

max-planck-institut
für biochemie



Highlights 2013



Titelbild: Katja Zieske, Zelluläre und Molekulare Biophysik



MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT

Ein molekularer Aktenvernichter für RNA

Ähnlich einem Aktenvernichter zum Zerkleinern von nicht mehr benötigten oder potenziell gefährlichen Dokumenten verwenden Zellen molekulare Maschinen, die überflüssige oder defekte Makromoleküle abbauen. Wissenschaftler am Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried bei München haben jetzt die Struktur und Funktionsweise des Exosoms entschlüsselt, das Ribonukleinsäuren (RNA) in Eukaryoten abbaut. RNA-Moleküle liegen in allen Zellen in großer Menge vor und übernehmen dort vielfältige Aufgaben. Sie ermöglichen es zum Beispiel, die in den Genen gespeicherte Information in Proteine zu übersetzen. Die Ergebnisse der Forscher zeigen, dass die Struktur und die Funktionsweise des Exosoms in allen Lebensformen weitgehend gleich sind. Die Studie wurde jetzt im Journal *Nature* veröffentlicht. ([Nature, Februar 2013](#))

Wenn bei der Herstellung von RNA-Molekülen Fehler auftreten oder RNA sich unkontrolliert anhäuft, kann dies die Zelle schädigen. Deshalb ist die Beseitigung von defekter oder nicht mehr benötigter RNA ein wichtiger Schritt für den Stoffwechsel einer Zelle. Das Exosom zerschneidet als Multi-Proteinkomplex RNA in kleine Stücke und spielt damit eine Schlüsselrolle im Abbau-Prozess. Zusätzlich wandelt es bestimmte RNA-Moleküle in ihre reife Form um. Die molekularen Mechanismen, mit denen das Exosom all diese Funktionen erfüllen kann, waren bisher noch wenig verstanden.

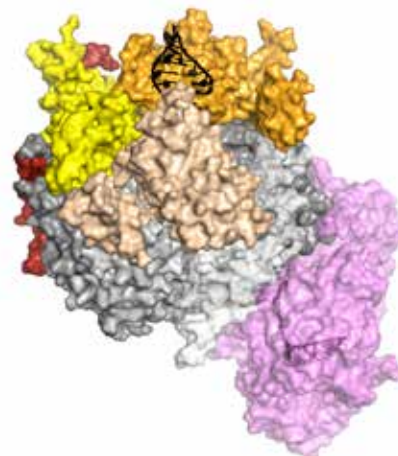
Allgegenwärtiger molekularer Aktenvernichter

Debora Makino, Wissenschaftlerin in der Forschungsabteilung „Zelluläre Strukturbiologie“ um Elena Conti, hat jetzt auf atomarem Level ein Bild des kompletten Exosoms aus Eukaryoten erstellt – zusammen mit einem gebundenen RNA Molekül. Die Struktur dieses Komplexes ermöglicht es den Wissenschaftlern zu verstehen, wie das Exosom im Detail arbeitet.

„Es handelt sich um eine sehr aufwändige molekulare Maschine: der Exosom-Komplex bildet ein hohles Fass aus neun unterschiedlichen Proteinen. Durch einen Kanal in seinem Inneren werden die RNA-Moleküle so geführt, dass sie schließlich zu einem zehnten

Die Kristallstruktur eines kompletten eukaryotischen RNA-Exosom-Komplexes zeigt, wie dieser sein Substrat erkennt und verarbeitet. Die RNA (schwarz) wird von den „cap“-Proteinen (gelb, beige, orange) erkannt und entwunden. Anschließend wird sie durch den Komplex gefädelt und zur aktiven Untereinheit geleitet (violett), wo der eigentliche Abbau stattfindet.

Bild: Debora L. Makino / © MPI für Biochemie



Protein gelangen, welches als katalytische Untereinheit die RNA in Stücke schneidet“, beschreibt Debora Makino die Funktionsweise. Das Fass ist essentiell für den Abbau-Prozess, weil es dazu beiträgt, dass die RNA entfaltet und für die Zerkleinerung vorbereitet wird. „Zellen, denen eines dieser zehn Proteine fehlt, sind nicht überlebensfähig. Das zeigt, dass nicht nur die katalytische Untereinheit, sondern auch das gesamte Fass für die Funktion des Exosoms essentiell sind“, erklärt Makino.

Das Anbinden von RNA und Führen der RNA durch den Kanal des Exosoms geschieht in Eukaryoten in ähnlicher Weise wie in Bakterien und Archaeobakterien, welche die Wissenschaftler bereits in früheren Arbeiten strukturell untersucht haben. „Obwohl der eigentliche Abbau chemisch sehr unterschiedlich in Eukaryoten und Bakterien beziehungsweise Archaeobakterien abläuft, wird die RNA auf gleiche Weise durch den Kanal befördert. Vergleichbar ist der Mechanismus auch mit dem des Proteasoms, einem Komplex für den Protein-Abbau“, sagt Elena Conti. In Zukunft wollen die Wissenschaftler verstehen, wie das Exosom gezielt zu den RNA-Molekülen gelangt, welche für den Abbau

vorgesehen sind, und wie es in den unterschiedlichen Bereichen der Zelle reguliert wird.

Was Chromosomen im Innersten zusammenhält

Damit die Erbinformation während der Zellteilung passgenau auf die beiden Tochterzellen verteilt werden kann, müssen die DNA-Fäden geordnet und eng verpackt vorliegen. Am Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried bei München haben Wissenschaftler jetzt den Aufbau eines ringförmigen Proteinkomplexes (SMC-Kleisin) entschlüsselt, der für Ordnung bei diesem Verpackungsvorgang sorgt. Gemeinsam mit ihren Kooperationspartnern des Korea Advanced Institute of Science and Technology untersuchten sie die Proteine in Bakterien und fanden dabei strukturelle Ähnlichkeiten mit dem menschlichen Komplex. Die Ergebnisse wurden jetzt im Fachjournal *Nature Structural & Molecular Biology* veröffentlicht. ([Nature Structural & Molecular Biology, Januar 2013](#))

In jeder Zelle müssen etwa zwei Meter DNA in einem Zellkern untergebracht werden, der nur einen Durchmesser von wenigen Tausendstel Millimetern hat. Die DNA ist darin in einzelnen Chromosomen organisiert, die als sehr lange Fäden vorliegen. Werden sie bei der Teilung der Zelle nicht gleichmäßig auf die Tochterzellen aufgeteilt, können Krebs oder Erbdefekte wie zum Beispiel Trisomie 21 entstehen. Um daher für einen sicheren Transport der DNA bei der Zellteilung zu sorgen, müssen die langen und verknäulten DNA-Fäden dicht verpackt werden.

Dieser Schritt ist bisher nur in groben Ansätzen verstanden. Eine Schlüsselrolle spielen hierbei die SMC-

Kleisin-Proteinkomplexe, die aus zwei Proteinarmen (SMC) und einem Bindeglied (Kleisin) bestehen. Die Arme legen sich wie ein Ring um die DNA und können so verdoppelte Chromosomen oder zwei entfernte Teile desselben Chromosoms miteinander verknüpfen.

[Von Bakterien lernen](#)

Diese Methode der DNA-Verpackung nutzen auch einfache Organismen wie Bakterien. Wissenschaftler um Gruppenleiter Stephan Gruber konnten jetzt in Zusammenarbeit mit ihren Kollegen aus Südkorea den Aufbau eines Vorläufers der menschlichen SMC-Kleisin-Komplexe aus dem Bakterium *Bacillus subtilis* aufklären. Sie konnten zeigen, dass der bakterielle

SMC-Proteinkomplexe bilden ringförmige Strukturen, die DNA-Moleküle umklammern und damit das Chromosom für die Verpackung in Schlaufen legen.
Bild: Ho-Chul Shin und Monika Krause / © MPI für Biochemie



SMC-Kleisin-Komplex zwei Arme aus identischen SMC-Proteinen besitzt, die einen Ring bilden. Die Arme unterscheiden sich in ihrer Funktion erst durch die verschiedenen Enden des Kleisin-Proteins, mit dem sie verknüpft sind.

Auch im Menschen ist die DNA-Verpackungsmaschinerie ähnlich organisiert. „Wir vermuten, dass dieser asymmetrische Aufbau eine wichtige Rolle beim Öffnen und Schließen des Rings um die DNA spielt“, erklärt Frank Bürmann, Doktorand in der Gruppe „Chromosomale Organisation und Dynamik“. Die Wissenschaftler fanden zudem heraus, wie die Enden des Kleisins zwischen korrekten und falschen Bindungsstellen auf einem Armpaar unterscheiden können.

Der Zusammenhalt von Chromosomen ist auch bei der Fortpflanzung von entscheidender Bedeutung. In menschlichen Eizellen muss er über Jahrzehnte bestehen bleiben, damit die Reifeteilung der Eizelle fehlerfrei erfolgen kann. Versagt der Zusammenhalt, ist dies eine wahrscheinliche Ursache für Altersunfruchtbarkeit oder das Auftreten

von Erbdefekten wie Trisomie 21. „Die Aufklärung der Struktur der SMC-Kleisin Proteinkomplexe ist ein wichtiger Meilenstein, um die komplizierte Organisation der Chromosomen zu verstehen“, sagt Stephan Gruber.

Neue Einblicke in die Zellteilung

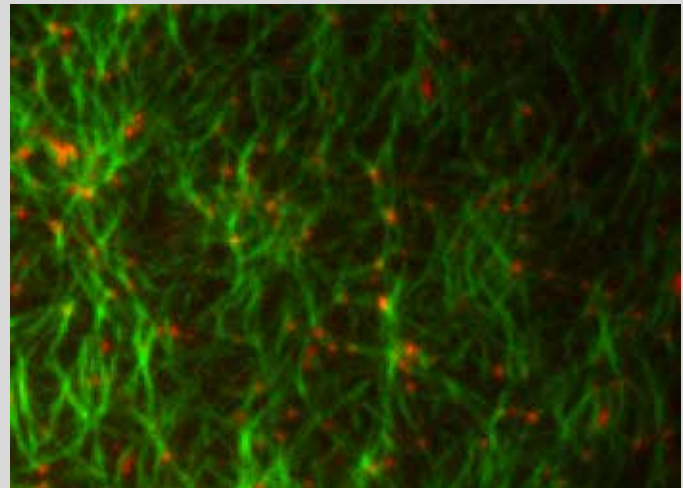
Alle Lebewesen bestehen aus Zellen, die aus der Teilung anderer Zellen hervorgegangen sind. Wie dieser wichtige Prozess im Detail funktioniert, ist noch nicht umfassend verstanden. Wissenschaftlern am Max-Planck-Institut (MPI) für Biochemie in Martinsried bei München ist es jetzt gelungen, ein minimales biologisches System zu konstruieren, das wichtige Bestandteile des Zellteilungsapparates zusammenbringt. Mit Hilfe dieses Minimalsystems konnten die Forscher die biophysikalischen Mechanismen genauer unter die Lupe nehmen. „Unser Modell könnte helfen, neue Therapien gegen Krankheiten zu entwickeln und zu testen, die auf Fehlern in der Zellteilung beruhen“, hofft Sven Vogel, Wissenschaftler am MPI für Biochemie. Die Ergebnisse der Studie wurden jetzt in dem neuen Fachjournal *eLife* veröffentlicht. ([eLife, Januar 2013](#))

Die Forscher der Abteilung „Zelluläre und Molekulare Biophysik“ versuchen, die Strukturen einer Zelle mit Hilfe eines Baukastenprinzips zu rekonstruieren. So möchten sie die grundlegenden Mechanismen lebender Systeme Schritt für Schritt nachvollziehen. „Unsere Vision ist, immer mehr Bausteine aus natürlichen und synthetischen Biomolekülen zusammenzufügen, bis wir schließlich die Minimalversion einer Zelle vor uns haben“, sagt Petra Schwille, Direktorin am MPI für Biochemie. Mit einem solchen Ansatz ist es den Wissenschaftlern jetzt gelungen, den Prozess der Zellteilung genauer zu untersuchen.

[Aus eins mach zwei](#)

Während der Zellteilung müssen zum einen die Erbinformation und das Zellplasma korrekt auf zwei Tochterzellen verteilt werden. Zum anderen müssen die beiden neuentstandenen Zellen physikalisch voneinander getrennt werden. Ein wichtiger Bestandteil dieser Zellteilungsmechanik ist der Zellkortex. Diese Schicht sitzt direkt unter der Zellhülle und besteht aus einer dünnen Lage fädiger Proteinketten, sogenannter Aktinfilamente. Während des eigentlichen Teilungsvorgangs üben Motorproteine aus dem Zellinneren Kräfte auf diese Aktinfilamente aus, wodurch sich der

Motorproteine (rot) binden an Aktinfilamente (grün) – ein erster Schritt zur physischen Teilung einer Zelle.
Bild: Sven Vogel / © MPI für Biochemie



Zellkortex zusammenzieht, die Zelle in der Mitte einschnürt und letztendlich teilt.

Die Max-Planck-Forscher haben jetzt einen künstlichen Zellkortex konstruiert, an dem sie die physikalischen Phänomene genauer untersuchen können. Hierfür haben die Wissenschaftler nur die notwendigsten Bestandteile der Zellteilungsmaschinerie kombiniert und so ein künstliches Minimalsystem geschaffen. Ein solches System kann komplexe Prozesse stark vereinfacht darstellen. In der Natur dagegen haben sich Zellen über mehrere Millionen Jahre entwickelt und wurden nicht präzise geplant und konstruiert. Dadurch seien einige Prozesse möglicherweise komplexer als sie sein müssten, so Sven Vogel. „Diese Komplexität macht es oftmals nahezu unmöglich, die Grundmechanismen im Detail zu erforschen“, sagt der Biophysiker.

Mit ihrem Minimalsystem konnten die Wissenschaftler beispielsweise zeigen, dass die Zugabe von Motorproteinen zu dem künstlichen Zellkortex eine Musterbildung auslöst. Außerdem brechen die Motorproteine einzelne Aktinfilamente auseinander

und verdichten sie. Die Martinsrieder Forscher sind sich sicher, dass auch in Zukunft künstliche Minimalsysteme einen Beitrag dazu leisten werden, die Mechanismen der Zellteilung im Detail zu verstehen. „Unsere Ergebnisse und Minimalsysteme könnten helfen, neue Therapien gegen Krankheiten zu entwickeln und zu testen, die auf Fehlern in der Zellteilung beruhen“, hofft Sven Vogel.

Zelluläre und Molekulare Biophysik
www.biochem.mpg.de/schwille

Hülle der Zelle ist ein molekularer Flickenteppich

Als Schaltstelle zwischen Zelle und Umwelt erfüllt die Zellmembran eine Vielzahl lebenswichtiger Funktionen. Wissenschaftler am Max-Planck-Institut für Biochemie (MPIB) in Martinsried bei München haben jetzt erstmals die molekulare Struktur der aus Fetten und Proteinen aufgebauten Grenzschicht umfassend analysiert und eine präzise Ordnung nachgewiesen: Bei Hefezellen besteht die gesamte Membran aus sogenannten Domänen, die jeweils eine einzelne oder einige wenige Proteinsorten enthalten. Wird ein Protein in eine fremde Domäne versetzt, kann es sogar seine Funktion verlieren. Die Arbeit, die jetzt im Journal *Nature Cell Biology* veröffentlicht wurde, zeigt die Membran als eine Art molekularen Flickenteppich und könnte helfen, grundlegende Vorgänge in der Zelle besser zu verstehen. ([Nature Cell Biology, April 2012](#))

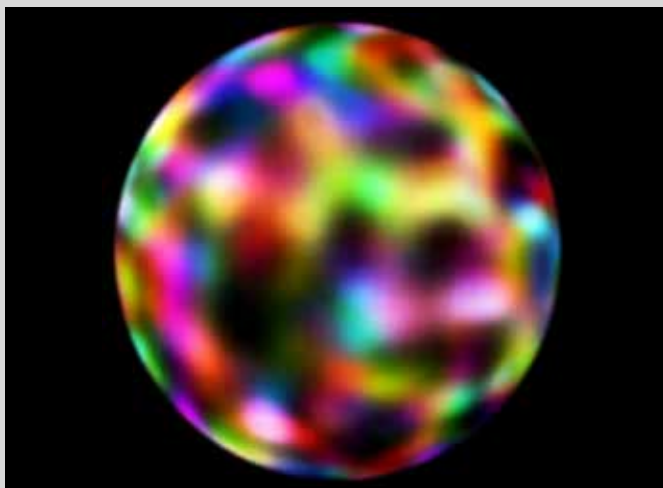
Die Zellmembran muss viele Signale aus der Umwelt und dem Zellinneren verarbeiten, um bei Bedarf eine passende molekulare Antwort zu initiieren. Docken etwa bestimmte Botenstoffe an die Membran an, kann dies das Wachstum oder die Teilung einer Zelle auslösen. Die Zellmembran steht lange schon im Fokus der Wissenschaft. Weitgehend unklar war dennoch, wie sich ihre einzelnen Bestandteile genau anordnen. Einem frühen Modell zufolge sollten sich die Fette (Lipide) und in der Membran verankerten Proteine frei schwimmend und ohne feste Strukturen bewegen. Erst in den letzten Jahren wurde anhand einiger weniger Proteine eine Organisation in abgegrenzte Domänen nachgewiesen.

[Gleich und gleich gesellt sich gern](#)

Forscher um Roland Wedlich-Söldner, Gruppenleiter am MPIB, haben nun erstmals die molekulare Struktur der Zellmembran umfassend analysiert. Sie nutzten dabei fortgeschrittene Mikroskopietechnik, die einzelne Bereiche der Zellmembran und darin angefarbte Proteine mit bislang unerreichter Deutlichkeit abbildete. Dabei erwies sich die Domäne nicht als Ausnahme, sondern als Regel: Jedes Protein in der Zellmembran liegt in klar abgegrenzten Arealen mit flecken- oder netzwerkartiger Struktur vor. Die Zellmembran besteht damit – wie eine Art molekularer Flickenteppich – flächendeckend aus Domänen.

Die Membran der Hefezelle ist in verschiedene Domänen unterteilt (farbig markiert) und erscheint dadurch wie ein molekularer Flickenteppich.

Bild: Roland Wedlich-Söldner / © MPI für Biochemie



„Manche Areale bestehen aus mehr als einer Art von Protein“, sagt Roland Wedlich-Söldner. „Auch wenn diese Moleküle ganz unterschiedliche Funktionen erfüllen, haben sie aber meist eines gemein: Sie sind über einen ähnlichen oder identischen molekularen Anker in einer gemeinsamen Domäne der Membran fixiert.“ Wie sehr die Proteine von dieser jeweils spezifischen Umgebung abhängen, konnten die Wissenschaftler in einem weiteren Versuch nachweisen: Sie tauschten bei einigen Proteinen den ursprünglichen Anker gegen eine andere molekulare Variante aus. Die veränderten Proteine gelangten dann in eine „fremde“ Domäne – passend zur neuen Verankerung. Dort aber konnten sie ihre Proteinfunktion nicht mehr erfüllen.

Wie aber finden Proteine die passende Domäne und bleiben dort, obwohl sie in der Membran relativ mobil sind? Die Forscher konnten zeigen, dass die Lipide der Zellmembran hier wohl den Ausschlag geben. Sie lagern sich jeweils bevorzugt an bestimmte Proteinanker an. So entstehen Areale, die für Proteine mit ähnlicher Verankerung besonders attraktiv sind. Dies könnte erklären, wie sich Zellmem-

branen selbst organisieren – eine weitere offene Frage in der Biologie. Die hochgeordnete Struktur der Zellmembran könnte aber auch helfen, deren viele Funktionen besser zu verstehen. „Vermutlich laufen viele Prozesse nur dank der Domänenbildung in der Zellmembran effizient ab“, sagt Wedlich-Söldner. „Möglicherweise macht sich die Zelle zunutze, was auch im täglichen Leben gilt: Ein gewisses Maß an Ordnung erleichtert die Arbeit.“

Zelluläre Dynamik und Musterbildung
www.biochem.mpg.de/wedlich

Anti-Krebs-Wirkstoffe nehmen nächste Hürde

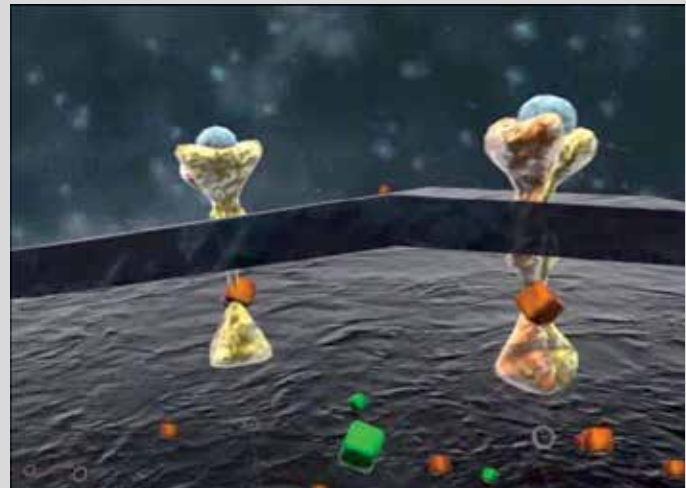
Die meisten Krebspatienten sterben an ihrer Krankheit, weil sich einzelne Tumorzellen im Körper ausbreiten und neue Tumore, so genannte Metastasen, bilden. Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts (MPI) für Biochemie in Martinsried und ihre Kooperationspartner des Unternehmens Lead Discovery Center GmbH (LDC) haben jetzt mit der koreanischen Firma Qurient eine Lizenzvereinbarung über eine von ihnen langjährig erforschte Wirkstoffgruppe getroffen. Diese Wirkstoffe sollen metastasierende und Medikamenten-resistente Tumore gezielter und selektiver angreifen. Qurient wird die getesteten Substanzen nach und nach in präklinische und klinische Studien einbringen, um sie später als Medikament für Patienten verwenden zu können. Wenn die Experimente und klinischen Studien erfolgreich verlaufen, könnte bis Ende des Jahrzehnts ein Medikament auf Basis der neuen Wirkstoffe entstanden sein, hoffen die Max-Planck-Forscher.

Nach Angaben der Weltgesundheitsorganisation (WHO) ist Krebs nach Herz-Kreislaufkrankungen mit circa 7,6 Millionen Toten die zweithäufigste Todesursache weltweit und der Bedarf an wirksamen Medikamenten steigt. Die neuen Substanzen, an denen die drei Kooperationspartner forschen, zählen zur Familie der hochspezifischen Axl-Kinase-Inhibitoren. Am MPI für Biochemie in der Forschungsabteilung von Axel Ullrich untersuchen die Wissenschaftler Pjotr Knyazev und Robert Torka das Protein Axl-Kinase und seine Hemmstoffe schon seit mehr als zehn Jahren.

Die Axl-Kinase ist ein Rezeptorprotein, das in der Oberfläche von vielen Zelltypen vorkommt. Es erkennt spezielle Signalstoffe, die für das Überleben und Wandern von Zellen eine entscheidende Rolle spielen. Die Forscher konnten zeigen, dass sich weniger Metastasen bilden, wenn die Axl-Kinase inaktiviert wird. In vielen aggressiven Krebsarten ist die Axl-Kinase in zu großen Mengen vorhanden und somit überaktiv. Die Zellen werden dadurch ständig zum Wachstum oder zur Wanderung angeregt.

„Wenn wir die Axl-Kinase blockieren, dann können wir Krebszellen davon abhalten, zu wandern und

Damit die Axl-Kinase aktiviert und ihr Signal zum Zellkern weitergeleitet wird, muss außen ein Signalstoff (blau) und innen der Energieträger ATP (grün) binden. Die Inhibitoren (orange) verhindern eine Signalweiterleitung, weil sie die ATP-Bindestelle blockieren.
Bild: Axel Ullrich / © MPI für Biochemie



neue Metastasen zu bilden“, erklärt Robert Torka die Wirkung der neuen Substanzen. Der Punkt, an dem die Inhibitoren angreifen, liegt im Inneren der Zelle an der Axl-Kinase-Domäne. Nachdem außen der passende Signalstoff gebunden hat, muss innen zusätzlich ein Energieträger (ATP) am Rezeptor andocken, bevor das Signal an den Zellkern weitergeleitet wird. Die neuen Substanzen verhindern, dass ATP bindet, der Rezeptor aktiviert wird und das Signal zum Zellkern gelangt. Alle Axl-Kinase-abhängigen Abläufe werden so in der Krebszelle blockiert.

Bereits unterschiedliche Gruppen solcher Inhibitoren sind am MPI für Biochemie patentiert. Um die einzelnen Wirkstoffe noch besser gegen besonders aggressive, metastasierende Tumore einsetzen zu können, mussten chemische Varianten erzeugt werden. Diesen Teil der Kooperation übernahm das Unternehmen LDC. Sie veränderten die Substanzen so, dass sie beispielsweise besser löslich waren. Die Forscher des MPI für Biochemie testeten die Varianten dann an unterschiedlichen Krebszelllinien aus Lunge, Brust oder Bauchspeicheldrüse. Sie untersuchten die

Varianten zum Beispiel auf Verträglichkeit, Dosierung oder die Wirksamkeit in Kombination mit anderen Wirkstoffen.

Die Firma Quriert wird jetzt die getesteten Substanzen nach und nach in präklinische und klinische Studien einbringen, um sie später in Medikamenten verwenden zu können. Die Wissenschaftler vom MPI für Biochemie und LDC beteiligen sich in einer einjährigen Kollaborationsphase mit weiteren Tests und Experimenten, um die Wirkstoffe immer weiter zu optimieren. Danach bleiben die beiden noch mit einer beratenden Funktion am Entwicklungsprozess beteiligt. „Unser gemeinsames Ziel ist, dass Tumorthérapien selektiver werden und zielgerichteter auf Tumorzellen wirken. Die neuen Wirkstoffe sind ein Schritt in die richtige Richtung“, meint Pjotr Knyazev, Wissenschaftler in der Forschungsabteilung Molekularbiologie am MPI für Biochemie.

Molekularbiologie
www.biochem.mpg.de/ullrich

Preise und Ehrungen



Körper-Preis und Ernst Schering Preis

2012 war ein erfolgreiches Jahr für Matthias Mann, Direktor am MPI für Biochemie: Neben dem Leibniz- und dem Louis-Jeantet-Preis, erhielt der Proteomics-Forscher den Ernst-Schering- und den mit 750.000 Euro dotierten Körper-Preis. Die Körper-Stiftung ehrt mit ihrem Preis jährlich in Europa tätige Wissenschaftler für Forschungsarbeiten, die sich durch hohes Anwendungspotenzial auszeichnen. Als Manns größter Verdienst gilt, dass er das aus der Physik stammende Verfahren der Massenspektrometrie auf molekularbiologische Fragestellungen übertragen hat. Neben der technischen Weiterentwicklung der Methode, haben er und seine Kollegen auch bioinformatische Werkzeuge entworfen, welche die ungeheuren Datenmengen aus dem Massenspektrometer analysieren und auswerten können.



Shaw-Prize

Für seine Forschung zur Faltung von Proteinen wurde Franz-Ulrich Hartl, Direktor am MPI für Biochemie, gemeinsam mit Arthur L. Horwich (Yale Universität, USA) mit dem Shaw Prize in Life Science and Medicine 2012 ausgezeichnet. Hartl und Horwich haben als erste erkannt, dass nicht alle Proteine in der Lage sind, sich spontan und ohne Hilfe in Zellen zu falten. Sie fanden das Protein Chaperonin, das als zylindrisch geformtes Molekül mit Deckel andere Proteine in seinem Inneren von störenden äußeren Einflüssen abschirmt und so bei der Faltung unterstützt. Die Ehrung ist mit einem Preisgeld von einer Million US-Dollar (entspricht rund 795.000 Euro) verbunden und wurde am 17. September 2012 von der Shaw Prize Foundation in Hong Kong überreicht.

Preise und Ehrungen



EU-Fördergelder für Forscher an den Martinsrieder Max-Planck-Instituten

Der Europäische Forschungsrat (ERC) fördert exzellente Grundlagenforschung in Europa, um visionäre Projekte voranzutreiben und neue interdisziplinäre Wissensgebiete zu erschließen. Insgesamt sechs Direktoren der Martinsrieder Max-Planck-Institute konnten sich 2012 mit ihren Forschungsanträgen gegen zahlreiche Mitbewerber durchsetzen und bekamen EU-Fördergelder bewilligt. Der ERC Synergy Grant, die mit 13,9 Millionen Euro höchste Förderung der EU, ging an F.-Ulrich Hartl, Matthias Mann, Wolfgang Baumeister und Rüdiger Klein, die in einer sechsjährigen Kooperation den Ursachen von neurodegenerativen Krankheiten wie Alzheimer oder Parkinson auf den Grund gehen wollen. Mit zwei „ERC Advanced Grants“ unterstützt die EU auch die Forschungsvorhaben der beiden MPIB-Direktoren Reinhard Fässler und Elena Conti. Fässler erforscht in seiner Abteilung die Proteine Integrine, die bei zahlreichen wichtigen Prozessen wie Zellwanderung, Zellteilung oder bei der Blutgerinnung eine essentielle Rolle spielen. Elena Conti widmet sich dagegen der Qualitätskontrolle von RNA in der Zelle und entschlüsselt mit ihrer Abteilung die Strukturen vieler daran beteiligter Proteine. Erfolg hatten auch die drei Forschungsgruppenleiter Esben Lorentzen, Andreas Pichlmair und Frank Schnorrer vom MPI für Biochemie. Verteilt auf fünf Jahre erhalten sie mit den „ERC Starting Grants“ jeweils rund 1,5 Millionen Euro für ihre Projekte.

Gemeinsame Aktivitäten

Grundschüler als Forscher



Einen Tag in den Laborkittel schlüpfen und zwischen Mikroskopen und Reagenzgläsern echte Experimente machen. Das können nun auch Grundschüler im MaxLab, dem Schüler- und Besucherlabor der beiden Martinsrieder MPIs. Sinnesexperimente, Farbreaktionen mit Blaukraut und schockgefrorene Blätter wecken Begeisterung bei den Jungforschern. Über solch einen Forschertag im MaxLab freute sich auch die Klasse der beiden Gewinnerinnen des Grundschul-Malwettbewerbs zum Tag der offenen Tür mit dem Thema „Wie sieht eigentlich ein Forschungslabor aus?“

Berufspraktikum



Das Interesse an Praktikumsstellen für Schüler ist groß. Da eine optimale Betreuung im Labor sehr zeitintensiv und nur für einzelne Schüler möglich ist, haben die Martinsrieder MPIs ein Berufspraktikum entwickelt. Im Juli 2012 fand dieses einwöchige Praktikum erstmals im MaxLab statt. 16 Realschüler und Gymnasiasten bekamen einen möglichst realen Eindruck von der Arbeit in einem Forschungslabor und den Anforderungen einer Ausbildung in einem naturwissenschaftlichen Beruf. Im Vordergrund standen dabei praktische Laborarbeiten, aber auch der Austausch mit den auszubildenden Biologielaboranten, die das Praktikum maßgeblich mitgestaltet hatten.

Gemeinsame Aktivitäten

Ausbildung an den Martinsrieder Instituten



Grundlagenforschung bedeutet, dass Wissenschaftler Experimente an den Grenzen des bekannten Wissens durchführen und sich täglich mit völlig neuen Theorien und Methoden beschäftigen. Die Serviceeinrichtungen der Martinsrieder MPIs sorgen dafür, dass dies sowie der wissenschaftliche Alltag möglichst reibungslos funktionieren. Gleich sechs dieser Einrichtungen bieten jungen Menschen die Möglichkeit, einen Ausbildungsberuf zu erlernen. Von den Biologielaoranten bis hin zur Feinwerkmechanik arbeiten rund 30 Auszubildende in ihrem neuen Beruf – und das in einer abwechslungsreichen und spannenden Forschungsumgebung.

„Stadtradeln“



Die bundesweite Kampagne „Stadtradeln“ findet jährlich statt und soll das Fahrradfahren für den Klimaschutz fördern. Die Fahrrad-Teams zählen dabei über drei Wochen ihre geradelten Kilometer und treten gegen andere Teams aus der Region an. Auch die beiden Martinsrieder MPIs beteiligten sich bei der Gemeinde Planegg an der Aktion. Mit der beeindruckenden Bilanz von 3.893 km erreichten die 16 Radler des MPIB-Teams den dritten Platz. Auch die „Neurocyclers“, das Team des MPI für Neurobiologie, konnten sich erfolgreich gegen viele andere Teams durchsetzen und belegten den sechsten Platz. Insgesamt nahmen 24 Teams in Planegg teil, die in drei Wochen 36.877 km zurücklegten und so 5.310 kg CO₂ einsparten.