht. Die Forscher konnten zeigen, dass sich immer wieder auch Proteine aus dem Zellplasma in den Zellkern verirren. Dort bleiben sie allerdings nicht lange unentdeckt. Ein Shuttle-Protein namens CRM1 erkennt, welches Protein dort nicht hingehört und lotst dieses auf direktem Weg wieder aus dem Zellkern heraus. (*eLIFE*, 16. Februar 2016)

In Zellen von Pilzen, Pflanzen und Tieren herrscht strikte Arbeitsteilung: Sie sind in verschiedene Bereiche – sogenannte Kompartimente – gegliedert, die spezielle Aufgaben übernehmen. Wie in einer Miniaturfabrik gibt es Verpackungs- und Sortierstationen, Kraftwerke und eine Kommandozentrale in Form des Zellkerns. Dieser ist gleichzeitig der Speicher für das Erbgut, das die Baupläne für die Produktion von Proteinen enthält. Die Proteinfabriken allerdings, die nach diesen Anleitungen arbeiten, befinden sich außerhalb des Kerns im Zellplasma. So müssen nicht nur Baupläne aus dem Zellkern

exportiert, sondern auch fertige, im Zellkern benötigte Proteine importiert werden.

Um diese logistische Herausforderung zu meistern, muss die Zelle einigen Aufwand betreiben. Die Kernporen in den Hüllmembranen des Zellkerns fungieren dabei als hochselektive Sortieranlagen, die nur kleine Moleküle direkt passieren lassen. Größeres „Frachtgut“ benötigt einen molekularen Passierschein und ist auf seinem Weg durch die Kernpore auf Shuttles (sogenannte Exportine und Importine) angewiesen.

Doch die Sicherheitskontrolle an der Kernpore funktioniert nicht per-

fekt – und das mit weitreichenderen Folgen als bisher gedacht. Dies zeigen neue aufwendige Proteomik-Experimente der Teams um Dirk Görlich und Henning Urlaub am MPI-BPC. In einem ersten Schritt ermittelten die Forscher für 5 000 verschiedene Proteine am Modell des Krallenfrosches, in welcher Menge sie jeweils im Zellplasma und im Zellkern vorhanden waren. „Wir haben bei dieser ‚Inventur‘ wichtige Aufschlüsse darüber erhalten, welche Proteine wo ihre Arbeit verrichten“, berichtet Samir Karaca, Mitarbeiter in Dirk Görlichs Abteilung *Zelluläre Logistik* und Henning Urlaubs Forschungsgruppe *Massenspektrometrie*. Im nächsten Schritt ermittelten die Wissenschaftler, welche Arten von Proteinen vom Exportin CRM1 transportiert werden. „Unsere Ergebnisse zeigen, dass CRM1 als Transporter beeindruckend vielseitig ist. In Zellen vom Krallenfrosch und vom Menschen erkennt CRM1 bis zu 1 000 verschiedene Frachtmoleküle, die es aktiv aus dem Zellkern hinausschafft. Bei Hefezellen sind es rund 700“, ergänzt Karacas Kollege Koray Kirli.

„Überraschenderweise sind die Mehrheit der Frachtmoleküle Pro-

teine, die ausschließlich im Zellplasma vorkommen, im Zellkern aber bisher nicht gefunden wurden“, so Samir Karaca weiter. Dass solche Proteine die Shuttle-Dienste von CRM1 benötigen, macht daher auf den ersten Blick keinen Sinn. „Wenn wir CRM1 jedoch in seiner Shuttle-Funktion blockieren, ergibt sich ein völlig anderes Bild: Dann sehen wir im Zellkern plötzlich auch Zellplasma-Proteine, die sich scheinbar dorthin verirren und allein – ohne CRM1 – nicht mehr herausfinden. Wir vermuten, dass CRM1 den Rücktransport verirrter Proteine so schnell und effizient bewerkstelligt, dass wir ihr extrem kurzes Intermezzo

im Zellkern mit verfügbaren Methoden gar nicht erfassen können. Offensichtlich ist CRM1 nicht nur der universellste Transporter in der Zelle. Er arbeitet auch als höchst aufmerksamer und effizienter ‚Lotse‘, der falsche Proteine im Zellkern erkennt und umgehend hinausschafft“, sagt Dirk Görlich.

„Unsere Experimente legen nahe, dass es im Zellkern häufiger Irrläufer gibt als bisher gedacht. Versehentlich in den Zellkern gelangte Proteine schnellstens zu exportieren, scheint daher ein lebenswichtiger Vorgang zu sein. Wenn sich mit der Zeit immer mehr Proteine im Zellkern anreichern, die dort nicht hingehören, könnte dies

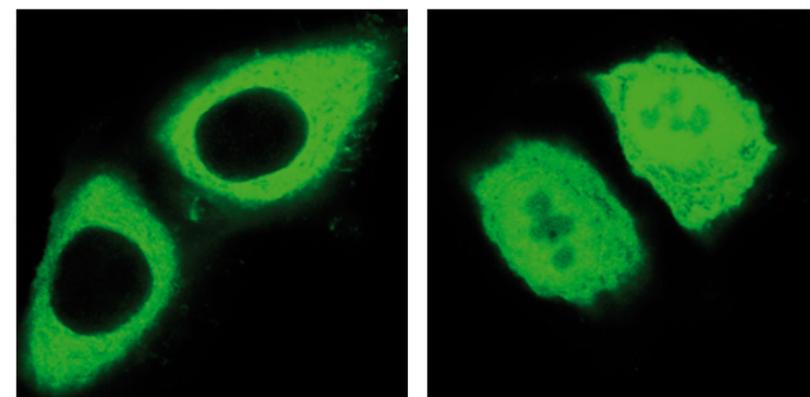
die Funktion der Kommandozentrale empfindlich stören“, so Henning Urlaub. Die Erkenntnisse der Wissenschaftler erlauben wichtige neue Einblicke, wie die Zelle mithilfe von CRM1 ihre Kompartimentierung aktiv aufrechterhält und sich so vor Schaden schützt. (cr)

## Originalveröffentlichung

**Kirli K, Karaca S, Dehne HJ, Samwer M, Pan KT, Lenz C, Urlaub H, Görlich D:** A deep proteomics perspective on CRM1-mediated nuclear export and nucleocytoplasmic partitioning. *eLife*, doi: 10.7554/eLife.11466 (2015).

## Alpakas am Institut jetzt zu zehnt

Es war ein ereignisreicher Morgen Mitte Januar für die Alpakas am MPI-BPC: Die Tierärztin Ulrike Teichmann, der Tierpfleger Rolf Rügenapf und der Technische Assistent Jens Krull standen bereit, um die vier Neuzugänge nach kurzer Anreise aus Hann. Münden zu empfangen. Die jungen Stuten Fee, Pamuk, Lotta und Agathe (von links) unternahmen unerwartet mutig die ersten Schritte in der fremden Umgebung. Vor allem aber nahmen sie sofort erste Tuchföhlung zu ihrer neuen Herde auf. Die endgültige Rangordnung ist natürlich noch auszumachen. Damit sind die friedfertigen Neuwelt-Kamele am Institut nun zu zehnt – eine gute Zahl, einerseits für die artgerechte Haltung der Herdentiere, andererseits für die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die die besonders kleinen Antikörper der Alpakas unter anderem als Marker verwenden. (ma)



Mit dem Fluoreszenzmarker GFP markiertes Pex5 in menschlichen Zellen. Pex5 ist eines der völlig unerwarteten Frachtmoleküle von CRM1. Es sorgt dafür, dass viele Enzyme, die gefährliche Peroxide und Radikale bilden, in die Peroxisomen transportiert werden. In ungestörten Zellen (linkes Bild) scheint Pex5 nur im Zellplasma vorzukommen. Es kann jedoch in den Kern wandern, wird dann aber schnell von CRM1 zurücktransportiert. Wird CRM1 durch Leptomycin B blockiert (rechtes Bild), verteilt sich Pex5 auch im Kern – vermutlich zusammen mit für das Genom gefährlichen peroxisomalen Enzymen.

## ERC Starting Grant für Max-Planck-Forscher Alexander Stein

Der Biochemiker Alexander Stein vom MPI-BPC erhält einen der mit bis zu 1,5 Millionen Euro dotierten *Starting Grants* des Europäischen Forschungsrates (ERC). Ziel des Förderprojekts ist es, vielversprechenden Nachwuchsforscherinnen und -forschern zu ermöglichen, zunehmend unabhängig ihrer Arbeit nachzugehen. Für die Auszeichnung des ERC hatten sich im letzten Jahr 2 920 junge Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler beworben, 291 Anträge waren erfolgreich. Mit dem Preisgeld wird Alexander Stein ab März seine Gruppe an unserem Institut weiter aufbauen, um den Proteintransport an Membranen in lebenden Zellen zu untersuchen.

Fehlerhafte Proteine können, wenn sie sich in der Zelle ansammeln, Krankheiten verursachen und müssen daher zuverlässig erkannt und abgebaut werden. Viele Proteine werden im endoplasmatischen Retikulum (ER), einem intrazellulären Membransystem, hergestellt und in ihre dreidimensionale Form gefaltet. In seiner Forschungsgruppe *Membranproteinbiochemie* untersucht Alexander Stein, wie falsch gefaltete Proteine über die Membran des ER ausgeschleust werden, um der Abbaumaschinerie zugeführt zu werden. Die für Qualitätskontrolle und Entsorgung zuständigen Proteinkomplexe der ER-Membran sind zwar bekannt, doch wie sie genau funktionieren, ist nach wie vor ungeklärt. Alexander Steins Forschung hat zum Ziel, am Beispiel des Modellorganismus Bäckerhefe die genauen Abläufe beim Erkennen und dem Abtransport fehlerhafter Proteine aufzudecken und zu verstehen, woher die Energie für diese Prozesse kommt.

Ein weiterer Schwerpunkt von Alexander Steins Forschung ist eine Proteinimportmaschinerie im Malaria-Erreger *Plasmodium falciparum*. „Dieser Erreger benötigt spezielle, mit Chloroplasten verwandte Zellorganellen – sogenannte Apikoplasten – zum Überleben. Deren Funktion ist wiederum abhängig von einer ganz ähnlichen Maschinerie für den Proteintransport wie wir sie im ER finden“, erklärt Alexander Stein. Anders als im ER werden Proteine jedoch in die Apikoplasten hineintransportiert. „Verschiedene Prozesse im Apikoplasten sind bereits vielversprechende Ziele für eine medikamentöse Malariatherapie. Wir hoffen, durch ein besseres Verständnis der Zellbiologie des Apikoplasten zur Weiterentwicklung dieser Therapien beitragen zu können“, so der Preisträger.

Alexander Stein studierte Biochemie an der Freien Universität in Berlin und promovierte 2008 bei Reinhard Jahn, Direktor und Leiter der Abteilung *Neurobiologie* am MPI-BPC. Dort setzte er seine Arbeit als Postdoktorand bis 2010 fort. Von 2010 bis 2014 forschte er bei Tom

Rapoport in der Abteilung *Cell Biology* an der *Harvard Medical School* in Boston (USA). Ende 2014 kehrte er an unser Institut zurück und etablierte dort, gefördert von der Max-Planck-Gesellschaft, seine eigene Forschungsgruppe *Membranproteinbiochemie*. Für seine Arbeiten wurde er 2007 mit der Otto-Hahn-Medaille der Max-Planck-Gesellschaft ausgezeichnet. (am/ma)



(Foto: ibg)

## Max Planck researcher Alexander Stein receives ERC Starting Grant

Biochemist Alexander Stein at the MPI-BPC is awarded one of the European Research Council's (ERC) Starting Grants intended to support young researchers in their independent scientific work. Alexander Stein will use his grant money to further build up his research group at our institute to study protein transport across membranes in living cells.

Misfolded proteins can cause diseases and, therefore, must be promptly recognized and degraded. Many proteins are synthesized and folded into their three-dimensional shapes in the endoplasmic reticulum (ER). In his Research Group *Membrane Protein Biochemistry*, Alexander Stein investigates how incorrectly folded proteins are exported across the ER membrane into the cytosol where they are subsequently degraded by the proteasome. While the protein complexes responsible for quality control and disposal of proteins are known, their mode

of operation is still not well understood. The scientist's work aims at obtaining a deeper insight into how damaged proteins are recognized and removed.

Another focus of his research is a protein import machinery in *Plasmodium falciparum*, the pathogen causing malaria. *Plasmodium* contains a plastid-like organelle, the apicoplast, whose function depends on a similar protein transport machinery like in the ER. Since *Plasmodium* cannot survive without functional apicoplasts, these organelles are an important drug target for treatment of malaria. (am)

Auch wenn es hier nicht so aussieht – unsere Betriebstechnik hat Köpfchen.



Bild des Monats

von Thomas Jovín



»Vielen Dank für Ihre Mühe. Ich fühle mich hier ganz toll willkommen. Sie schaffen etwas ganz Besonderes – Danke dafür.«

S.I. (Stuttgart) – Eintrag Gästebuch vom 18.6.2013

Doris Brandt von Lindau (links) und Karina Meyer planen die Belegung der Veranstaltungsräume.

## Gäste und Events in besten Händen

Für viele neue Mitarbeiter und Gäste ist es der erste Eindruck vom Institut: An der Pforte und in der Gästetage werden sie herzlich begrüßt. Anders als an vielen anderen Max-Planck-Instituten finden sie am MPI-BPC direkt vor Ort eine komfortable Unterkunft – und gleich von Anfang an ein offenes Ohr bei Fragen und Problemen. Dafür sorgen die Pförtner und Kolleginnen in der Gästetage. Bei Besuchen von Menschen aus mehr als 60 Ländern und so mancher bekannter Persönlichkeit sind kulturelles Verständnis, Mitdenken, Organisations- und Improvisationstalent gefragt.

„Home away from home!“ – solche Einträge im Instituts-Gästebuch bringen auf den Punkt, was dem Team an der Pforte und in der Gästetage immer wieder aufs Neue gelingt: dass sich neue Mitarbeiter und Besucher am Institut von Beginn an zuhause fühlen. Sieben komfortable Einzel- und zwei Doppelzimmer hält das MPI-BPC für Übernachtungen bereit. „Der große Vorteil ist, dass wir am Institut alles unter einem Dach anbieten können und die Gäste die Möglichkeit haben, sich auch zwischendurch zurückzuziehen“, sagt Doris Brandt von Lindau, die seit 1998 die Gästetage leitet. „Und anders als in so manchem bekannten Hotel funktioniert bei uns auch der Internetzugang“, fügt sie schmunzelnd hinzu. Dank der ständig besetzten Pforte können Übernachtungsgäste hier rund um die Uhr einchecken.

Individueller Service wird bei Doris Brandt von Lindau und ihren Mitarbeiterinnen Heike Koch, Karina Meyer, Christel Schröder und Agnes Wüstefeld großgeschrieben: Vorlieben werden beachtet, Wünsche flexibel erfüllt, auf kulturelle Unterschiede selbstverständlich Rücksicht genommen. „Zum Beispiel meiden wir bei der Frühstückszubereitung Schweinefleisch, wenn wir den religiösen Hintergrund des Gastes kennen“, erzählt Rita Marschall, die zum Jahreswechsel in den Ruhestand gegangen ist. Das Frühstück, das die Gästetage für den Start in den Tag bereithält, ist längst legendär. Im Gästebuch reiht sich dafür denn auch ein Lob an das andere. Und noch eine Anerkennung findet man dort immer wieder: dass das Team den Gästen mit einem offenen Ohr immer hilfebereit und freundlich zur Seite steht, sei es mit wertvollen Tipps für den Alltag, einem Ausflugsvorschlag, einer Idee für das Abendprogramm oder praktischer Unterstützung beim Weg durch den „Dschungel“ der deutschen Bürokratie.

Stehen Veranstaltungen und Institutsbesuche in größerem Rahmen an, steigt das Arbeitspensum noch einmal. So waren beim letztjährigen viertägigen Fachbeiratsbesuch die Kolleginnen der Gästetage nicht nur bereits früh morgens auf den Beinen, sondern gehörten auch abends zu den letzten vor Ort, um für den nächsten Tag alles Nötige vorzubereiten. Obwohl durch Krankheitsfälle nur zu zweit statt zu viert, sorgten Doris Brandt von Lindau und Agnes Wüstefeld „hinter den Kulissen“ dafür, dass es den Fach-

beiratsmitgliedern am MPI-BPC an nichts fehlte – bis hin zu Regenschirmen, die sie den Gutachtern für ihren Gang über das Institutsgelände zu den Laboren aufmerksam bereitstellten. Nicht selten sind es solche häufig übersehenen Details, die zum Erfolg einer Veranstaltung beitragen.

Dabei wird stets eng mit den Kollegen der Kantine, der Pforte, der Haustechnik und der Verwaltung zusammengearbeitet. „Besonders gern erinnere ich mich an den Tag der offenen Tür 2011 – da war wirklich das ganze Institut auf den Beinen, von den tausenden Besuchern ganz zu schweigen“, erzählt Rita Marschall. Auch so manchen Politiker-Besuch hat die Gästetage begleitet. Die Bundespräsidenten

Johannes Rau und Horst Köhler waren am Institut ebenso zu Gast wie Außenminister Frank-Walter Steinmeier oder Anfang 2015 das gesamte Niedersächsische Kabinett. Gern erinnert sich Karina Meyer auch an den 8. Oktober 2014, als Stefan Hell als Chemie-Nobelpreisträger verkündet wurde. In Windeseile hatte die Gästetage damals Sekt besorgt, sodass der frisch gekürte Nobelpreisträger nach der Pressekonferenz mit den Gratulanten im Instituts-Foyer anstoßen konnte. „Es war schon etwas Besonderes, diesen Moment der großen Freude mitzuerleben“, erinnert sich Karina Meyer. Ein Glück, dass das Team der Gästetage für alle Eventualitäten und Anforderungen gewappnet ist. (cr)

Agnes Wüstefeld bei den Vorbereitungen für die Welcome Back-Party zu Ehren von Nobelpreisträger Stefan Hell.



Agnes Wüstefeld bei den Vorbereitungen für die Welcome Back-Party zu Ehren von Nobelpreisträger Stefan Hell.



Ein herzliches Willkommen und erste Orientierungshilfe geben die Pförtner, hier Thomas Hanke (links).



## Guests and events in best hands

Being cordially welcomed – this is the first impression newcomers and visitors have when they arrive at the institute’s gate or guesthouse. Differently from many other Max Planck Institutes, guests at the MPI-BPC find comfortable accommodation on site, as well as help and advice with all kinds of issues whenever needed. Nonetheless, hosting people from over 60 different countries, including some famous guests, requires not only intercultural understanding and active collaboration, but also a talent for organization and improvisation.



The team of the guesthouse: Karina Meyer, Agnes Wüstefeld, Rita Marshall, Doris Brandt von Lindau, and Christel Schröder (from left).

“Home away from home!” – such comments in the guestbook nicely illustrate the success of the team at the gate and of the guesthouse in making new employees and other guests feel at home from the moment they arrive. Checking in, one can choose between seven comfortable single- and two double-rooms for overnight stays. „We are lucky that we have everything under one roof, thus also allowing visitors to take a break during the day,” says Doris Brandt von Lindau who heads the guesthouse since 1998. „And in contrast to many hotels our internet access works fine,” she adds, smiling. Thanks to a 24-hour reception at the gate, visitors can check in round the clock.

For Doris Brandt von Lindau and her colleagues Heike Koch, Karina Meyer, Christel Schröder, and Agnes Wüstefeld it is most important to take care of the needs of every single guest by taking into account personal preferences, adapting flexibly to wishes, and respecting

cultural differences. “For example, we do not serve pork for breakfast when we know that the guest’s religious background demands its abstinence,” explains Rita Marschall, who retired end of 2015. Another example is the ample breakfast which allows everyone a good start of the day: A look into the guestbook confirms that it has long since achieved legendary reputation. Moreover, many comments also praise the team’s willingness to share advice and offer support: The women are happy to give tips on everyday life’s issues, to indicate local sights worth a visit or destinations for the evening, or they help finding a way through the “jungle” of German bureaucracy.

With large-scale events and visits on the horizon, the guesthouse team’s workload increases once more. For instance, when the Scientific Advisory Board (SAB) visited the institute end of last year, the team started work early in the morning and were the last ones to leave in the evening, making sure everything was ready for the next day.

Although their team was reduced from four members to two due to illness, Doris Brandt von Lindau and Agnes Wüstefeld took diligent care that the SAB members were provided with everything they needed – including umbrellas when rain made trips to the different labs at the institute an unpleasant venture. After all, minding details like this contributes to the success of such an event.

To this end, a close collaboration with the teams of the entrance, the building services, and the administration is always crucial. “I particularly liked the open house day 2011, when the entire institute was on their feet all day, let alone the thousands of visitors we had,” Rita Marschall remembers. The team also accompanied numerous visits of high-ranking politicians: Be it the Federal

Presidents Johannes Rau and Horst Köhler, Foreign Minister Frank-Walter Steinmeier or, in 2015, the entire Cabinet of Lower Saxony – whoever came to the institute, the guesthouse team was on the spot. Karina Meyer recalls another memorable day: On October 8<sup>th</sup>, 2014, Stefan Hell was announced as winner of the Nobel Prize for Chemistry. In a flash, the guesthouse team organized champagne so that, right after the press conference, the congratulators could drink a toast to the Laureate. “I am happy to have witnessed this very special moment of great joy,” Karina Meyer says. It goes without saying that the institute is likewise lucky to have a guesthouse team which is so well equipped for whatever challenge and eventuality might arise. (ma/cr)



A look into the guest book.

Thank you so much for a lovely stay! You have made my work so much easier and comfortable!

Juan H.B. (Spain)  
7 - April - 09

## Neues Gesicht in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Seit Mitte Februar verstärkte ich, Anne Morbach, das Team der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit. Mit dieser Stelle ist für mich der Traum in Erfüllung gegangen, meine Leidenschaft für Wissenschaftskommunikation zum Beruf zu machen. Während meiner Doktorarbeit am MPI für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden (Labor von Eli Knust) habe ich die herausragende Forschung und freundliche Atmosphäre eines MPI zu schätzen gelernt. Zuvor hatte ich in Halle/Saale Biologie studiert, anschließend fertigte ich meine Diplomarbeit am *Institute of Cancer Research* in London an.

Neben meiner Laborarbeit nahm ich jede Gelegenheit wahr, Forschung einer breiten Öffentlichkeit nahezubringen. Außer vielen Vorträgen für Schüler und Senioren war ein Höhepunkt die *Murder Mystery Show* für die Dresdner *Lange Nacht der Wissenschaft*, bei der ich gemeinsam mit einer Kollegin – verkleidet als Sherlock Holmes und Dr. Watson – einen inszenierten Mordfall per DNA-Fingerprinting live auf der Bühne löste. Außerdem schreibe ich einen für jeden verständlichen Wissenschaftsblog namens *schlaugemacht*. Es macht mir große Freude, komplexe Zusammenhänge anschaulich darzustellen. Auf die vielfältigen Aufgaben am MPI-BPC bin ich sehr gespannt! (am)

## A new face at the public relations office

Since the middle of February I, Anne Morbach, have been part of the public relations office. Getting this job made my dream of being a professional science communicator come true. During my Ph.D. at the MPI of Molecular Cell Biology and Genetics in Dresden (lab of Eli Knust) I very much appreciated the cutting-edge research and friendly atmosphere there. Before that, I studied biology in Halle/Saale, followed by my Diploma thesis at the Institute of Cancer Research in London.

Besides my scientific work I seized every opportunity to explain research findings and methods to a broader audience. Apart from lectures for senior citizens and high school students, one of the highlights was the *Murder Mystery Show*, where a colleague and I – dressed up as Sherlock Holmes and Dr. Watson – solved a staged murder live in front of an audience via DNA fingerprinting. I also regularly write for my science blog *schlaugemacht* (in German), which is aimed at the broad public.

One of my favorite aspects of science communication is to explain complex facts in an easily understandable way. I am very excited about the versatile tasks I will fulfill at the MPI-BPC! (am)



(Picture: A. Griesch, Max Planck Society)

## Careersteps – an event for postdocs seeking job opportunities in academia and industry

On April 25<sup>th</sup>, 2016, a one-day event for postdoctoral researchers at Göttingen Campus and German Max Planck Institutes will take place at the MPI-BPC. This event focuses on supporting young scientists in planning their next career steps. It will be jointly organized by the *Göttingen Graduate School for Neurosciences, Biophysics and Molecular Biosciences* (GGNB), the Max Planck Society (MPS), and our institute.

In the German academic system, many talented and internationally trained young researchers are doing great work in research and teaching. Most of them, however, will continue their career outside of academia. This creates a great need for exchange about career options, more flexibility regarding the change between different job sectors, and support in career transitions. To this end, measures to train and counsel postdoctoral researchers are being established. Assisting young scientists in structuring their career paths has become a priority for German universities and research institutions as well as German politicians.

The MPS and Göttingen Campus aim at initiating and fostering measures to enable postdoctoral researchers to actively plan and develop their careers. Therefore, they have created a joint one-day event to provide orientation about career opportunities and supporting measures.

Participants can select from different workshops and learn about career services at Göttingen Campus and within the MPS. Furthermore, by attending an interview with Max Planck Vice President Bill S. Hansson, young researchers can gain insight into career issues. The event will be opened by Ulf Diederichsen, Vice President of the University of Göttingen, and Reinhard Jahn, Director at the MPI-BPC and Chair of the presidential committee *Junior Scientists in the Max Planck Society*.

Registration will start end of February 2016. Please note that slots for participation in the workshops are limited.

More information and registration can be found at [www.mpg.de/career/careersteps](http://www.mpg.de/career/careersteps) (am)



(Foto: ch)

## Mit einem charmanten Lächeln – MPI-BPC beim GöBit

Bereits im Eingangsbereich der berufsbildenden Schulen II (BBS II) wurde man von zwei aufgeschlossenen Azubis des MPI-BPC in Empfang genommen, die eifrig Flyer verteilen. In Windeseile war der Großteil der Flyer vergriffen. Kein Wunder – zwischen 3500 und 4000 Besucher zählte der Göttinger Berufsberatungstag (GöBit), der in diesem Jahr bereits zum 15. Mal stattfand. Am Stand des MPI-BPC tummelten sich viele Interessierte, vor allem die Ausbildungsberufe Tierpfleger, Kaufmann für Büromanagement und auch Feinwerkmechaniker waren gefragt. Ausbilder aus vielen Abteilungen, die unser Institut souverän vertraten, ließen

sich geduldig Löcher in den Bauch fragen. „Viele waren überrascht, wie vielfältig unsere Ausbildungen sind“, sagt Christian Klaba, Ausbilder in der Feinwerkmechanik. „Die vielen netten Gespräche mit Interessierten ließen den Tag in Windeseile vorübergehen!“, ergänzt Carina Blank aus der Verwaltung. Mit neun verschiedenen erlernbaren Berufen ist das MPI-BPC in der Tat ein attraktiver Ausbildungsbetrieb: Man kann den Beruf als Kaufmann/-mann für Büromanagement, den Beruf des Fachinformatikers oder Tierpflegers sowie sechs verschiedene Handwerksberufe erlernen. (am)

## GWGDG Info

Die GWGDG stellt ihren Benutzern einen **XMPP-Dienst** für das *Instanting Messaging* beziehungsweise *Chatten* zur Verfügung. XMPP (früher generell als *Jabber* bekannt) ist ein offener Standard eines Kommunikationsprotokolls. Zwei oder mehrere Benutzer können sich damit in Echtzeit über Textnachrichten austauschen. Der Benutzer hat durch die Vielfalt der Clients auch die Option einer Ende-zu-Ende-Verschlüsselung. Der XMPP-Server ist über LDAP an die zentrale Benutzerverwaltung der GWGDG angebunden; dadurch ist eine Nutzung für alle Benutzer der GWGDG möglich.

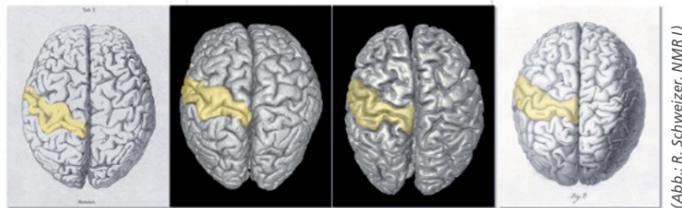
Die GWGDG betreibt seit 2006 ein **Identity-Management-System** (IdM-System) zur Verwaltung von Accounts, Ressourcen und Berechtigungen sowie zur Automatisierung von Prozessen. Für die dezentrale Administration wurde ein IdM-Portal entwickelt. Um eine automatisierte Verwaltung zu ermöglichen, wurde das IdM-Portal um eine Programmierschnittstelle (API) erweitert. Die API enthält nahezu alle

Funktionen der Webapplikation, bietet jedoch eine bessere Suchmöglichkeit durch Angabe eines komplexen Suchfilters. Da es sich bei dem IdM-System allgemein um eine sicherheitskritische Anwendung handelt, wurde bei der API großer Wert auf eine sehr sichere Authentifizierung gelegt.

Die mehr als 20 Jahre alte Programmiersprache *JavaScript* breitet sich in immer mehr Bereiche jenseits von *Firefox*, *Chrome*, *Safari* und *Internet Explorer* aus. Aber auch am eigentlichen Einsatzort, dem Browser, haben wir dieser Sprache viel zu verdanken. Zusammen mit HTML5 hat JavaScript beziehungsweise der Standard *ECMAScript* es geschafft, dass wir heute auf Browser-Plugins wie *Flash*, *Silverlight* oder *JavaApplets* größtenteils verzichten können.

Weitere Informationen finden Sie in den GWGDG-Nachrichten 1-2/2016. Alle Ausgaben der GWGDG-Nachrichten finden Sie im WWW unter dem URL [www.gwdg.de/gwdg-nr](http://www.gwdg.de/gwdg-nr).

Thomas Otto



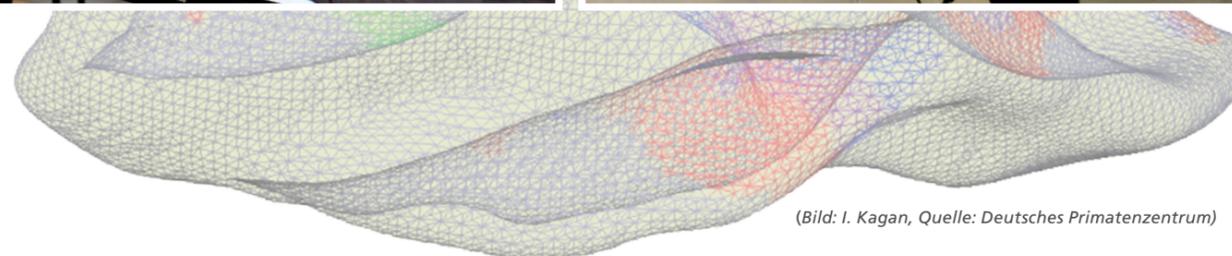
(Abb.: R. Schweizer, NMR I)

## Einblicke ins Gehirn ...

... bietet die aktuelle Ausstellung des Deutschen Primatenzentrums (DPZ) in Göttingen noch bis zum 31. Mai 2016. Interessierte können sie wochentags von 9 bis 16 Uhr ohne Voranmeldung besuchen. Viele der Exponate, die die Strukturen des Gehirns in beeindruckender Anschaulichkeit und Vielfalt zeigen, stammen von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern, die bereits am namensgebenden Bildband *Portraits of the Mind – Visualizing the Brain from Antiquity to the 21<sup>st</sup> Century* von Carl Schoonover mitgewirkt haben. Andere wurden von Abteilungen des Primatenzentrums und von der *Biomedizinischen NMR Forschungs GmbH* am MPI-BPC beigesteuert. Geboten werden jedoch nicht nur farbenprächtige Bilder: Besucherinnen und Besucher haben außerdem die Möglichkeit, an interaktiven Panels spielerisch ihr Wissen zu testen und zu erweitern.



Eröffnung der Ausstellung am 5. Februar 2016. (Fotos: K. Tilch, Quelle: Deutsches Primatenzentrum)



(Bild: I. Kagan, Quelle: Deutsches Primatenzentrum)

**P**ortraits of the Mind, das sind höchst anspruchsvolle Darstellungen von Strukturen des Gehirns auf Mikro- und Makroebene, die sichtbar machen, was dem Auge sonst verborgen bliebe. Was die Besucher vor allem in ästhetischer Hinsicht überzeugt, ist von unschätzbarem Wert für die Wissenschaft. Seit Jahrhunderten bemüht sie sich um die Entschlüsselung der Funktionsweise des Gehirns, doch erst modernste Technologie machte verlässliche Erkenntnisse möglich. Lange hatte man nur rein anatomische Methoden zur Hand: Man vermaß, wog und zerlegte das Gehirn und bestimmte so seinen Aufbau. Über seine Funktionen ließ sich nur wenig herausfinden. Ansätze wie die Phrenologie im 19. Jahrhundert führten in die Irre, denn welche Areale für Charakter und Befinden verantwortlich sind, lässt sich kaum durch bloßes Ansehen ermitteln.

Die Entwicklung von damals bis heute zeichnet die Ausstellung nach, indem sie anatomische Zeichnungen vergangener Zeiten neben moderne Visualisierungen stellt. Heute können Forscher das Gehirn von der Mikro- bis zur Makroebene im Detail untersuchen. Die Techniken sind ausgesprochen genau und auf individuelle Fragestellungen zuge-

schnitten. Die methodische Vielfalt prägt die Exponate der Ausstellung durchweg. Unter den Verfahren ist zum Beispiel die funktionelle Magnetresonanztomografie (fMRT). Mit ihr können unter anderem Bereiche farblich dargestellt werden, in denen viel Sauerstoff verbraucht, also Stoffwechsel betrieben wird. Die Diffusionstensor-MRT zeigt, wo Faserbahnen im Gehirn verlaufen und schützt so vor Schädigung bei Operationen. Solche Bilder hat Sabine Hofer von der *Biomedizinischen NMR Forschungs GmbH* beigesteuert. Ihre Kollegin Renate Schweizer hat die MRT im Jahr 2013 genutzt, um die Vertauschung der Gehirne von Carl Friedrich Gauß und Conrad Heinrich Fuchs zu rekonstruieren. Ihre Illustrationen hängen ebenfalls in der Ausstellung. Oberflächen stellt die Elektronenmikroskopie dar, nur sehr viel detaillierter: Elektronen werden auf extrem dünn geschnittenes Gewebe gefeuert, reflektiert und detektiert. So werden Axone und Synapsen sichtbar, oder die Nervenzelle aus dem Hippocampus einer Maus von Jürgen Berger vom MPI für Entwicklungsbiologie in Tübingen. In der Fluoreszenzmikroskopie leuchten markierte Nervenzellen in mehreren Farben und liefern beeindruckend

kunstvolle Bilder. Mit der elektrischen Mikrostimulation schließlich gehen Forscher Fragen nach Reiz und Reaktion nach: Thalamus und Kortex werden so aktiviert und farblich unterschieden. Nicht Stimulation, sondern Simulation steckt hinter dem *Blue-Brain*-Projekt. Es vereint Daten aus Elektrophysiologie, Anatomie und Genetik zu einer anschaulichen Computersimulation der Membranspannung einzelner Zellen.

Zur Ausstellung gehören nicht zuletzt mehrere interaktive Stationen. Hier können die Besucherinnen und Besucher Videos zu Forschungsthemen ansehen, ihre Fähigkeit zur Gesichtserkennung mithilfe von Brad Pitt und Matthew McConaughey auf die Probe stellen, bereits vorhandenes Wissen über das Gehirn in einem Quiz auffrischen oder den Vergleich mit Affen in einem kleinen Touchscreen-Experiment wagen, der allerdings nur den Tieren bei Erfolg zu einer süßen Belohnung verhilft. So bietet die DPZ-Ausstellung einen wohl durchdachten und überraschend ästhetischen Querschnitt durch die aktuelle neurowissenschaftliche Forschung und ist einen Besuch unter der Woche allemal wert. (ma)

### Informationen zur Ausstellung *Portraits of the Mind – Einblicke ins Gehirn*

Deutsches Primatenzentrum,  
Kellnerweg 4, 37077 Göttingen,  
vom 8. Februar bis 31. Mai 2016  
Montag bis Donnerstag: 9-16 Uhr, Freitag: 9-15 Uhr

Gruppen ab zehn Personen können eine Führung mit Schwerpunkt auf der neurowissenschaftlichen Forschung am DPZ buchen.

Kontakt: Heike Klensang ([klensang@dpz.eu](mailto:klensang@dpz.eu)).

Buchtipps: *Portraits of the Mind – Visualizing the Brain from Antiquity to the 21<sup>st</sup> Century*, von Carl Schoonover, erschienen bei Abrams 2010; weitere Informationen auf der Webseite des Autors: [www.carlschoonover.com](http://www.carlschoonover.com)

## IMPRESSUM

### Redaktionsleitung

Carmen Rotte (cr), Tel. 1304

### Redaktion

Miriam Afting (ma), Tel. 1646

Frederik Köpper (fk), Tel. 1310

Anne Morbach (am), Tel. 1308

Carmen Rotte

### Layout

Claus-Peter Adam, Tel. 1474

Christine Hemme, Tel. 1095

### Fotos

Irene Böttcher-Gajewski (ibg), Tel. 1135

Peter Goldmann (pg), Tel. 1423

Christine Hemme (ch), Tel. 1095

### 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](http://www.mpibpc.mpg.de)