

Inhalt

TITELTHEMA

Wenn Moleküle fliegen lernen	2
Aufbau und Funktion eines Massenspektrometers	3
Experten entwickeln Hashtags für Massenspektren	4
Koffein in Codes und Bildern	5

NEWTICKER FORSCHUNG

Forschungsergebnisse

Phänotyp auf Knopfdruck	6
Von der Pflanze in den Mikroreaktor	7

Konferenzen

2. IPB-Symposium	7
Cantors Erben tagen in Halle	8
52. Naturstofftreffen	8

Personalien

Kubanischer Gastprofessor	8
Wissenschaftler aus Kairo am IPB	8
Erster Juniorprofessor will neue Enzyme entdecken	9
Neue Doktorandensprecher	9

VERSCHIEDENES

Besuche und Besichtigungen

Grenobles Bürgermeister am IPB	10
Arab-German Young Academy	10
Staatssekretär und Minister	10

Berufsausbildung

Sechs neue Auszubildende	10
--------------------------------	----

Gleichstellung

IPB gewinnt erneut Zertifikat	10
-------------------------------------	----

Events

Lange Nacht der Wissenschaft	11
------------------------------------	----

ZUALLERLETZT

Wissenschaft erleben	12
Impressum	12

■ Editorial

Liebe Leserinnen und Leser!



Mit drei Nature-Publikationen innerhalb kurzer Zeit hat uns das Jahr einen goldenen Herbst gebracht. Nachwuchsgruppenleiter Nico Dissmeyer machte den Anfang mit seiner Temperaturshiftmethode, die es erlaubt, gewünschte Proteine in

Organismen zur gewünschten Zeit, gewissermaßen auf Knopfdruck anzureichern oder abzubauen (Nature Communications). Die Technologie ist universell einsetzbar; sie funktioniert nicht nur in verschiedenen Pflanzenarten sondern auch in lebenden Insekten, tierischen Zellkulturen und in Hefe.

Den Sprung aus der Pflanze in die Hefezellen wagten auch Alain Tissier und Ulschan Scheler. Mit der Aufklärung des Biosynthesewegs von Carnosinsäure in Rosmarin haben sie nicht nur neue Zwischenprodukte und Enzyme entdeckt; es ist ihnen auch gelungen, die entsprechenden Biosynthesegene erfolgreich in Hefezellen zu schleusen und diese zur Produktion von Carnosinsäure zu bewegen (Nature Communications). Ein erster Schritt für die Entwicklung biotechnologischer Herstellungsverfahren des wirtschaftlich interessanten Antioxidationsmittels ist damit getan.

Und ganz weg vom Lebenden, in die Welt der Codes und Zahlen entführte uns Steffen Neumann mit seiner Publikation in Nature Biotechnology. Als Mitglied eines internationalen Expertengremiums hat er bei der Entwicklung eines Codes mitgewirkt, der es ermöglicht, dem historischen gewachsenen Wildwuchs an Massenspektrometriedaten Einheit zu gebieten. Der SPectral-Hash-Code ermöglicht eine einheitliche Darstellung von Massenspektren, die weltweit in Datenbanken gespeichert sind. Da die Massenspektrometrie am Institut eine lange Tradition hat, wurde dieses Ereignis zum Titelthema aufgerundet - wobei die Entscheidung hier sehr schwer gefallen ist.

Neben der Wissenschaft gibt es natürlich auch anderes Erfreuliches - allem voran unser erneuter Prädikatsgewinn im Total Equality - aber lesen und staunen sie selbst! Auch im nächsten Jahr wird es wieder aufregend - ein Audit durch den wissenschaftlichen Beirat steht an. Deshalb gilt es zwischen den Jahren aufzutanken. Ich wünsche allen ein besinnliches, strahlendes Weihnachtsfest und einen guten Start ins neue Jahr!

Ihre Sylvia Pieplow

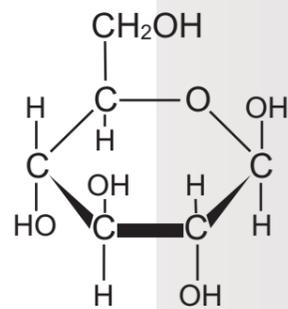
Wenn Moleküle fliegen lernen

Das IPB ist ein Hort der Massenspektrometrie (MS). Bereits 1969 besaß das Institut eines der begehrten und in der DDR nur in vier Exemplaren hergestellten Elektronen-anlagerungsmassenspektrographen von Manfred von Ardenne. Mit dem Gerät, das bis 1991 ununterbrochen in Betrieb war, erstellten die MS-Experten des Instituts etwa 22.000 Massenspektren für eigene Forschungsprojekte und für die umliegenden Institute auf dem Weinberg-Campus. Heute werden am IPB mit modernen Massenspektrometern etwa 10.000 Proben im Jahr analysiert.

Die Massenspektrometrie ist ein hochsensitives Analyseverfahren, mit dem es möglich ist, geringste Substanzmengen - auch in Stoffgemischen - nachzuweisen. Die Technologie ist so leistungsfähig, dass man mit ihr ein Stück Würfelzucker in einem Schwimmbecken detektieren kann. Nachgewiesen wird in diesem Fall die relative Masse des Moleküls Glucose. Die im Massenspektrum detektierte Massenzahl erlaubt Rückschlüsse auf das Molekulargewicht von Glucose und die Elementzusammensetzung des Moleküls. Molekulargewicht und Zusammensetzung der Elemente sind typische Eigenschaften einer chemischen Verbindung.

Die relative Molekülmasse...

... ergibt sich aus den Summen der atomaren Massen im Molekül. Glucose besteht aus 6 Kohlenstoffatomen, 12 Wasserstoffatomen und 6 Sauerstoffatomen (Summenformel: $C_6H_{12}O_6$). Kohlenstoff hat die atomare Masse=12, Wasserstoff=1 und Sauerstoff=16. Das macht in der Summe $6 \times 12 + 12 \times 1 + 6 \times 16$ eine Molekülmasse von 180. Da jede chemische Verbindung aus einer für sie typischen Anzahl an verschiedenen Atomen besteht, ist ihre Masse als Summe der Atommassen eine unveränderliche und damit spezifische Größe für ein Molekül dieser chemischen Verbindung. Würde das Massenspektrometer die Masse 194 detektieren - käme der MS-Experte, unter Zuhilfenahme des entsprechenden



Spektrums, zu dem Schluss, dass sich in der Probe Koffein (Summenformel: $C_8H_{10}N_4O_2$) befindet - denn dieses Molekül besteht aus 8 Kohlenstoff-, 10 Wasserstoff-, 4 Stickstoff und 2 Sauerstoffatomen, deren atomare Massen in der Summe 194 ergeben.

Wie funktioniert ein MS?

Das Grundprinzip des Massenspektrometers basiert auf einer Ionisierung von Molekülen. Die Moleküle in der zu analysierenden Probe werden dafür in die Gasphase überführt und ionisiert, sodass sie als positiv oder negativ geladene Molekül-Ionen vorliegen. Anschließend erfolgt in einem Massenanalysator im Hochvakuum die Trennung der Ionen nach ihrem Masse-Ladungsverhältnis (m/z -Wert). Dies kann z.B. durch eine unterschiedlich starke Ablenkung der Ionen in einem starken Magnetfeld geschehen (magnetische Sektorfeldgeräte) oder in einem Flugzeitmassenspektrometer, bei dem die Auftrennung der Ionen nach ihrer massenabhängigen Geschwindigkeit durch das Vakuum erfolgt. Kleinere bzw. leichtere Ionen fliegen schneller durch das Vakuum als größere und schwerere. Die ankommenden Ionen werden dann an einem Detektor, z.B. ein Photomultiplier oder Sekundärelektronenvervielfacher, in ein elektrisches Signal umgewandelt. Im generierten Massenspektrum werden die aufgetrennten Ionen entsprechend ihrem Masse-Ladungsverhältnis als einzelne Peaks dargestellt. Die Lage der Peaks im Spektrum erlaubt Aussagen zum Molekulargewicht und letztendlich zur Identität der analysierten Verbindung, während die Höhe der Peaks (Intensität) mit der Häufigkeit eines Moleküls korreliert. Die Interpretation eines Massenspektrums erfordert viel Expertenwissen und Erfahrung.

Strukturaufklärung von unbekannten Substanzen

Die Spektren für bereits bekannte Substanzen werden als Referenzspektren in Datenbanken abgelegt, auf die man bei Bedarf für den Vergleich mit den eigenen Messergebnissen zugreifen kann. Darüber hinaus wird die Massenspektrometrie zur Aufklärung der Struktur von noch unbekanntem Substanzen genutzt. Die durch den Ionisierungsprozess gebildeten Molekül-Ionen können so angeregt werden, dass sie zerfallen, und zwar immer auf dem energetisch günstigsten Weg in ganz bestimmte Fragmente. Jedes Substanzmolekül generiert demnach nicht nur seinen eigenen typischen Massenpeak, sondern zusätzlich ebenso spezifische Fragmentpeaks. Es entsteht ein für die Substanz typisches Zerfallsspektrum, mit dem man auch Substanzen gleicher Molekülmassen unterscheiden kann.

Art und Anzahl der entstehenden Fragmente sind demnach ein weiteres Spezifikum für ein Molekül. Im Idealfall kann man durch das Zusammenpuzzeln der Einzelfragmente die Struktur von noch unbekanntem Substanzen ermitteln, wie ein Archäologe einen Krug aus seinen Scherben rekonstruiert.

AUFBAU UND FUNKTION EINES MASSENSPEKTROMETERS

1. Ionenerzeugung

Die zu analysierenden Stoffe werden zunächst in die Gasphase überführt. Da ein Massenspektrometer nur geladene Teilchen detektieren kann, müssen die neutralen Gasmoleküle ionisiert werden. Dies wird durch verschiedene Verfahren realisiert.

2. Ionentrennung

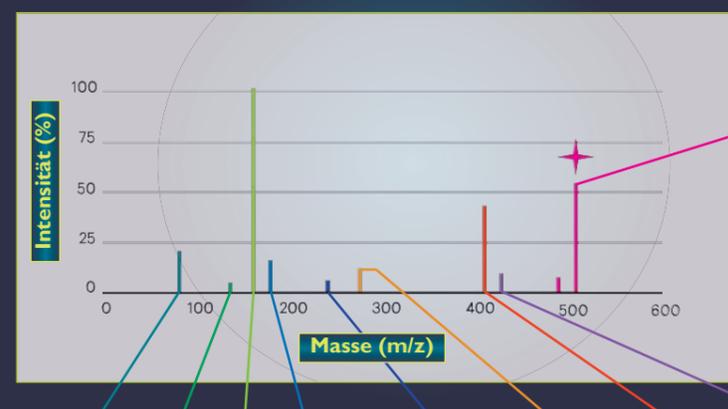
Im Massenanalysator werden die Ionen in einem Hochvakuum beschleunigt und nach Masse und Ladung voneinander getrennt.

3. Ionennachweis

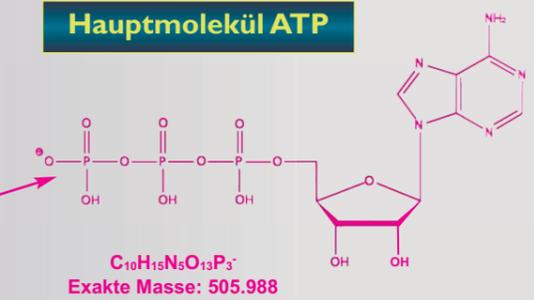
Im Detektor lösen die einzeln ankommenden Ionen ein Signal aus. Dieses Signal wird verstärkt und in einen Strom umgewandelt.



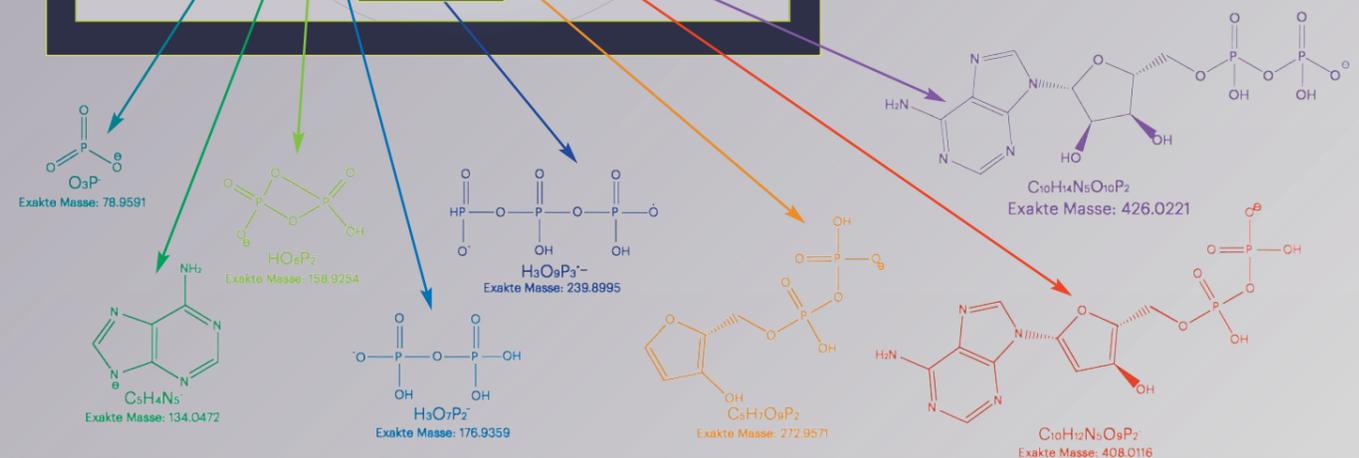
Spektrum



Hauptmolekül ATP



Typische Fragmentmoleküle von ATP



Massenspektrum von Adenosintriphosphat (ATP) - eine Verbindung, die in allen lebenden Zellen als zentraler Energiebereitsteller fungiert. Der Massepeak (in pink) zeigt die exakte Masse = 505.988 von ATP. Die ATP-Moleküle zerfallen durch die Ionisierung in typische Fragmente (andere Farben), die im Spektrum als Peaks mit jeweils kleineren Masse-Ladungsverhältnissen erscheinen.

Grafik: Sylvia Pieplow



Experten entwickeln Hashtags für Massenspektren

Datenbankexperten aus Japan, Amerika und ganz Europa haben gemeinsam einen Code entwickelt, mit dem es möglich ist, die Informationen von Massenspektren zu vereinheitlichen. Der SPECTraL-Hash oder SPLASH genannte Code soll jetzt die Suche nach Spektren im Internet erleichtern. Alle verfügbaren Informationen zu einem bestimmten Spektrum können mit diesem Spektren-Hashtag gezielt aus allen Datenbanken zusammengetragen und miteinander verglichen werden. Die Erfindung des SPLASH-Codes wurde jetzt in der Fachzeitschrift **Nature Biotechnology** veröffentlicht. Auch die Bioinformatiker des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie, allen voran **DR. STEFFEN NEUMANN**, haben als Mitglieder des SPLASH-Konsortiums die Entwicklung des Hashtags maßgeblich vorangetrieben.

Seit der Entwicklung der ersten kommerziellen Massenspektrometer in den 50-er Jahren, wurden Analysergeräte und Methoden ständig optimiert, sodass die Massenspektrometrie zu einem unentbehrlichen Werkzeug für die chemisch-biologische Grundlagenforschung, für Umwelt- und Klimaforschung, Medizin und Forensik geworden ist. Massenspektrometer gehören heute zur Grundausstattung vieler Labore.

Weltweit tragen die Experten täglich Terabytes an Massendaten zusammen. Millionen Spektren sind zurzeit in ca. 20 größeren Datenbanken gespeichert – das entspricht einer Datenmenge von mehreren Petabyte, also mehreren Millionen Gigabyte. Unter diesen Spektren sind mehrere tausend Referenzspektren von bekannten Substanzen, auf die man bei Bedarf zum Vergleich der eigenen Messergebnisse zugreifen kann. Darüber hinaus werden die Datenbanken jedoch auch mit den Spektren noch unbekannter Substanzen gespeist, die man in jüngster Zeit vermehrt aus Pflanzen, Pilzen und marinen Organismen gewinnt. Die Speicherung der Spektren erfolgt dabei immer in dem jeweils datenbankspezifischen Format, sodass z.B. bei einer unbekanntem noch namenlosen Substanz X nicht festgestellt werden kann, ob diese Substanz nicht schon an anderer Stelle beschrieben und als Spektrum gespeichert worden

ist. Ein Informationsaustausch unter Wissenschaftlern, beispielsweise über wichtige Eigenschaften der Substanz X, wird dadurch erschwert. Diesem historisch gewachsenen Wildwuchs an Massendaten will man mit dem SPLASH-Code jetzt entgegenwirken.

Die von den Wissenschaftlern des internationalen SPLASH-Konsortiums entwickelten Programme können zu jedem vorhandenen Spektrum einen Code generieren, der ebenso wie ein Hashtag funktioniert. Dadurch werden Spektren im Internet nicht nur auffindbar, man kann zudem alle verfügbaren Substanzinformationen aus verschiedenen Datenbanken zusammentragen. Spektren von noch unbekanntem Substanzen erhalten mit dem SPLASH-Code ihren ersten Namen, was die Kommunikation über diese Stoffe extrem erleichtert.

Warum die Entwicklung von Codes unerlässlich ist

In der Geschichte der Wissenschaft standen Chemiker und Biologen immer wieder vor Kommunikationsproblemen, denn gleiche Substanzen waren – je nach Entdeckungsort oder Erforschungsort – unter verschiedenen Namen bekannt. Koffein beispielsweise erhielt seinen Namen zunächst aus der Kaffeepflanze, *Coffea arabica*, aus der die Substanz erstmals isoliert wurde. Darüber hinaus ist Koffein unter einigen weiteren Namen wie 1,3,7-Trimethylxanthin, Methyltheobromin oder Thein bekannt. Die Summenformel von Koffein – $C_8H_{10}N_4O_2$ – gibt Auskunft über die Anzahl der beteiligten Kohlenstoff-, Wasserstoff-, Stickstoff- und Sauerstoffatome, sagt aber nichts über die Struktur des Koffeinmoleküls aus.

Um den aus der verschiedenen Namensgebung resultierenden Kommunikationsproblemen zu begegnen wurde 1919 die Internationale Union für reine und angewandte Chemie (*International Union of Pure and Applied Chemistry*, IUPAC) gegründet. Deren Empfehlungen für chemische

Nomenklaturen, Symbole und Terminologien werden bis heute weltweit angewandt. Demnach ist die offizielle international gültige chemische Bezeichnung von Koffein: 1,3,7-Trimethyl-3,7-dihydro-1H-purin-2,6-dion. Besonders bei der Benennung noch unbekannter Substanzen ist diese einheitliche Namensgebung zunächst hilfreich, obgleich sich immer auch zusätzliche Trivialnamen für den täglichen Umgang im Forschungsalltag etablieren.

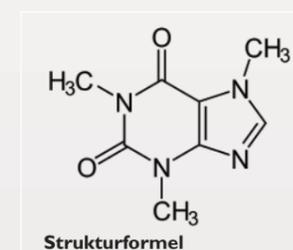
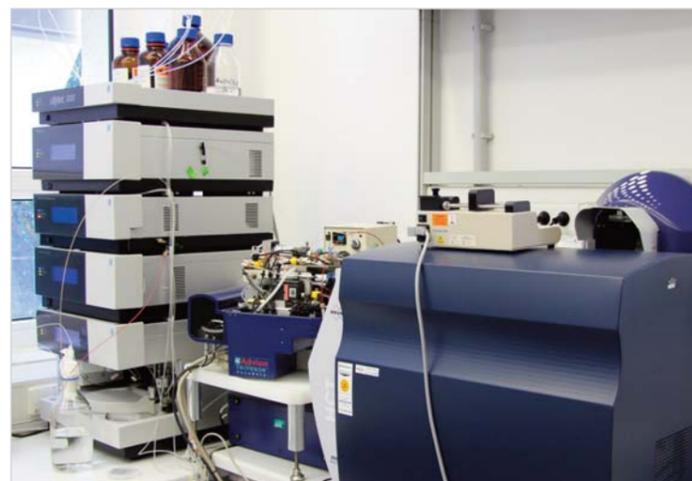
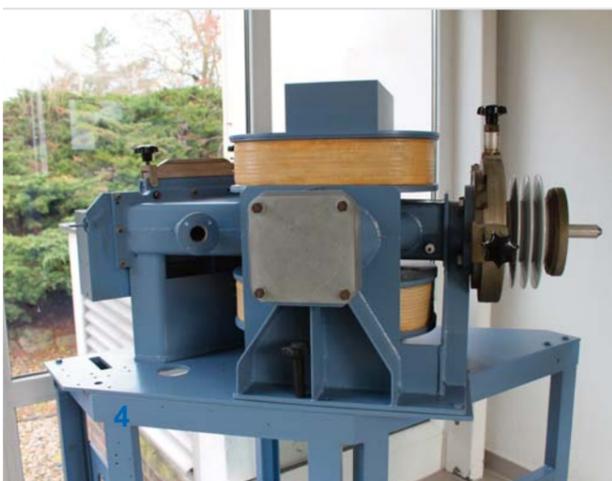
Der **IUPAC-Code** ist allgemeingültig und wird von Chemikern weltweit verstanden. Er hat aber den Nachteil, dass er besonders bei komplexen Verbindungen zu lang ist, um sich ein Bild über die räumliche Ausrichtung der Atome im Molekül zu machen. Chemiker bevorzugen daher immer die grafische Darstellung von Molekülen, die Strukturformel, da diese wichtige Informationen zum strukturellen Aufbau der Verbindung enthält. Diese grafische Darstellung wird vom Menschen gut verstanden, von Computern hingegen nur bedingt.

Um Strukturformeln mit dem Computer sichtbar und im Internet suchbar zu machen, wurden zu Beginn des 21. Jahr-

hunderts auf Initiative der IUPAC zwei verschiedene Codes entwickelt, die Strukturinformationen von chemischen Verbindungen in maschinenlesbare Zeichenketten umwandeln. Diese Codes, der **InChI-String** und vor allem der **InChI-Key** (von *International Chemical Identifier*) funktionieren wie Hashtags, mit denen die jeweilige Substanz im Internet wiederauffindbar ist. Beide Codes können für alle existierenden Verbindungen mit einer frei verfügbaren Software generiert werden. Öffentliche Datenbanken und Chemieportale, wie Pubchem oder Chempider, aber auch Wikipedia haben ihre Substanzinformationen um den InChI/InChI-Key erweitert. Gibt man den Code für Koffein oder Teile davon in die Suchmaschinen ein, so findet man alle relevanten Seiten zu Koffein, inklusive Strukturformel und vielen weiteren für Wissenschaftler interessanten Informationen.

Da jede Substanz nicht nur eine eindeutige Strukturformel, sondern auch ihr ganz spezifisches Massenspektrum aufweist, ist der SPLASH-Code die logische Fortführung des InChIs. Seine Entwicklung erfolgte als Konsequenz auf wachsende Datenmengen von Massenspektren in verschiedenen Formaten.

Das Ardenne-Massenspektrometer zielt als Ausstellungstück unseren Flur; rechts ist ein modernes Gerät.



Summenformel
 $C_8H_{10}N_4O_2$

Weitere (Trivial-) Namen

- 1,3,7-Trimethylxanthin
- Methyltheobromin
- Thein
- Guarantin

IUPAC-Nomenklatur

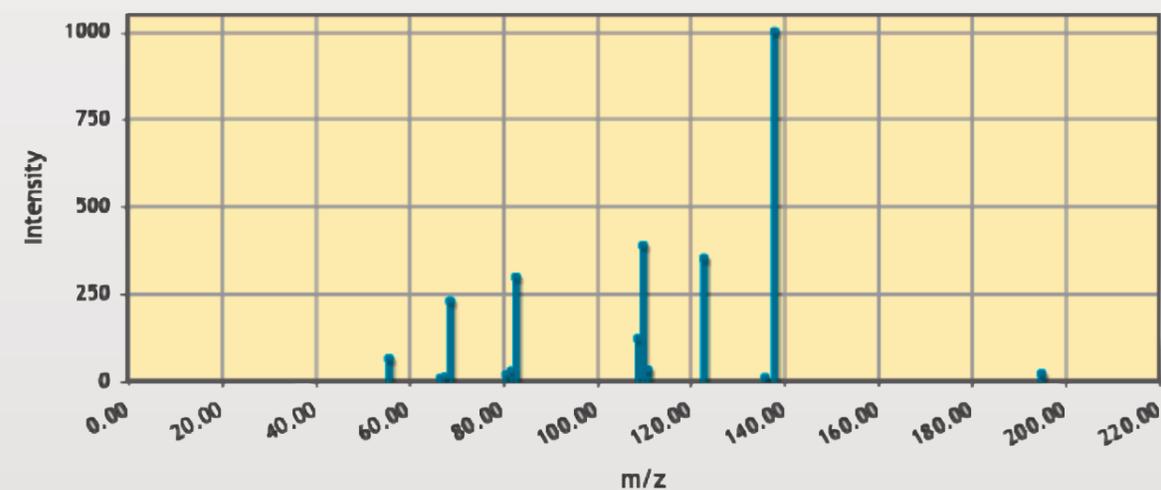
1,3,7-Trimethyl-3,7-dihydro-1H-purin-2,6-dion

InChI (String)

IS/C8H10N4O2/c1-10-4-9-6-5(10)7(13)12(3)8(14)11(6)2/h4H,1-3H3

InChI-Key

RYYVLZVUVIJVGH-UHFFFAOYSA-N



Ein typisches Massenspektrum von Koffein. Der zugehörige SPLASH-Code lautet: `splash10-000i-3900000000-73043667076aaf483c6e`

Nachrichten aus der Wissenschaft

FORSCHUNGSERGEBNISSE

Phänotyp auf Knopfdruck

Nachwuchsgruppenleiter **NICO DISSMEYER** und Kollegen haben eine Methode entwickelt, mit der es möglich ist, gewünschte Proteine im lebenden Organismus je nach Bedarf anzureichern oder abzubauen. Dafür haben die Forscher gemeinsam mit Wissenschaftlern aus Zürich und Köln einen molekularen Schalter entwickelt, der durch Temperaturänderung aktiviert werden kann. Mit diesem Schalter sind Pflanzen in der Lage, bei niedrigen Umgebungstemperaturen, das gewünschte Protein in großer Menge herzustellen, während nach einer moderaten Temperaturerhöhung, innerhalb von wenigen Stunden ein kompletter Abbau des Proteins erfolgt. Erstmals gelingt es damit, das äußere Erscheinungsbild von Pflanzen – den Phänotyp – durch einen zeitlich begrenzten Eingriff zu verändern. Das Verfahren ist jedoch nicht nur bei verschiedenen Pflanzen anwendbar, sondern wurde auch in tierischen Zellkulturen, der Bäckerhefe und lebenden Fruchtfliegen erfolgreich getestet. Vielfältige Anwendungsmöglichkeiten in der Grundlagenforschung und in biotechnologischen Produktionsverfahren sind denkbar. Die Methode wurde jetzt in der Zeitschrift *Nature Communications* publiziert.



Grundlage dieser Temperaturshiftmethode bildet die natürliche Proteinentsorgungsmaschinerie, das Proteasom, das von der Bäckerhefe bis zum Menschen in jeder lebenden Zelle vorkommt. Alle Eiweiße und vor allem jene Proteine, die als Enzyme alle Stoffwechselforgänge und damit wichtige physiologische Prozesse wie Atmung, Verdauung, Entwicklung und Immunabwehr steuern, müssen stets am richtigen Ort, zur richtigen Zeit und mit der richtigen Aktivität wirken. Fehlerhafte Enzyme, die zu stark, zu wenig, zu lange oder gar nicht aktiv sind, können schwerwiegende Krankheitsfolgen für den Organismus haben. Sie werden deshalb innerhalb der Zellen als abnorm erkannt und abgebaut.

**Phenotypes on demand
Nature Communications**

Diesen natürlichen Vorgang nutzen die Hallenser Wissenschaftler, um Proteine ihrer Wahl, je nach Umgebungstemperatur, in der Zelle anzureichern oder abzubauen. Dafür wurden künstliche DNA-Konstrukte, die aus zwei hintereinander geschalteten Genen bestanden, in die Pflanzenzellen geschleust. Das erste Gen codierte für ein temperaturlabiles Protein, das bei Erhöhung der Umgebungstemperatur eine fehlerhafte räumliche Struktur ausbildete. Das zweite Gen enthielt die Information für das jeweilige Wunschprotein, das man in den Zellen anreichern wollte. Diese beiden hintereinander geschalteten Gene

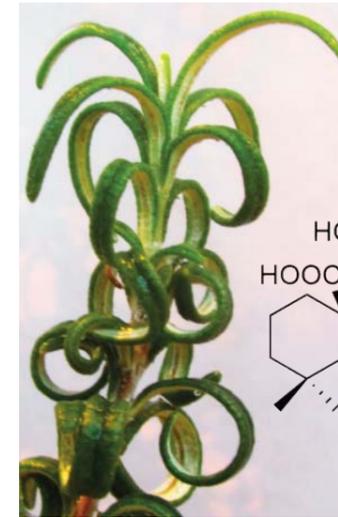
bildeten die Grundlage für die zellinterne Biosynthese eines Fusionsproteins, das sich bei niedrigen Umgebungstemperaturen in der Zelle anreichte und seine Funktion korrekt ausübte. Nach einem Temperaturshift auf 29°C veränderte der temperaturlabile Teil des Fusionsproteins seine Struktur derart, dass es vom Proteasom als abnorm erkannt und abgebaut wurde. Mit ihm auch das Wunschprotein, als fester Bestandteil des Fusionsproteins. Der temperaturlabile Teil des Fusionsproteins dient demnach in diesem System als molekularer Temperaturschalter. Mit einer stufenweisen oder zeitlich begrenzten Temperaturerhöhung konnte auf diese Weise sogar eine abgestufte Herunterregulierung der Wunschproteinmenge erzielt werden. Zudem war die Veränderung reversibel; nach einem erneuten Absenken der Umgebungstemperatur wurde das Wunschprotein wieder in den Zellen angereichert. Dissmeyer und Kollegen haben die Temperaturshiftmethode mit verschiedenen Wunschproteinen in verschiedenen Organismen erfolgreich getestet. In der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) konnten sie auf diese Weise die Entwicklung von kleinen, einzelligen Haaren auf der Blattoberfläche (Trichome) beeinflussen. Dafür wurde eine Mutante, die generell keine Trichome ausbildet, mit dem Entwicklungsgen für die Trichombildung in Kombination mit dem molekularen Schaltergen versehen. Im Ergebnis bildeten die Pflanzen bei 16°C Umge-

bungstemperatur wieder Trichome auf ihren Blättern, während bei 29°C das Trichomentwicklungsprotein inaktiviert wurde und folglich alle Blätter, genau wie in der fehlerhaften Nullmutante, glatt und haarlos waren. Besonders in der Trichombildung nach Wunsch liegt ein großes Potential für die Anwendung des Temperaturshifts in biotechnologischen Produktionsprozessen. Bestimmte Pflanzen bilden Trichome auf ihren Blättern aus, die als Drüsenhaare fungieren. Diese glandulären Trichome produzieren und speichern pflanzliche Stoffwechselprodukte, wie ätherische Öle oder Abwehrstoffe gegen Schadinsekten. Sie bilden ein in sich geschlossenes Zellsystem, das mit dem Gefäßsystem der Pflanze nicht verbunden ist. Deshalb werden in den Drüsenhaaren oft auch für die Pflanze toxische Schwermetalle und andere schädliche Abbauprodukte gespeichert und endgelagert. Mit der Temperaturshiftmethode können die Trichome als Mikroreaktoren für die gezielt steuerbare Produktion von für die Pflanze toxischen Proteinen oder anderer Wirkstoffe nutzbar gemacht werden. So wäre es beispielsweise möglich, glanduläre Trichome als Mini-fabriken für Medikamente zu nutzen. Tabakpflanzen mit ihren großen Blättern und entsprechend vielen Drüsenhaaren wären für dieses Verfahren besonders geeignet.

Von der Pflanze in den Mikroreaktor



Wissenschaftlern des IPB ist es gelungen die Biosynthese von Carnosinsäure vollständig aufzuklären. Mit diesem Wissen konnten die Hallenser Pflanzenforscher um **ULSCHAN SCHELER**



Noch wird Carnosinsäure aus den Blättern von Rosmarin gewonnen. Biotechnologische Produktionsverfahren könnten jedoch bald entwickelt werden. Foto: IPB

und **ALAIN TISSIER** den ökonomisch wertvollen Pflanzenstoff auf biotechnologischem Weg in Hefezellen herstellen. Das Projekt wurde in der renommierten Zeitschrift *Nature Communications* publiziert.

**Elucidation of the biosynthesis of carnosic acid and its reconstitution in yeast
Nature Communications**

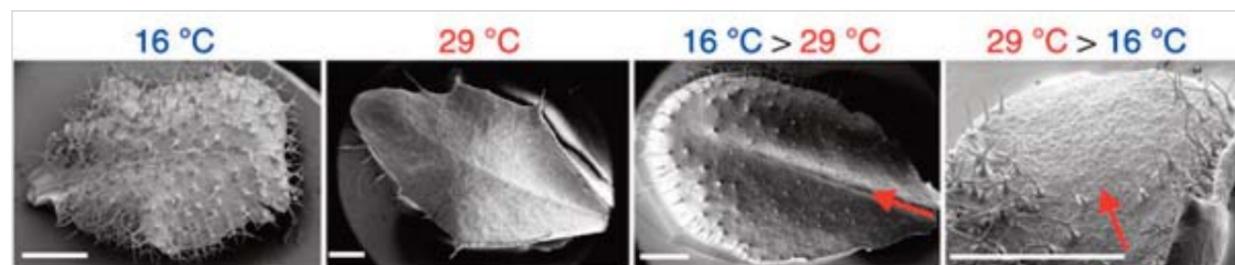
Carnosinsäure ist ein natürliches Antioxidationsmittel, das in den Blättern von Rosmarin und Salbei vorkommt. Es wird weltweit als Konservierungs- und Aromastoff in Fleischwaren, Ölen, Fetten, Saucen und Tierfutter verwendet. Obgleich man Carnosinsäure in steigenden Mengen benötigt, wird es wegen fehlender Syntheseverfahren noch immer aus Pflanzen gewonnen. Getrocknete Salbei- und Rosmarinblätter enthalten maximal 2,5 Prozent Carnosinsäure – es erfordert demnach eine große Menge an Pflanzenmaterial, um die Produktion des Antioxidationsmittels im Industriemaßstab zu gewährleisten. Die Biosynthese von Carnosinsäure innerhalb der Pflanze findet in mehre-

ren Reaktionsschritten statt, die von unterschiedlichen Enzymen katalysiert werden. Jenes Enzym, das den letzten Schritt der Reaktionskette katalysiert, war bisher noch nicht bekannt. Diese Erkenntnislücke wurde von den Pflanzenexperten des IPB jetzt geschlossen. Dabei fanden sie ein zusätzliches, bisher unbekanntes Zwischenprodukt und neue Enzyme, die von ihnen beschrieben und charakterisiert wurden. Mit dem Wissen um alle beteiligten Reaktionspartner konnten die Wissenschaftler die Gene, die für die entsprechenden Enzyme codieren, in Hefezellen einbringen und diese dazu bewegen, Carnosinsäure herzustellen. Damit ist der erste Schritt für die Entwicklung eines biotechnologischen Produktionsverfahrens des Antioxidationsmittels getan. Carnosinsäure ist zudem der Ausgangsstoff für die Biosynthese von vielen weiteren phenolischen Diterpenen, die als bioaktive Substanzen gegen Entzündungen, Krebs und verschiedene neurodegenerative Erkrankungen wirken. Auch aus diesem Grund wird es interessant werden Carnosinsäure künftig biotechnologisch und damit unabhängig von Klimaschwankungen, Bodenqualität und Ernteerträgen zu produzieren.

KONFERENZEN

2. IPB-Symposium

Das 2. Leibniz Plant Biochemistry Symposium am 23. und 24. Juni 2016 war ein voller Erfolg. Die Kapazitäten waren an beiden Tagen bis auf den letzten Platz ausgereizt; es besuchten jeweils über 100 Gäste aus aller Welt die internationale Fachtagung. Der Grund war sicher nicht nur im feinen Ambiente des Instituts zu suchen, sondern vor allem im exklusiven Programm: hochkarätige Wissenschaftler aus



Phänotyp nach Wunsch: schnell, nuanciert und reversibel. Die Trichombildung auf Arabidopsisblättern kann nach Einbau der entsprechenden Temperaturshift-Gene je nach Umgebungstemperatur gefördert oder unterdrückt werden. Dass das auch stufenweise möglich ist, sieht man sehr deutlich an den beiden rechten Bildern. Foto: IPB

Frankreich, Australien, den USA und Großbritannien konnten dafür gewonnen werden. Im Mittelpunkt standen in diesem Jahr Themen rund um den Pflanzenstress, allem voran pflanzliche Immunität und Abwehrstrategien gegen Krankheitserreger, aber auch Schutzmechanismen vor abiotischem Stress, wie Übersalzung und Sauerstoffmangel. Das Leibniz Plant Biochemistry Symposium soll sich als kleine, internationale und außergewöhnliche Experten-tagung im mitteldeutschen Raum etablieren und von hier aus internationale Strahlkraft entwickeln. Bereits jetzt, zum zweiten Meeting dieser Art, zeigte sich die Wirksamkeit dieses Konzepts.

Cantors Erben tagen in Halle

Der 7. **WORKSHOP FÜR ONTOLOGIES AND DATA IN LIFE SCIENCES** (ODLS) wird in diesem Jahr an traditionsreicher Stätte, nämlich in Halle (Saale), der Geburtsstadt des Begründers der Mengenlehre – Georg Cantor - stattfinden. Eine kleine, aber wohlsortierte Gemeinschaft von 25 Datenexperten aus aller Welt kam aus diesem Grund am 29. und 30. September am IPB zusammen, um Ideen auszutauschen, Ergebnisse zu diskutieren und Kooperationen anzub-



bahnen. Die Veranstaltung, organisiert unter Federführung von **DANIEL SCHÖBER** am IPB, ist in hohem Maße interdisziplinär: Ontologie-Experten, Bio-, Chemo- und Medizininformatiker setzen sich mit Logikern, Philosophen und Biochemikern auseinander. In Zeiten von enormen Mengen anfallender Daten aus Medizin und Lebenswissenschaften bedarf es effizienter Wissensrepräsentationsformalismen und Datenstandards, aber auch den Zusammenschluss von Expertisen, um Daten richtig zu interpretieren und ihre Botschaft zu verstehen. Der 7. ODLS-Workshop trug diesem Anliegen Rechnung.

52. Naturstofftreffen

Der 52. Doktorandenworkshop Naturstoffe: Chemie, Biologie und Ökologie fand am 14. Oktober 2016 im Institut für Agrarentwicklung und Transformationsökonomien (IAMO) statt. Unter der Organisationshoheit des IPB kamen an diesem Tag Wissenschaftler aus Würzburg, Jena, Bayreuth, Wien, Bonn, Leipzig und Halle zusammen, um sich über Trends und Ergebnisse aus der Naturstoffforschung auszutauschen. Das Programm deckte ein breites Spektrum ab: angefangen bei eher chemischen Themen wie enantioselektiven Synthesen bis hin zur ökologischen Rolle von Naturstoffen bei Interaktionen zwischen Pflanzen, Bakterien und Insekten.

PERSONALIA

Kubanischer Gastprofessor

ANSELMO OTERO, Professor an der Universität Havana, arbeitete diesen Sommer für



zwei Monate am IPB. Bei seinem vom DAAD finanzierten Gastaufenthalt forschte er gemeinsam mit unseren Chemikern an antibiotisch wirksamen Lipopeptiden.

Wissenschaftler aus Kairo am IPB



MOHAMED FARAG ist zurzeit als gemeinsamer Gastwissenschaftler des Leibniz-Zentrums für Marine Tropenökologie und des IPB in Deutschland. In diesem Rahmen forscht der Assistenzprofessor der Pharmazeutischen Fakultät der Universität Kairo an einem sehr aktuellen Thema: der Korallenbleiche.

Korallen sind Nesseltiere, die in Symbiose mit einer Algenart, den Zooxanthellen leben. Kommt es zu anhaltender Erwärmung der Meere, sondern die Zooxanthellen einen Giftstoff ab, woraufhin sie von den Korallen abgestoßen werden. Ohne die Symbiosepartner bleichen die Korallen aus und sterben ab. Korallenriffe gelten neben den Regenwäldern als artenreichste Lebensräume der Welt. Man vermutet mehr als 400.000 Arten in den Riffen, entdeckt hat man bisher etwa 60.000. Mehr als ein Viertel der bekannten Meerestiere leben in und von den Riffen. Ein Absterben der Korallen hat den Zusammenbruch ganzer Nahrungsketten zur Folge. Durch die globale Erwärmung kam es 1998 und 2002 zu großen Korallenbleichen. Die stärkste Bleiche beobachtet man seit 2014 im Great Barrier Reef, bei der bisher etwa 55 % der Riffe schwer beschädigt worden sind.

Mit dem Vergleich der Metaboliten von kranken und gesunden Korallen will man am ZMT (in Zusammenarbeit mit dem IPB) die molekularen Grundlagen der Korallenbleiche besser verstehen. Farag arbeitet seit einigen Jahren eng

mit dem IPB zusammen. Als Alexander-von Humboldt-Stipendiat forschte er in der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie an Metabolitenspektren von Hopfen, Süßholz und Johanniskraut.

Erster Juniorprofessor will neue Enzyme entdecken



Am 1. November 2016 übernahm Dr. **MARTIN WEISSENBORN** die Juniorprofessur Bioorganische Chemie in gemeinsamer Berufung des IPB und der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg. Im Fokus seiner Forschungsarbeiten am IPB werden Enzyme stehen. Der promovierte Chemiker wird sich mit der Entwicklung von neuen Reaktions- und Enzymklassen befassen. Dafür will er bereits bekannte Enzyme nach neuen, noch unbekanntem Eigenschaften durchforschen. Substanzen, die in der Natur nicht oder sehr selten vorkommen, sollen dabei mit den Enzymen in Verbindung gebracht und ihnen als Reaktionspartner (Substrate) angeboten werden. Da die Enzyme in ihrer natürlichen Umgebung – in lebenden Zellen – zu diesen speziellen Substraten normalerweise keinen Zugang haben, erhofft man sich neue Reaktionen und gegebenenfalls die Entstehung noch unbekannter Substanzen aus diesem Zusammentreffen. Mit Hilfe von biotechnologischen Methoden sollen später das Finden und die Selektion der interessantesten und ak-

tivsten Enzyme erleichtert werden. Gleichzeitig ist Herr Weissenborn einer von fünf Nachwuchsgruppenleitern des **LEIBNIZ RESEARCH CLUSTERS Bio/Synthetische multifunktionale Mikroproduktionseinheiten** – Neuartige Wege zur Wirkstoffentwicklung. Im Leibniz Research Cluster wird er verschiedene Enzyme für die zellfreie Biosynthese von Wirkstoffen optimieren. Da die natürlichen Ressourcen für viele der auch medizinisch interessanten Verbindungen begrenzt sind, sollen im Cluster neue Wege zur biokatalytischen Herstellung von Wirkstoffen und deren Derivaten entwickelt werden.

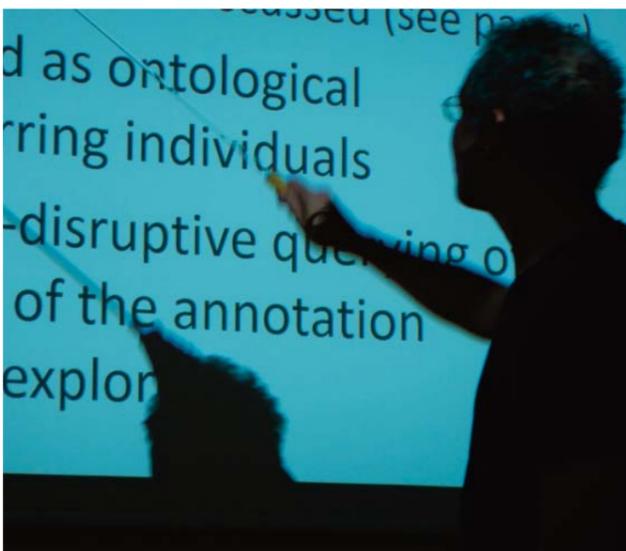


Der Leibniz Research Cluster wurde 2015 als Verbundprojekt der Leibniz-Gemeinschaft ins Leben gerufen. Er bündelt die Expertise von fünf Leibniz-Instituten und wird im Rahmen der Initiative *Nächste Generation biotechnologischer Verfahren – Biotechnologie 2020+* vom Bundesministerium für Bildung und Forschung mit 5,5 Millionen Euro finanziert. Der Strategieprozess 2020+ hat sich zum Ziel gesetzt, neuartige biotechnologische Verfahren für die Produktion von wirtschaftlich interessanten Verbindungen zu entwickeln. Dafür und auch für die beschleunigte Überführung bereits bekannter Verfahren in die industrielle Praxis sollen Biologen, Chemiker und Ingenieurwissenschaftler künftig enger zusammenarbeiten.

Neue Doktorandensprecher

Die neuen Sprecher sind gewählt. Für den Zeitraum 2016/2017 sind **SARAH SCHARFENBERG** (Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie), **ULSCHAN SCHELER** (Abteilung Stoffwechsel- und Zellbiologie), **AMMAR JABER** (Abteilung Molekulare Signalverarbeitung) und **DAVID EDELER** (Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie) die Vertreter der Doktoranden und damit Ansprechpartner für alle organisatorischen und promotionsrelevanten Fragen am IPB. David Edeler ist zudem einer der Gründer des in diesem Jahr initiierten Leibniz-Doktorandennetzwerkes. Angelehnt an ähnliche Netzwerke in der Max-Planck-Gesellschaft und der Helmholtz-Gemeinschaft, wollen sich die Nachwuchsforscher jetzt auch bei Leibniz ganz offiziell zusammenschlie-

Neue Sprecher startbereit: David Edeler, Sahra Scharfenberg, Ulschan Scheler und Ammar Jaber v.l.n.r.



Personalia & Diverses

Ben, um Informations- und Expertisen austausch voranzutreiben. Die Organisation von interdisziplinären Konferenzen aber auch Karriereförderung und Sichtbarwerden in der Politik stehen neben vielen anderen Themen auf der Agenda der Leibniz-Nachwuchswissenschaftler.

■ BESUCHE UND BESICHTIGUNGEN

Grenobles Bürgermeister am IPB

Das IPB ist mittlerweile auch in Halles Rathaus als eine lohnende Stätte des Vorzeigens bekannt. Gerne kommt man auf uns zurück, wenn Ehrengäste die Stadt besuchen, so wie dieses Jahr im Juni, als der Bürgermeister unserer Partnerstadt Grenoble, **ÉRIC PIOLLE**, sich neben weiteren Highlights der Stadt auch das IPB zeigen ließ. Der als tatkräftig-innovativ geltende Politiker und Mitglied der Europäischen Grünen Partei zeigte sich sehr interessiert an unseren For-

Staatssekretär und heutiger Minister Armin Willingmann besucht des IPB und WissenschaftsCampus Halle. Hier bei einer Kostprobe von süß-schmeckenden Blättern im Gewächshaus.



schungsthemen, aber auch an der Einbindung des IPB in den exzellenten Standort auf dem Campus. Geführt wurde Monsieur Piolle unter anderem von seinem Landsmann Alain Tissier, sodass die anwesende Dolmetscherin wenig zu tun hatte.

Arab-German Young Academy

Am 7. Oktober besuchte eine Abordnung der Arab-German Young Academy das Institut. Neben der Besichtigung von Phytokammern und Gewächshäusern, des Konfokalen Laserscanning-Mikroskops und eines Labors der Massenspektrometrie lauschten die Teilnehmer auch einem Vortrag zu pflanzlichem Trockenstress.

Staatssekretär und Minister

Professor **ARMIN WILLINGMANN**, besuchte am 18. Oktober das Institut. Der damalige Staatssekretär und kurze Zeit später zum sachsen-anhaltinischen Minister für Wirtschaft, Wissenschaft und Digitalisierung ernannte Politiker informierte sich im Rahmen dieser Visite über den Stand der Dinge des WissenschaftsCampus Pflanzenbasierte Bioökonomie in Halle. Dabei zeigte der ehemalige Rektor der Hochschule Harz und Präsident der Landesrektorenkonferenz von Sachsen-Anhalt sehr viel Verständnis für die Sorgen und Probleme wissenschaftlicher Einrichtungen. Die Diskussion über wissenschaftspolitische Fragen war fruchtbar und abendfüllend.

■ BERUFSAUSBILDUNG

Sechs neue Auszubildende

Seit dem 1. August haben sechs neue Auszubildende ihre Ausbildung am Institut begonnen. **STEFANIE MÜLLER** und **ANNE PAULINE LIEBEGALL** lernen den Beruf der Biologielaborantin, **TARIK WEISS** lässt sich zum Fachinformatiker für Systemintegration aus-



bilden, **STEFAN LÖFFLER** startet als zukünftiger Gärtner am Institut und **HANNAH RATHAY** und **ELISABETH WOJTEK** absolvieren eine Ausbildung zur Bürokauffrau. Wir wünschen allen Azubis einen schönen und lehrreichen Aufenthalt am IPB.

■ GLEICHSTELLUNG

IPB gewinnt erneut Zertifikat

Für seine hervorragende Personalentwicklung hat das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie zum dritten Mal in Folge das **TOTAL-EQUALITY-PRÄDIKAT** erhalten. Die Jury hebt das vertrauensvolle Betriebsklima und die Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses mit zahlreichen Aktivitäten als lobenswert hervor. In der Tat hat sich seit der letzten Bewerbung besonders auf dem Gebiet der Nachwuchsförderung sehr viel am Institut getan. Vier junge Wissenschaftlerinnen haben sich seit 2013 erfolgreich beim Leibniz-Mentoring-Programm beworben. Zwei Personen erhielten zudem ein ähnlich geartetes Förderprogramm von der Schering-



Stiftung. 2014 wurden am Institut erstmals spezielle Workshops und Aufbaueminare zur Karriereförderung von Wissenschaftlerinnen angeboten. Das Engagement des Instituts bei der Anwendung der Forschungsorientierten Gleichstellungsstandards in der Leibniz-Gemeinschaft wurde 2015 vom Leibniz-Präsidenten lobend erwähnt. Das IPB konnte sich hier in der Spitzengruppe der 20 besten Leibniz-Institute platzieren. Die aufwendige Bewerbung zum Prädikat erfolgte unter Federführung der Personalleiterin des IPB, **KERSTIN BALKENHOHL**. Der erneute Erfolg bei der Bewältigung dieser Aufgabe ist hoch zu würdigen. Wir sagen Dankeschön und herzlichen Glückwunsch!



■ EVENTS

Lange Nacht der Wissenschaft

Trotz Ferien und Fußball-EM kamen über 500 Gäste zur Langen Nacht der Wissenschaft am 1. Juli 2016 ans Institut. Da wir in den letzten Jahren die Erfahrung machten, dass auch die Erwachsenen sehr viel Freude an unserem Kinderprogramm haben, durften in diesem Jahr die Generationen zusammen agieren. Ganz neu im Programm stand die Frage, ob Johanniskraut gegen Alzheimer hilft. Im IPB wird es gerade erforscht und so gab es Fakten und Wissenswertes zu dieser vielseitig eingesetzten Heilpflanze. Damit das Gehirn nicht einrostet, hatten sich unsere Standbetreuer als kleine Alzheimerprophylaxe ein kniffliges Memoryspiel ausgedacht, bei dem keine Karte der anderen glich und verschiedene Pärchen möglich waren. Ebenfalls neu im Programm und mit Begeisterung durchgeführt wurden die Versuche, Blätter mit Wasser zu infiltrieren. Und schließlich sorgten die Experimente mit Wasser, Fett und Farben für vielfache Aha-Effekte. Das Interesse war riesig - die Begeisterung auch.





IPB-Ausstellung: Wissenschaft erleben

Im September 2002 fand in Halle zum ersten Mal die Lange Nacht der Wissenschaft statt. Die Veranstaltung wurde zentral von der Martin-Luther-Universität organisiert, doch auch die außeruniversitären Institute waren aufgerufen sich mit offenen Häusern an der Lange Nacht zu beteiligen. Das IPB ist von Anfang an dabei. Bereits nach zwei Jahren war das Format in Halle und Umgebung etabliert. Die Nachfrage war riesig und ist bis heute ungebrochen.

Besonders das IPB-Kinderprogramm, das seit 2007 von vielen fleißigen Helfern organisiert wird, ist in Halle beliebt, sodass viele Interessenten seit Jahren immer wieder kommen. Sie erschienen sogar in jenen Jahren, in denen das IPB gar nicht im Programmheft angekündigt war, weil die Lange Nacht aus terminlichen Gründen hier ausfallen musste. In der Regel besuchen uns jedes Jahr 500 - 700 Gäste, unabhängig von Ferien, Fußballweltmeisterschaften und vom Wetter. Im Jahr 2008, als am IPB zu-

sätzlich die Pressekonferenz zur Lange Nacht durchgeführt wurde, kamen sogar 1600 Gäste - eine gewaltige Schar Wissendurstiger, die unser kleines Institut überrollte und alle Helfer an die Grenzen ihrer Leistungsfähigkeit brachte. Die Begeisterung für die Lange Nacht ist übrigens beidseitig. Viele, die einmal als Helfer erlebt haben, wie interessiert und dankbar ihr Programm aufgesogen und goutiert wird, werden zum Wiederholungstäter. Bei nunmehr 14 Langen Nächten sind viele zauberhafte Bilder entstanden, von neugierigen und diskussionsfreudigen Erwachsenen, vor allem aber von Kindern, die mit wachen, leuchtenden, staunenden Augen die Welt der Wissenschaft entdecken. Die schönsten Aufnahmen wurden jetzt von **SYLVIA PIEFLOW** ausgewählt und vergrößert. Sie schmücken die nächsten Wochen Foyer und Flure. Wir brauchen uns nicht zu verstecken! Die Bilder sprechen für sich.



IMPRESSUM:

Der IPB-Newsletter erscheint zweimal im Jahr. Die Weiterverwendung von Fotos und Texten bedarf der Genehmigung des Herausgebers. Dezember 2016

Herausgeber:
Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie
Weinberg 3
06120 Halle
www.ipb-halle.de

Fotos: IPB
Titelfoto: Collage, Sylvia Pieplow

Redaktion, Texte, Grafiken, Satz und Layout:
Sylvia Pieplow