



Aus Alt mach Neu

Bakterien können aus Plastik und Pflanzen neue Wertstoffe schaffen – eine Chance für die biobasierte Kreislaufwirtschaft

FILIGRAN

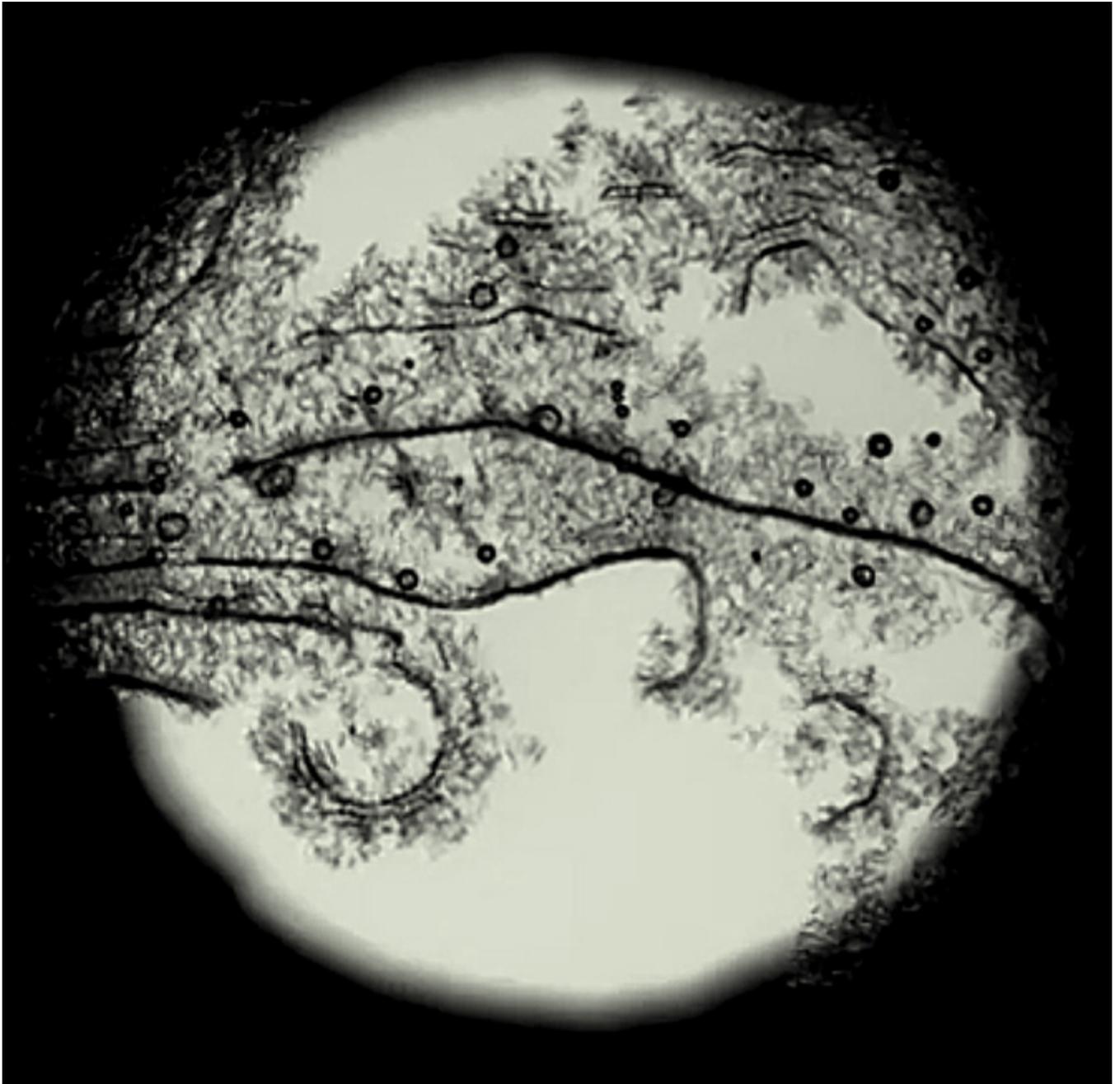
KI macht Hirnmodelle noch präziser

FROSTIG

Mit Eiseskälte Fehler in Proteinen finden

FLEXIBEL

Booster ermöglicht vielseitigen Superrechner



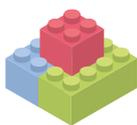
Aufquellen und sprengen

Eine Christbaumkugel? Ein neuer Planet? Beides falsch, die Aufnahme eines Lichtmikroskops zeigt Buchenholz, das durch eine ionische Flüssigkeit aufgesprengt wurde. Solche Salze, die sich unter 100 Grad Celsius verflüssigen, lassen Holz aufquellen und zerlegen es schonend. Das macht es einfacher, aus dem Holz wertvolle Bestandteile wie Zellulose und Lignin zu gewinnen. Diese könnten fossile Rohstoffe als Ausgangsmaterial für diverse Produkte ersetzen. Forschende aus Jülich und Aachen helfen, Verfahren mit solchen Flüssigkeiten zu optimieren, damit sie in der Industrie eingesetzt werden können.

Die Wirkung der Flüssigkeit im Video: fzj.de/ionische-fluide

NACHRICHTEN**5****TITELTHEMA****Appetit auf Abfall**

Mikroorganismen können helfen, aus Reststoffen nützliche Rohstoffe herzustellen. Biotechnologen wie Nick Wierckx nutzen das, um eine biobasierte Kreislaufwirtschaft aufzubauen.

8**FORSCHUNG****KI spielt Lego**

Forschende wollen KI Nanobauteile aus Molekülen herstellen lassen.

17**Dem Gehirn auf der Spur**

Ein verbessertes Hirnmodell soll auch kleinste Nervenzellen sichtbar machen – Interview mit Katrin Amunts.

18**Rechenpower für Spitzenforschung**

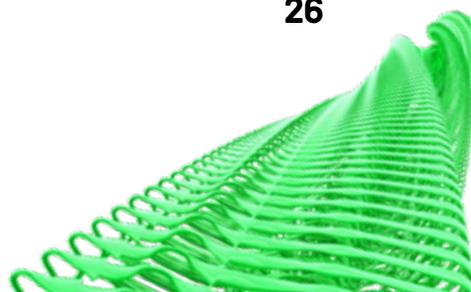
Supercomputer JUWELS ist aufgerüstet – und dadurch nicht nur schneller, sondern auch vielseitiger.

22**Zahlen schätzen, Folgen messen**

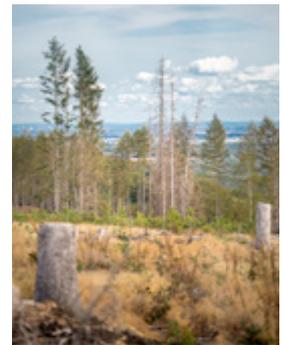
Jülicher Forschende verbessern Vorhersagen zur Corona-Ausbreitung und untersuchen Folgen des Shutdowns.

24**Richtig oder falsch gefaltet?**

In Eis gebettete Proteine verraten Zusammenhänge zwischen Alzheimer und Diabetes.

26**Hocheffizienter Laser für Siliziumchips**

Optische Datenübertragung in Computern rückt einen Schritt näher.

31**Sorgenkind Wald**

Anhaltende Trockenheit schadet vielen Baumarten und damit dem Klima.

32**RUBRIKEN****Aus der Redaktion****4****Impressum****4****Woran forschen Sie gerade?****21****Besserwissen****34****Gefällt uns****35****Forschung in einem Tweet****36**

Kleine Tierchen – großer Nutzen

Antoni van Leeuwenhoek war einer der ersten Menschen, der sie gesehen hat: winzige Lebewesen, die sich in Teichen, Pfützen und im menschlichen Speichel tummeln. Die kleinen vielgestaltigen Wesen, die er um 1675 mithilfe seines einzigartigen selbstgebauten Mikroskops entdeckt hatte, taufte er „dierken“ (niederländisch für Tierchen), im Englischen wurden daraus Animalcula. Seine Beobachtungen schickte der Hobbyforscher an die renommierte Royal Society in London. Die reagierte zunächst skeptisch. Eine Überprüfung bestätigte seine Entdeckung jedoch.

Heute heißen die Animalcula Mikroorganismen. Forschende beobachten längst nicht mehr nur die äußere Hülle, sondern auch Innenleben und Stoffwechsel der Winzlinge, etwa von Bakterien. Deren Fähigkeit, unter widrigsten Umständen zu wachsen, giftige Substanzen zu verdauen und mit geringem Energieaufwand Produkte herzustellen, macht sie hochinteressant – auch für die Industrie. Unsere Titelgeschichte zeigt, wie Jülicher Biotechnologinnen und Biotechnologen mit ihrer Hilfe eine biobasierte Kreislaufwirtschaft aufbauen wollen – indem Bakterien Plastik- und Pflanzenabfall als Nährstoffe nutzen und dabei neue Rohstoffe herstellen.

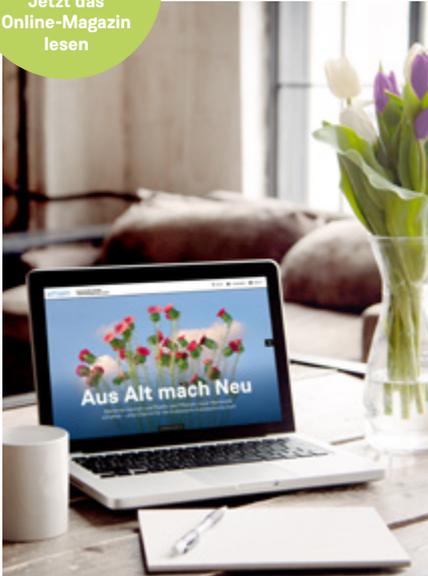
Lesen Sie außerdem, was schockgefrostete Moleküle über Alzheimer und Diabetes verraten können, wie Künstliche Intelligenz hilft, das Gehirn zu kartieren, und was das neueste Upgrade des Jülicher Superrechners verspricht.

Viel Spaß dabei

wünscht Ihre effzett-Redaktion

Noch mehr drin!

Jetzt das Online-Magazin lesen



↑ Die effzett können Sie auf allen Endgeräten lesen – vom Smartphone bis zum PC. Einfach online aufrufen: effzett.fz-juelich.de

Impressum

effzett Magazin des Forschungszentrums Jülich, ISSN 1433-7371

Herausgeber: Forschungszentrum Jülich GmbH, 52425 Jülich

Konzeption und Redaktion: Annette Stettien, Dr. Barbara Schunk, Christian Hohlfeld, Dr. Anne Rother (V.i.S.d.P.)

Autoren: Marcel Bülow, Dr. Janosch Deeg, Dr. Frank Frick, Christian Hohlfeld, Katja Lüers, Dr. Regine Panknin, Dr. Arndt Reuning, Tobias Schlößer, Dr. Barbara Schunk, Brigitte Stahl-Busse, Annette Stettien, Angela Wenzik, Erhard Zeiss, Peter Zekert.

Grafik und Layout: SeitenPlan GmbH, Dortmund

Bildnachweise: Forschungszentrum Jülich/Sascha Kreklau (3 li. o. und re., 7 li., 8 (Person), 16, 21, 22, 32–33); Forschungszentrum Jülich/Ralf-Uwe Limbach (3 Mitte o. und Mitte, 24, 27 u., 29, 30 u.); Forschungszentrum Jülich/Daniel Mann, Carsten Sachse (30 o.); Forschungszentrum Jülich/HHU Düsseldorf/Gunnar Schröder (3 Mitte u., 26, 27 o., 28); Amunts, Schiffer, Kiwitz, Dickscheid et al. (links: Wagstyl et al.) (20 (Gehirnbilder)); Mareen Fischinger (18); Diana Köhne (34 (Illustration)); Märkl, Dick, Häberle/TU München (6 li.); Jens Neubert (9–15 (alle Illustrationen)); Veronika Richterová, Roses (2007), Foto: Michal

Cihláf (Titel, 11); SeitenPlan (3 li. u., 17); Video-Screenshot. Gerard A. Vliegert et al.; DOI: 10.1126/sciadv.aaw9975 (CC-BY 4.0) (6 re.); Video-Screenshot. Viell, J. et al. DOI: 10.1007/s10570-020-03119-4 (CC-BY 4.0) (2); alle im Folgenden genannten Motive sind von Shutterstock.com: MOHAMED ABDULRAHEEM (8 (Hintergrund)); Kate Aedon (4 (Montage: SeitenPlan)); An-13-nA (35); Elena Elisseeva (13); Carmen Hauser (7 re.); Matteo Migliorati (25); NASA images (36); Orawan Pat-tarawimonchai (19); Pcess609 (10); spacezerocom (34 (Hintergrund)); DONOT6_STUDIO (5 o.); Bjoern Wylezich (5 u.)

Kontakt: Geschäftsbereich Unternehmenskommunikation, Tel.: 02461 61-4661, Fax: 02461 61-4666, E-Mail: info@fz-juelich.de

Druck: Schloemer Gruppe GmbH

Auflage: 3.000

Alle in der effzett verwendeten Bezeichnungen sind geschlechtsneutral zu verstehen. Auf eine Nennung verschiedener Varianten der Bezeichnungen wird allein aus Gründen der besseren Lesbarkeit verzichtet.



BIOWISSENSCHAFTEN

Eine Tasse Gesundheit

Weltweit werden pro Jahr 273 Milliarden Liter Tee konsumiert, Tendenz steigend. Ein deutsch-chinesisches Team mit Jülicher Beteiligung hat das Erbgut von mehr als 200 Sorten Tee analysiert. Dabei hat es herausgefunden, welche Genvarianten für die Produktion derjenigen Inhaltsstoffe verantwortlich sind, die als Gesundheitsmacher gelten. Vergleichend untersucht hatte es sowohl alte und wilde als auch gezüchtete Teepflanzen aus 16 Provinzen Chinas. Mit dem neuen Wissen lassen sich künftig gezielt besonders gesunde Sorten züchten.

- INSTITUT FÜR BIO- UND GEOWISSENSCHAFTEN -



MATERIALFORSCHUNG

Wie sich Platin auflöst

Platin gilt als sehr guter Katalysator für die Reduktion von Sauerstoff zu Wasser an der Kathode von Brennstoffzellen. Doch mit der Zeit lösen sich die Platinpartikel auf. Ein internationales Team mit Jülicher Beteiligung hat herausgefunden, wie sich bei diesem unerwünschten Prozess die Atome an der Platinoberfläche bewegen, anordnen oder sogar von ihr ablösen. Dieses Wissen kann helfen, die Stabilität des Katalysators zu erhöhen und so etwa den Wasserstoffantrieb von Fahrzeugen zu verbessern: beispielsweise durch den Einsatz von speziellen Zusatzstoffen, die die Atombewegungen unterdrücken.

- INSTITUT FÜR BIO- UND GEOWISSENSCHAFTEN -





MATERIALFORSCHUNG

Unerwartete Reaktion von Nanoteilchen

Magnetische Nanopartikel sind für Datenspeicher, Batterien und Anwendungen in der Medizin interessant. Doch sie verhalten sich anders als bisher angenommen: Unter dem Einfluss eines Magnetfeldes wächst der Kern eines Partikels, in dem die magnetischen Momente geordnet vorliegen. Dagegen wird der Oberflächenbereich, in dem magnetische Momente ungeordnet sind, dünner.

Diese Erkenntnisse sind für die gezielte Nutzung der Nanopartikel wichtig. Ein internationales Team, darunter auch Jülicher Forschende, hatte dazu spezielle Experimente mit Neutronenstreuung durchgeführt.

- JÜLICH CENTRE FOR NEUTRON SCIENCE -

BIOPHYSIK

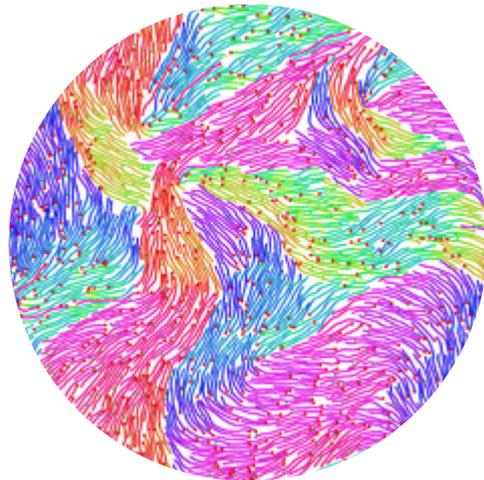
Immer in Bewegung

Das Skelett von Zellen ist ständig in Bewegung: Laufend bauen sich Elemente des Zellgerüsts ab oder auf oder organisieren sich neu. Jülicher Forschende haben Modelle und Techniken entwickelt, um diese dynamischen Prozesse am Computer zu simulieren. Dadurch wollen sie besser verstehen, was in der Zelle abläuft.

Die Erkenntnisse sollen helfen, sogenannte aktive Materialien zu entwickeln. Das sind Werkstoffe, die ihre Eigenschaften selbstständig an sich verändernde Umweltbedingungen anpassen.

Video im Web-Magazin: effzett.fz-juelich.de

- INSTITUT FÜR BIOLOGISCHE INFORMATIONSPROZESSE /
INSTITUTE FOR ADVANCED SIMULATION -



Den Defekten auf der Spur

Handelsübliche Lithium-Ionen-Akkus, etwa in Smartphones und Elektroautos, besitzen eine Anode aus Graphit. Theoretisch sollten Exemplare mit Silizium-Anoden um ein Vielfaches mehr Energie speichern können, doch in der Praxis machen sie nach kurzer Zeit schlapp. Jülicher Forschende haben nun eine Ursache dafür herausgefunden: Die zwei Schichten, die sich auf der Silizium-Anode bilden, sind nicht einheitlich. Dadurch entstehen beim Laden Risse und Defekte in der Anode. Diese Schichten sind nach Ansicht der Forscher ein erfolgversprechender Ansatzpunkt, um der raschen Batteriealterung entgegenzuwirken.

- INSTITUT FÜR ENERGIE- UND KLIMAFORSCHUNG -



MEDIZIN

Ausgezeichnet

Für die Entwicklung eines Alzheimer-Wirkstoffkandidaten haben Prof. Dieter Willbold und seine Teams in Jülich und Düsseldorf einen der drei „Innovationspreise der BioRegionen in Deutschland“ 2020 erhalten. Der patentierte Wirkstoffkandidat RD2 verfolgt einen neuen, sogenannten anti-prionischen Ansatz: Er zerlegt die Amyloid-beta-Oligomere, die eine entscheidende Rolle bei dem Krankheitsprozess spielen, und verhindert deren Neubildung. RD2 hat die erste von drei Phasen mit klinischen Studien, die für die Zulassung als Medikament notwendig sind, mittlerweile abgeschlossen.

- INSTITUT FÜR BIOLOGISCHE INFORMATIONSPROZESSE -

150

Millionen Euro

stellt die Europäische Kommission für die letzte Phase des Human Brain Projects (HBP) zur Verfügung. Im HBP erkunden Forschende aus 131 europäischen Institutionen die Funktionsweise des menschlichen Gehirns.

Die Erkenntnisse fließen zunehmend in Medizin, Technologien und Computing ein. Dazu beitragen soll der Ausbau der digitalen Forschungsplattform EBRAINS, die auch nach Ablauf des Projekts Ressourcen wie aktuelle Daten, Analysen und Hirnsimulationen bereitstellt (siehe auch Seite 18).

- INSTITUT FÜR NEUROWISSENSCHAFTEN
UND MEDIZIN -



BIOÖKONOMIE

Alternatives Heizmaterial

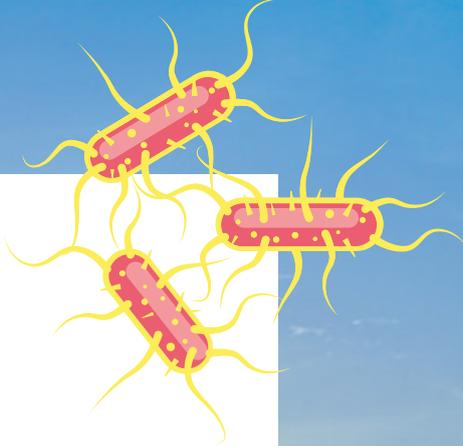
Die nordamerikanische Staudenpflanze *Sida hermaphrodita* hat großes Potenzial als Lieferant für Biomasse: Sie wächst auch auf schlechten Böden und entwickelt bis zu einem Drittel mehr Biomasse als Mais.

Für ihren Einsatz als Heizmaterial wären Pellets die ökologisch sinnvollste Form, wie Jülicher Forschende festgestellt haben. Sie haben außerdem herausgefunden, dass der Anbau von zwei Pflanzen pro Quadratmeter am wirtschaftlichsten wäre. Im Pilotprojekt Bioökonomie-REVIER ist geplant, die Pflanze testweise anzubauen und herauszufinden, ob sich die Biomasse beispielsweise auch für Isoliermaterial oder als Rohstofflieferant für Basischemikalien nutzen lässt.

- INSTITUT FÜR BIO- UND GEOWISSENSCHAFTEN -



← Mit Mikroorganismen und Enzymen gegen die Plastikflut: Nick Wierckx und sein Team möchten Plastikabfälle mithilfe von Bakterien abbauen. Dabei sollen neue Rohstoffe entstehen.


Appetit auf Abfall

Plastik vermüllt unsere Erde bis in den letzten Winkel. Winzige Lebewesen könnten dieses Problem beseitigen: Bakterien. Sie sollen künftig nicht nur diesen Müll abbauen, sondern daraus wertvolle Bausteine für umweltverträgliche Produkte gewinnen. Auch aus Pflanzenabfällen könnten sie nützliche Rohstoffe produzieren. Jülicher Biotechnologen wollen so eine biobasierte Kreislaufwirtschaft aufbauen.

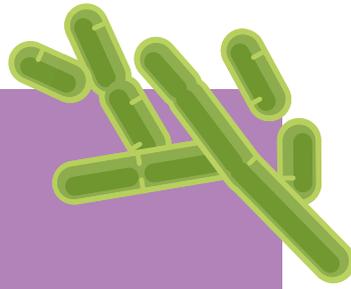
Als im Jahr 2016 japanische Forscher Bakterien entdeckten, die Plastikflaschen anknabbern, staunte selbst die Fachwelt. Galten die glatten künstlichen Oberflächen doch bis dahin als unverdaulich. Die weltweite Plastikmüll-Apokalypse, vom großen pazifischen Müllstrudel bis hin zum omnipräsenten Mikroplastik, werden die Mikroorganismen aus Japan vorerst jedoch nicht lösen. Sie arbeiten schlicht zu langsam. Jülicher Biotechnologen packen das Thema nun von zwei Seiten an: Sie züchten zum einen Bakterien, die den Plastikmüll schneller zersetzen und Reststoffe produzieren, aus denen sich Biokunststoffe herstellen lassen. Zum anderen trainieren sie Mikroorganismen, um aus Pflanzenabfall Grundbausteine für recycelfähigen Biokunststoff und andere Produkte zu gewinnen. Das Ziel der Jülicher Biotechnologie: eine biobasierte Kreislaufwirtschaft, die aus vermeintlich wertlosen Reststoffen wertvolle Rohstoffe gewinnt.

359 Millionen Tonnen Kunststoffe auf der Basis von Erdöl werden derzeit jährlich weltweit produziert, Tendenz steigend. Rund 80 Prozent davon sind kurzlebige Produkte wie Tüten, Flaschen, Folien oder Verpackungen. „Nur 14 Prozent davon werden wiederum weltweit gesammelt und nur 12 Prozent von diesem kleinen Anteil werden dann überhaupt recycelt, das sind nur 5 Millionen Tonnen“, erklärt Prof. Nick Wierckx vom Jülicher Institut für Biotechnologie (IBG-1). Deutschland zum Beispiel kommt laut Plastik-Atlas 2019 auf eine Recyclingquote von lediglich 15,6 Prozent. „Der Rest landet bei uns meist in Verbrennungsanlagen zur Erzeugung von Energie, in anderen Regionen der Erde jedoch oft auf schlecht gemanagten Mülldeponien oder im schlimmsten Fall einfach auf wilden Müllkippen in der Natur“, sagt der Biotechnologe.

Auch wenn in der EU ab Mitte 2021 Trinkhalme und anderes Einweggeschirr aus Plastik verboten sind, der Plastikabfall der vergangenen



Biotechnologie verbindet



Jülicher Forschende schauen tief in die Zellen hinein: Sie wollen verstehen, wie diese funktionieren, wo ihre besonderen Stärken liegen, wo ihre Schwächen. Dafür entschlüsseln sie die chemische, biologische und genetische Ausstattung der Mikroorganismen und ergründen ihren Stoffwechsel, um diesen für verschiedene Anwendungen neu auszurichten. „Dank solcher optimierten Mikroorganismen lassen sich aus pflanzlichen und industriellen Rest- und Rohstoffen höherwertige Produkte herstellen. Das macht deutlich: Die Biotechnologie ist ein entscheidendes Element, um eine echte Kreislaufwirtschaft im Sinne einer nachhaltigen Bioökonomie zu etablieren“, erklärt Prof. Wolfgang Wiechert, Direktor des Jülicher Instituts für Biotechnologie (IBG-1). Hierzu arbeiten die Forschenden seit über zehn Jahren eng vernetzt mit Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern aus den unterschiedlichsten Fachbereichen zusammen, sowohl international als auch im Bioeconomy Science Center, einem Verbund der RWTH Aachen, des Forschungszentrums Jülich und der Universitäten Düsseldorf und Bonn. Auch am Strukturwandel der Modellregion BioökonomieREVIER Rheinland sind sie beteiligt. „Dabei forschen wir an Fragestellungen, für die es noch keine Standardlösungen gibt“, betont Wiechert.

Jahrzehnte hat sich längst überall angesammelt: nicht nur in Form von deutlich sichtbarem Müll im Straßengraben und am Strand oder in riesigen Plastikstrudeln in den Ozeanen, sondern auch in Form von für das Auge unsichtbaren Fasern und Mikroteilchen. Diese stammen aus dem Abrieb von Kleidung und Autoreifen, zerfallenen Verpackungen oder Kosmetikprodukten. Sie sind teilweise so winzig, dass sie vom Wind verweht werden und mit dem Regen vom Himmel fallen.

Forschende finden die fein zerriebenen Kunststoffe im Schnee von den Alpen bis hin zur Arktis, in Flüssen und Seen sowieso, sogar in der Gischt von Meerwasser, im Grund- und Leitungswasser oder in der Bodenkrume von Ackerflächen. Selbst im deutschen Bier wurden sie fündig. Somit ist es nicht verwunderlich, dass die Plastikrückstände auch in der Atemluft und den Nahrungsketten landen. Sie werden mit Krebs, entzündlichen Prozessen und hormonellen Störungen in Verbindung gebracht.

Prof. Wierckx und seine Kolleginnen und Kollegen haben zweierlei vor: Zunächst möchten sie dem Plastik-Müllberg mithilfe von Enzymen und Bakterien zu Leibe rücken und ihn umweltschonend abbauen. Aus den Einzelbausteinen, die

beim Abbau entstehen, wollen sie dann neuen, biobasierten Kunststoff herstellen. Inspiriert wurden sie unter anderem von dem Bakterium, das die japanischen Wissenschaftler vor vier Jahren entdeckten. *Ideonella sakaiensis* wurde unweit einer Recyclinganlage auf halb verrotteten PET-Flaschen gefunden. Das Bakterium heftet sich zunächst an den Kunststoff an und sondert Enzyme ab. Diese Enzyme trennen die langen Kettenmoleküle des PETs in ihre einzelnen Glieder auf. Das Bakterium verstoffwechselt diese Bruchstücke dann weiter, bis nur noch Wasser und Kohlenstoff übrig sind.

SCHNELLER UND EFFEKTIVER

„Leider arbeiten diese in Japan gefundenen Bakterien extrem langsam. Für einen nur wenige Zentimeter kleinen und dünnen Streifen Kunststoff brauchten die Bakterien über 60 Tage“, sagt Nick Wierckx. Dabei schwankt deren Leistung: Mal sind die Bakterien sehr fleißig, dann wieder nicht. Außerdem vermehrt sich *Ideonella* nur sehr langsam. Wierckx und sein Team setzen daher auf das Bakterium *Pseudomonas putida*. Zuerst wird das Plastik mithilfe von optimierten Enzymen bei hohen Temperaturen innerhalb von wenigen Tagen zersetzt. Danach wandelt das Bakterium die Plastiksuppe weiter um.

„*Pseudomonas putida* ist sehr robust und ein alter Bekannter, wenn es zum Beispiel darum geht, kontaminierte Böden zu säubern: Es überlebt selbst in einer Umgebung mit hohen Werten an Schad- und Giftstoffen“, erklärt der Experte. Gerade diese Eigenschaft ist wichtig, da die For-

8,3

Milliarden Tonnen

Plastik wurden in den vergangenen 70 Jahren weltweit produziert.



↑ Die Kräfte der Natur zerreiben Plastikabfälle in immer kleinere Bruchstücke, bis sie mit dem bloßen Auge nicht mehr zu erkennen sind.



KÜNSTLERISCHE ABFALLVERWERTUNG

Auch die tschechische Künstlerin Veronika Richterova nutzt Plastikmüll als Rohstoff: Seit 2004 erschafft sie aus PET-Flaschen Lampen, Skulpturen, Tiere und Pflanzen – so auch die Blumen auf unserem Titel. Inzwischen hat die Künstlerin Tausende Flaschen zu Objekten verarbeitet. Mehr Arbeiten von ihr sind zu sehen unter: www.veronikarichterova.com/en

schenden eine Abbaumethode entwickelt haben, bei der es auch für Mikroorganismen ungemütlich wird. Die Forschenden setzen das Bakterium nämlich nicht auf einzelne Plastikflaschen an, sondern lassen es in einer Brühe aus verschiedenen Kunststoffen wirken.

„In dieser Plastiksuppe haben spezielle Enzyme die verschiedenen Kunststoffe vorverdaut, das erleichtert unseren Bakterien die Arbeit. Das Verfahren haben wir zusammen mit Kollegen der RWTH Aachen und der Universität Leipzig entwickelt“, erläutert Nick Wierckx. Der Vorteil des Gemischs aus verschiedenen Kunststoffen: Der Plastikabfall muss nicht vorsortiert werden. „Die Bakterien bauen in der Suppe genau die Kunststoffe ab, für die ihre neue Enzymsausstattung geeignet ist. In unserem konkreten Fall die Plastiksorte PET, aber auch bioabbaubares Plastik wie PLA. Der Rest bleibt übrig und wird chemisch weiterverarbeitet“, so der Biotechnologe. Auf diese Weise zersetzen die Jülicher Labor-Bakterien innerhalb von nur vier Tagen Plastikschnipsel, die in der Natur nach 400 Jahren noch nicht zerfallen wären.

Das Ziel der Forschenden ist es, ihre Bakterien dazu zu bringen, möglichst viele verschiedene Plastiksarten zu verdauen, damit der Recyclingprozess möglichst effizient abläuft. Darüber

„Die Bakterien bauen in unserer Suppe Kunststoffe wie PET und bioabbaubares Plastik wie PLA ab.“

PROF. NICK WIERCKX,
INSTITUT FÜR BIO- UND GEOWISSENSCHAFTEN (IBG-1)

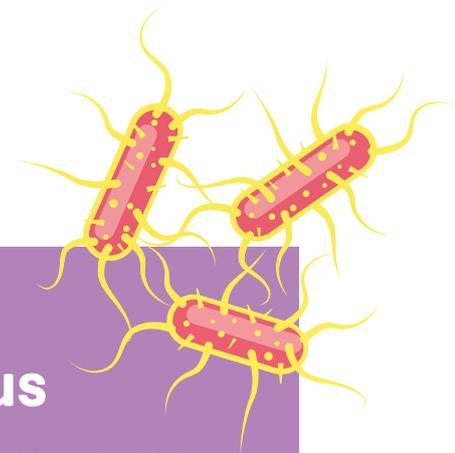
hinaus bringen die Jülicher Forschenden *Pseudomonas* auch dazu, aus der bunten Plastiksuppe wertvolle Chemikalien wie zum Beispiel aromatische Verbindungen zu synthetisieren. Aus diesen Aromaten lassen sich dann neue, umweltverträglichere Kunststoffe herstellen. So schließt sich der Kreis: von Plastikabfall zu neuen, umweltschonenden Materialien.

NEUE WEGE FINDEN

Die Jülicher Biotechnologen gehen dazu gemeinsam mit Arbeitsgruppen der Universität Düsseldorf mehrere Wege. Ein Pfad führt über Punktmutationen, winzige, gezielte Änderungen in der genetischen Information, damit die Bakterien noch andere hilfreiche Enzyme produzieren können. Ein anderer Weg ist das Nachbilden bereits bekannter Enzyme am Rechner, um ihre Interaktion mit den Plastikmolekülen bis ins Detail zu verstehen und durch Computersimulationen eine bessere – also effektivere – Variante

Multitalent Mikroorganismus

Bier brauen, Brot backen, Käse, Joghurt oder Kimchi herstellen, Medikamente und Pflanzenschutzmittel liefern, Verdauung anschieben – Mikroorganismen sind allgegenwärtige Helfer in uns und um uns herum. Ja, einige machen krank, andere hingegen helfen uns gesund zu bleiben oder wieder gesund zu werden. Bakterien, Mikroalgen und Hefen kommt darüber hinaus eine zentrale Rolle zu, wenn es darum geht, unsere Erde zu heilen: weg von fossilen Raubzügen und brutaler Ausbeutung der Natur, hin zu einer biobasierten Kreislaufwirtschaft. Um das ganze Potenzial der Natur auszuschöpfen, ohne sie zu schröpfen, geht kein Weg an den winzigen Tausendsassas vorbei. Denn ihre Fähigkeiten, selbst hartnäckigste Stoffe – vom massiven Holzstamm bis hin zu Plastikflaschen oder Ölresten – zu zersetzen und in Energie oder wiederverwertbare Rohstoffe umzuwandeln, sind Dreh- und Angelpunkt einer umweltschonenden Wirtschaft.



450

Jahre

dauert es, bis sich eine Verpackung, eine Flasche, ein Quarkbecher oder eine Tüte aus Plastik in der Natur zersetzt.

zu finden, die Kunststoffe zum Beispiel noch schneller abbaut. Die dritte Route ist, in Bakterien bisher unbekannte Enzyme zu finden, die zum Beispiel bei niedrigeren Temperaturen arbeiten, damit sie auch in Kläranlagen eingesetzt werden könnten. „Solche Kandidaten wollen wir mit Partnern im Projekt PlastiSea zum Beispiel im atlantischen Plastikstrudel finden“, sagt Doktorandin Rebecka Molitor vom Düsseldorfer Institut für Molekulare Enzymtechnologie. „So haben wir bereits entdeckt, dass Meeresbakterien der Sorte *Pseudomonas aestusnigiri* ebenfalls Kunststoffe verwerten“, fügt sie an.

Im Labor sind solche Salzwasserbakterien schwer zu halten, weil ihre Ansprüche an Temperatur und Umgebung zu komplex sind – aber ihre Enzyme nehmen die Forschenden in Jülich und Düsseldorf trotzdem unter die Lupe. So haben sie die genetische Information der Enzyme in vergleichsweise anspruchslose Bakterien übertragen. Mit den veränderten Bakterien lassen sich im Labor Polyester aus Beschichtungen von Textilien oder PET-Bausteine abbauen. Solche Kunststoffe umhüllen zum Beispiel Kunstfasern von wasser- oder winddichter Funktionskleidung. Nach jeder Wäsche finden sich Reste im Abwasser und schließlich in der Umwelt wieder.

„Das Projekt ist ein Paradebeispiel für völlig neuartige Wertschöpfungsketten, mit denen wir uns in Jülich beschäftigen.“

PROF. MICHAEL BOTT,
LEITER DES THEMENFELDS „SYSTEMISCHE
MIKROBIOLOGIE“ AM IBG-1

WERTSCHÖPFUNG MIT BAKTERIEN

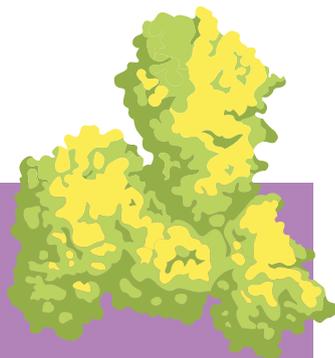
„Einem möglichen Einsatz solcher Mikroorganismen kommt in Klärwerken eine besonders wichtige Bedeutung zu“, sagt Wierckx, „denn bislang reichen die Filter in den Anlagen nicht aus, um die künstlichen Stoffe, Fasern und Mikropartikel komplett aus dem Abwasser zu entfernen.“ Noch besser wäre es, wenn die Textilfasern direkt biologisch produziert und biologisch abbaubar wären.

Darauf zielt ein neues Vorhaben, an dem die Jülicher Forschenden beteiligt sind. Im Projekt Glaukos, benannt nach einem griechischen Meeresgott, wollen sie biobasierte und biorecyclfähige Textilfasern entwickeln, die sich sowohl für Fischernetze als auch für Bekleidung eignen. Denn nicht nur der Abrieb von Funktionskleidung landet im Wasser und schließlich im Meer, sondern auch Fischernetze aus Kunstfasern. Solche Fasern und Netze machen immerhin 27 Prozent des Plastikabfalls in europäischen Gewässern aus.

Die neuartigen Netze und Textilien schonen die Umwelt zweifach: Sie verbrauchen keine fossilen Rohstoffe und verrotten auf natürliche Weise, ohne dabei Mikroplastik freizusetzen. „Das Projekt ist ein Paradebeispiel für völlig neuartige Wertschöpfungsketten, die nur mithilfe der Mikrobiologie möglich sind und mit denen wir uns in Jülich beschäftigen“, fasst Institutsdirektor Prof. Michael Bott zusammen.

Kleine Baumeister

Enzyme sind komplexe Eiweiße. Sie bauen in lebenden Organismen Moleküle wie Nähr- oder Schadstoffe auf, ab oder um, ohne selbst dabei verbraucht oder verändert zu werden. In der Regel ist es eine vielschichtige Kaskade von Enzymreaktionen, die einen Stoffwechselprozess erfolgreich ablaufen lässt. Deshalb macht sich die Biotechnologie bei komplizierten Prozessen – wie dem Ab- und Umbau von Plastik – Bakterien zunutze, die natürlicherweise oder per Gentransfer über die gewünschten Enzymkaskaden verfügen. Der Prozess läuft dann in der Regel im Inneren der Bakterien ab. Bei einfachen Prozessen genügen manchmal auch einzelne, isolierte Enzyme, etwa beim Wäschewaschen. Die Enzyme sind im Waschpulver enthalten und helfen, Flecken schon bei niedrigen Temperaturen zu entfernen.



Stroh zu Gold spinnen



Jülicher Forschende haben nicht nur Plastikmüll als Rohstoffquelle im Blick. Ein weiterer riesiger Berg ungenutzter Ressourcen sind Pflanzenabfälle. Sie machen rund 50 Prozent der weltweiten Ernten aus. Hierfür haben sich der Mikrobiologe Prof. Jan Marienhagen und der Bioverfahrenstechniker Dr.-Ing. Stephan Noack zusammengetan. Ihr Ziel ist es, wertvolle Biobausteine aus Pflanzenabfällen zu gewinnen, die üblicherweise geschreddert und untergepflügt oder verbrannt werden.

Beide möchten den Stoffwechsel von Bakterien bis ins Detail verstehen und ihn optimieren. Auf dieser Basis entwickeln sie dann industriell relevante Produktionsprozesse. Im Idealfall bedeutet dies: die struppigen Reste von ausgepresstem Zuckerrohr, die Bagasse, vorne rein und wertvolle Grundbausteine für Biokunststoffe, Medikamente, Lebensmittel- oder Zementzusätze hinten raus. „Bagasse, Stroh oder Holzabfälle haben den

Vorteil, dass sie von Natur aus abbaubar sind und dafür nicht extra Pflanzen angebaut werden müssen. Es werden also keine zusätzlichen Anbauflächen verschlungen, es gibt keine Konkurrenz zur Nahrungsmittelproduktion“, sagt Jan Marienhagen. „Pilze und Bakterien, welche die Zuckerbausteine dieser Pflanzenabfälle verstoffwechseln und in höherwertige Produkte umwandeln, sind jedoch für den Einsatz im Labor oftmals ungeeignet, da ihre Bedürfnisse zum Überleben meist sehr speziell sind“, fügt er an.

WERTVOLLES AUS ZUCKER

Das Bakterium *Caulobacter crescentus* ist einer dieser speziellen Genossen, der beispielsweise den Zucker Xylose verwerten kann. Xylose ist ein wesentlicher Baustein von Pflanzenzellwänden und macht bis zu 20 Prozent der Biomasse von Pflanzen aus, auch beim Zuckerrohr. Beim bakteriellen Abbau von Xylose entstehen Zwischenprodukte, die für die Industrie hochinteressant sind:

↑ Stroh, Holzabfälle oder Bagasse aus der Zuckerrohrherstellung sind für Biotechnologen eine Rohstoffquelle: Daraus lassen sich mithilfe von Bakterien Wertstoffe gewinnen.

Arbeiten im Bioreaktor

Bioreaktoren sind wie kleine Fabriken. Dort rackern aber keine Arbeiter an schweren Maschinen, sondern winzige Bakterien, die eine erstaunliche Vielfalt von Stoffen verwerten und produzieren. Um maximale Leistung zu erbringen, müssen sich die Winzlinge besonders wohlfühlen. Sie benötigen dazu spezielle Lebensbedingungen.

Nährstoffe

Viele Bakterien mögen Zucker, alle benötigen Spurenelemente und Vitamine. Die Nährstoffe müssen regelmäßig zugeführt werden.

Schaumbildung

Schaum entsteht zum Beispiel durch das Rühren. Er kann die Abluftfilter verstopfen und muss daher chemisch oder mechanisch zerstört werden.

Temperatur

Jedes Bakterium hat eine eigene Wohlfühltemperatur. Ist es zu warm, schädigt das die Bakterien, ist es zu kalt, sinkt der Stoffwechsel und damit die Produktivität.

Reaktorgrößen

in Litern

1-10

im Labor

10-300

Testanlage für die Industrie

500-1.500.000

industrielle Produktion

< 20.000.000

Abwasserbioreaktor

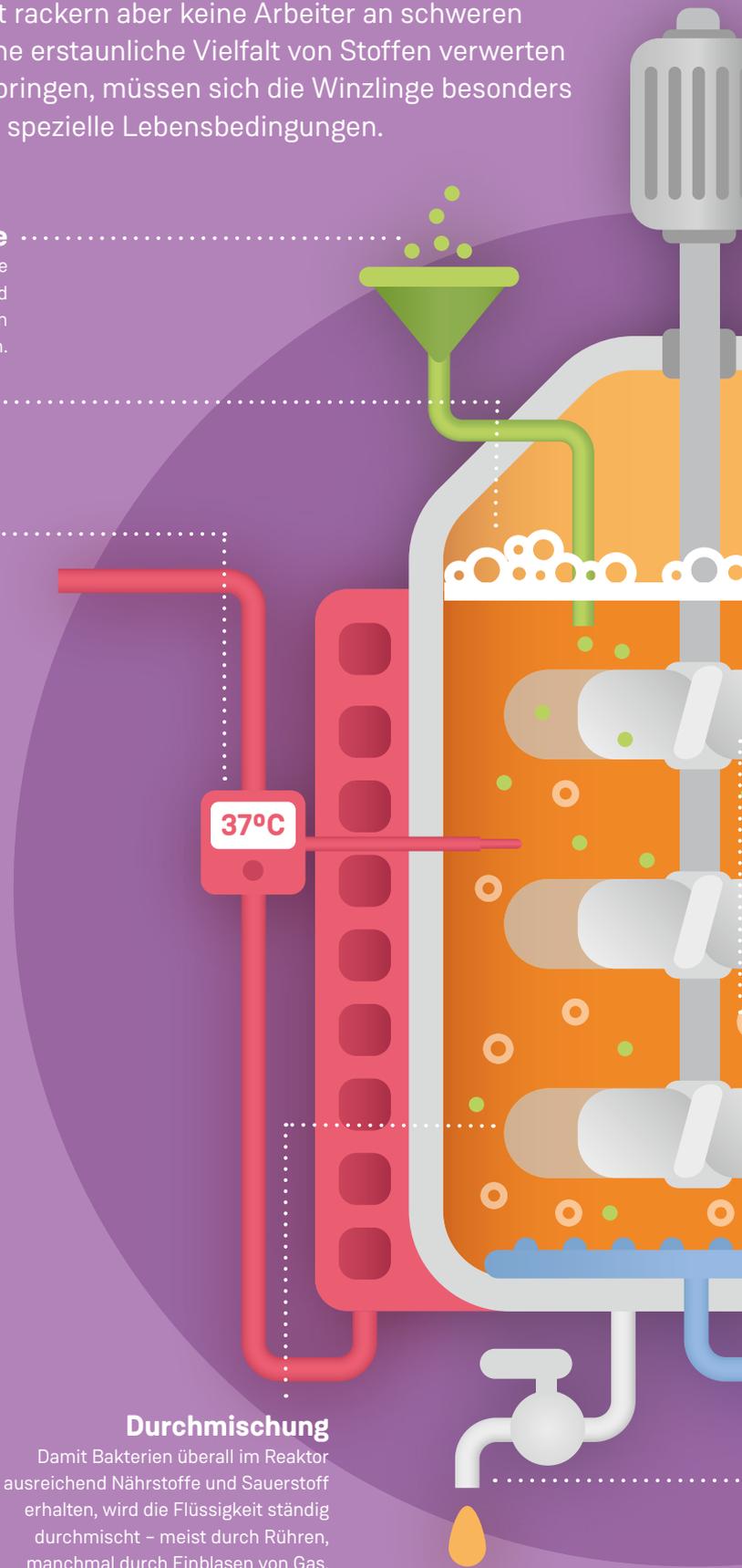
zum Vergleich:

≈ 2.500.000

olympisches Schwimmbecken

Durchmischung

Damit Bakterien überall im Reaktor ausreichend Nährstoffe und Sauerstoff erhalten, wird die Flüssigkeit ständig durchmischt – meist durch Rühren, manchmal durch Einblasen von Gas.



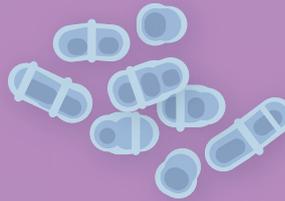
pH-Wert

Bakterien benötigen auch einen individuellen Wohlfühl-pH-Wert. Dazu wird der pH-Wert ständig gemessen und gegebenenfalls nachjustiert.

Bunte Belegschaft



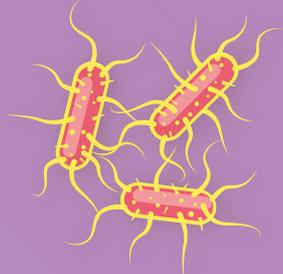
Forschung und Industrie züchten in Bioreaktoren unterschiedliche Bakterien für verschiedene Zwecke. Jülicher Forschende setzen unter anderem auf diese Arbeiter.



Corynebacterium glutamicum ist ein wichtiges Arbeitspferd der Forschung und der biotechnologischen Industrie. Mit seiner Hilfe werden jährlich mehrere Millionen Tonnen Aminosäuren für Infusionslösungen und Futtermittelzusätze hergestellt. Das Bakterium mag Glukose und Temperaturen um die 30 Grad Celsius und einen neutralen pH-Wert von 7. Und es hält mehrere Minuten ohne Sauerstoff aus, ohne dass seine Leistung nachlässt. Jülicher Forschende nutzen es, um aus Pflanzenabfällen den für die Industrie interessanten Rohstoff Xylonat herzustellen. Dazu haben sie ihm die Spezialfähigkeit eines anderen Bakteriums übertragen: *Caulobacter crescentus* (s. S. 13, Stroh zu Gold spinnen).

Pseudomonas putida

Ein Bodenbakterium, das sogar von Koffein leben kann. Begehrt sind bei Biotechnologen seine Fähigkeiten, erdölbasierte Moleküle zu knacken und so selbst schwierige Stoffe wie Polyurethan bakteriell zu recyceln. Aus diesem Stoff werden unter anderem Kaltschaummatratzen oder Sportschuhe hergestellt. In Jülich soll das Bakterium zum Beispiel helfen, PET abzubauen.



Escherichia coli

Ein Darmbakterium, das beim Menschen zum Beispiel für die Produktion von Vitamin K zuständig ist. Biotechnologen nutzen den Organismus, um Feinchemikalien, Enzyme oder Arzneistoffe, etwa Insulin, herzustellen. Auch Jülicher Forschende produzieren damit Enzyme, die zum Beispiel in der Wirkstoffherstellung als Biokatalysatoren eingesetzt werden können.

Sauerstoff

Zahlreiche Bakterien brauchen Sauerstoff zum Atmen; über eine Frischluftzufuhr wird der Sauerstoffgehalt geregelt.

Reaktormaterial

Meist Glas oder Stahl – das Material muss stabil und gut zu reinigen sein. Zwischen den Produktionen wird der Reaktor sterilisiert, damit dort nur die gewünschten Bakterien wachsen.

Ernten

Um an die gewünschten Stoffe zu kommen, wird über ein Ventil Flüssigkeit abgezapft, aus der die Stoffe herausgefiltert werden.



↑ Der Mikrobiologe Jan Marienhagen und der Ingenieur Stephan Noack arbeiten eng zusammen, wenn es darum geht, Bakterien fit für den industriellen Einsatz zu machen.

50

Prozent

der weltweiten Ernten werden zu Pflanzensabfällen.

D-Xylonat könnte zukünftig bei der Herstellung von Zement und Lebensmittelfarbstoffen eingesetzt werden, Succinat findet aktuell bereits Anwendung in der Produktion von Kunststoffen und Lösungsmitteln und α -Ketoglutarat ist ein begehrter Rohstoff für Nahrungsergänzungsmittel und Medikamente. Die Fähigkeiten von *Caulobacter crescentus* sind also gefragt. Das Bakterium hat jedoch die Eigenschaft, sich in feuchter Umgebung fast untrennbar an Oberflächen zu heften. „Für die Prozessentwicklung ist dieses Bakterium daher ein Albtraum“, sagt Stephan Noack, „es würde einfach alle Wände, Leitungen und die Sensorik unserer Laboranlagen besiedeln und verstopfen.“

Ein gutmütiges Labor-Arbeitspferd ist im Gegensatz dazu das robuste und anspruchslose Bodenbakterium *Corynebacterium glutamicum*. Seit über 60 Jahren erfreut es sich großer Beliebtheit in Forschung und Industrie. Mit seiner Hilfe produzieren Biotechnologie-Firmen Produkte im Wert von mehreren Milliarden Euro pro Jahr, zum Beispiel lebenswichtige Aminosäuren für Infusionslösungen oder als Zusatz für Futtermittel.

ÜBERRASCHUNGEN INKLUSIVE

Ein Gentransfer zwischen den beiden Bakterienarten könnte also die Lösung sein. Hierfür schauen sich die Forschenden zunächst einmal genau an, wie *Caulobacter crescentus* es schafft, den schwer verdaulichen Zucker Xylose zu knacken. Sie untersuchten sowohl die beteiligten Enzyme und zugehörigen Gene, die diese verschlüsseln,

als auch die Reihenfolge der fünf Reaktionsschritte, welche Xylose in Energie und weitere Stoffwechselprodukte umwandeln.

Erstaunlicherweise verfügt *Corynebacterium glutamicum* von Natur aus schon über drei dieser fünf Schritte, wie die Arbeitsgruppe um Jan Marienhagen feststellte. Zusätzlich überraschte das eigentlich sehr gut erforschte Bakterium die Wissenschaftler mit einem Bonus: Ein bisher unbekanntes Enzym, das den fünften und letzten Schritt in diesem Prozess beschleunigt. „Der Eingriff in den natürlichen Stoffwechsel konnte also wesentlich geringer ausfallen, um unserem *Corynebacterium* die Fähigkeiten von *Caulobacter* zu übertragen und dazu zu bringen, Xylose abzubauen“, beschreibt Marienhagen das Vorgehen. „Je weniger Eingriffe, desto geringer ist der Stress für die Zellen. Letztlich sollen sie sich im Bioreaktor wohlfühlen. Nur so erzielen wir später auch gute Ausbeuten der gewünschten Stoffe“, fügt Stephan Noack an.

Das Team testet zurzeit, ob sich die Produktivität von *Corynebacterium glutamicum* im Labor noch steigern lässt. Hierbei setzen die Forschenden nicht auf weitere Gentransfers, sondern auf gezielte Veränderungen der Laborbedingungen. Sie untersuchen etwa, ob sich ihr Arbeitspferd anpasst, wenn das Nährstoffangebot variiert. „Der bisherige Ertrag der begehrten Stoffe mit den so gezüchteten neuen Stämmen ist im Labormaßstab schon sehr vielversprechend“, freut sich Stephan Noack. Auch die Industrie ist interessiert und hat erste Proben des bakteriell hergestellten D-Xylonats angefordert, um seine Eignung für die Zementherstellung zu testen.

Zucker als Rohstoff könnte auch aus einer anderen Quelle kommen, nämlich der regionalen Nahrungsmittelindustrie. Das Projekt UpRePP des BioökonomieREVIERS Rheinland möchte zuckerhaltige Abfälle durch Bakterien zu Polymerbausteinen umsetzen, etwa um Bioplastik herzustellen. In dem Vorhaben kooperieren Jan Marienhagen, Stephan Noack und Nick Wierckx mit der RWTH Aachen. 2021 sollen erste Ergebnisse vorliegen.

TEXTE: BRIGITTE STAHL-BUSSE



Mehr zur Biotechnologie und Bioökonomie in Jülich im Blog: blogs.fz-juelich.de/biooekonomie

KI spielt Lego

Künstliche Intelligenz kann nicht nur Autos steuern oder große Datenmengen analysieren, sondern neuerdings auch gezielt einzelne Moleküle wie Legosteine greifen und kombinieren. Das eröffnet neue Möglichkeiten für die Nanotechnologie.

Eine winzige Metallnadel gleitet über die Oberfläche, angelt sich ein Molekül und setzt es an anderer Stelle wieder ab. Dann beginnt das Prozedere von vorne. „Wir arbeiten mit Molekülen wie mit Legobausteinen – und können so vergleichsweise schnell und günstig komplexe Strukturen im Nanobereich bauen“, beschreibt Stefan Tautz, Direktor des Peter Grünberg Instituts (PGI-3), was mit der neuen Entwicklung der Jülicher und Berliner Experten möglich ist. Die Wissenschaftler nutzen ein sogenanntes Rastertunnelmikroskop, das eigentlich dazu dient, atomare Details von Oberflächen abzubilden. Dazu misst die extrem feine Metallspitze winzige elektrische Ströme, die zwischen ihr und der Oberfläche fließen. Die dabei auftretenden Kräfte lassen sich aber auch nutzen, um einzelne Moleküle von der Oberfläche zu lösen und an anderer Stelle zu platzieren.

Aber: „Bisher steuerte ein Mensch die Spitze per Hand“, sagt Tautz. „Das geschieht eher intuitiv.“ Da aber im Mikrokosmos andere Gesetze gelten als in unserer Alltagsumgebung – die Schwerkraft spielt zum Beispiel keine Rolle –, macht der Mensch leicht Fehler. Die Wissenschaftler setzen daher auf künstliche Intelligenz (KI): Sie wird nicht durch Vorkenntnisse beeinflusst und lernt stoisch, welche Kräfte zwischen Molekül und Metallspitze wirken und wie sich Moleküle am besten bewegen lassen. „Zielführende Aktionen der KI werden vom System belohnt“, erklärt Christian Wagner, Leiter der ERC-Arbeitsgruppe Molekülmanipulation am Forschungszentrum Jülich. Auf diese Weise wird die KI immer besser. „Allerdings braucht sie dazu sehr viele Wiederholungen unter stets gleichen Bedingungen“, sagt Wagner. Im Nanobereich ist das aber kaum möglich, da sich die Voraussetzungen ständig ändern. Sobald die Atome und Moleküle ihre Anordnung verändern, wirken nämlich andere Kräfte. „Das ist gewissermaßen so, als ob beim Legobauen dauernd die Schwerkraft schwankt“, vergleicht Wagner. Aus diesem Grund ließen die Forscher die KI zusätzlich etwas über die Umgebung lernen, in der ein Molekül bewegt wird. Mit diesem Wissen konnte die KI im Virtuellen trainieren, was den Lernprozess enorm beschleunigte.

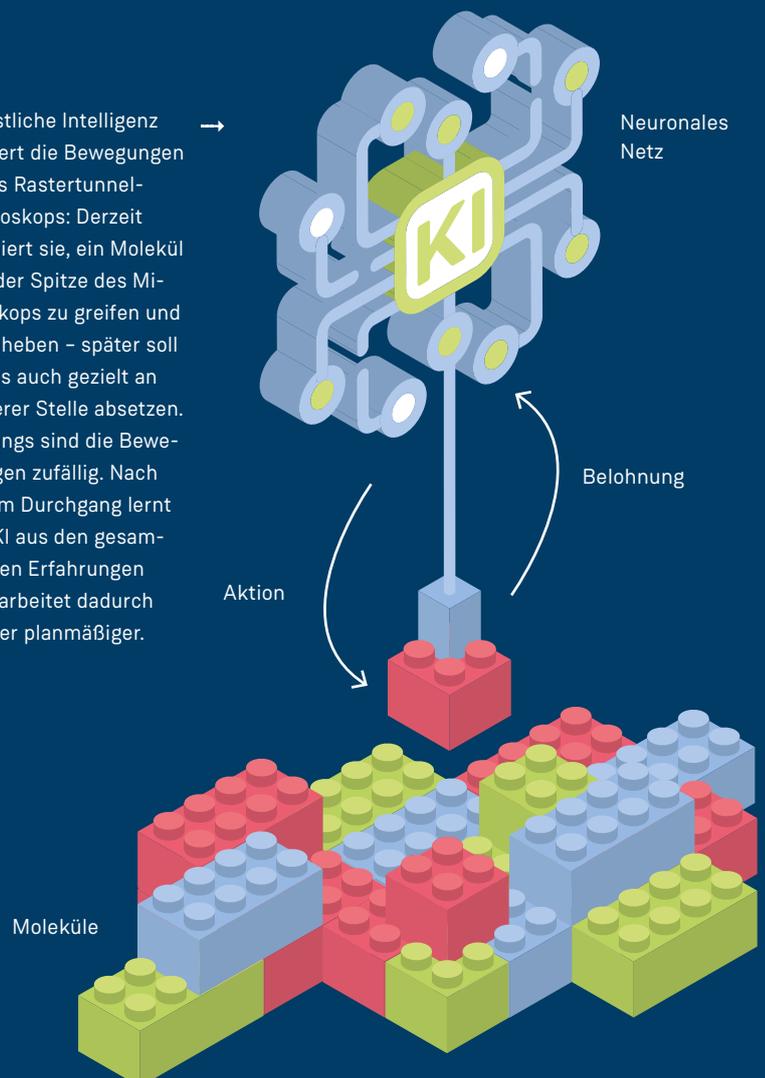


Die KI übt, ein einzelnes Molekül aus einer Schicht von Molekülen zu entfernen (Animation): fzj.de/nanolego

Eine mögliche Anwendung ihrer Erfindung sehen die Forscher in der Herstellung von Prototypen, wie man es vom 3D-Druck kennt – nur mit viel mehr Möglichkeiten: „Moleküle gibt es in einer fast endlosen Vielfalt“, schwärmt Tautz. „Es lässt sich noch gar nicht erahnen, was sich mit der neuen Methode alles auf Nanoebene konstruieren lässt.“ Naheliegend seien etwa Quantenbauteile oder innovative Werkstoffe.

JANOSCH DEEG

Künstliche Intelligenz steuert die Bewegungen eines Rastertunnelmikroskops: Derzeit trainiert sie, ein Molekül mit der Spitze des Mikroskops zu greifen und abzuheben – später soll sie es auch gezielt an anderer Stelle absetzen. Anfangs sind die Bewegungen zufällig. Nach jedem Durchgang lernt die KI aus den gesammelten Erfahrungen und arbeitet dadurch immer planmäßiger.



Dem Gehirn auf der Spur

Sie heißen BigBrain, Julich-Brain oder EBRAINS – der Laie verliert da schnell den Überblick. Doch all diese Projekte greifen ineinander für ein gemeinsames Ziel: das Gehirn entschlüsseln. Mit HIBALL, einer deutsch-kanadischen Forschungskooperation, gesellt sich nun ein weiteres Puzzleteil dazu.

Als die Jülicher Neurowissenschaftlerin Prof. Katrin Amunts 2003 mit ihrem kanadischen Kollegen Prof. Alan Evans beschloss, von einem menschlichen Gehirn Tausende histologische Schnitte anzufertigen, zu färben und zu digitalisieren, war völlig unklar, ob man dieses Gehirn jemals am Rechner rekonstruieren kann. Zu jenem Zeitpunkt gab es noch keine technischen Möglichkeiten, die Datenflut zu bewältigen.

Doch die Forscher ließen sich nicht entmutigen und machten sich auf den Weg – mit Erfolg: das BigBrain wurde 2013 veröffentlicht. Heute setzen Wissenschaftler das 20-Mikrometer-Modell als Referenzgehirn ein. Es bietet einzigartige neuroanatomische Einsichten und die Möglichkeit, Hypothesen zu überprüfen. Die Forschungskooperation HIBALL, Helmholtz International BigBrain Analytics & Learning Laboratory, geht einen Schritt weiter und will ein Hirnmodell mit einer Genauigkeit von einem Mikrometer, also einem Tausendstel Millimeter, entwickeln – eines von mehreren Projekten, die in HIBALL gemeinsam angegangen werden.

Mehr als 40 Wissenschaftler arbeiten in der Kooperation an einem Hirnatlas auf zellulärer Auflösungsstufe. Sie verzahnen künstliche Intelligenz, Supercomputing und Neurowissenschaften. Die Ergebnisse aus HIBALL werden in das Human Brain Project (HBP), das europäische Forschungsflaggschiff zum menschlichen Gehirn, einfließen; Katrin Amunts ist seit 2016 Wissenschaftliche Leiterin des HBP.



↑ Die Expertin für den Atlas des Gehirns: Katrin Amunts. In HIBALL möchte die Jülicher Neurowissenschaftlerin und Wissenschaftliche Leiterin des Human Brain Projects neuroinspirierte KI und Hirnforschung zusammenbringen.

Frau Amunts, hätten Sie in Studienzeiten gedacht, dass Sie sich eines Tages in die Hirnwelt „reinzoomen“ können?

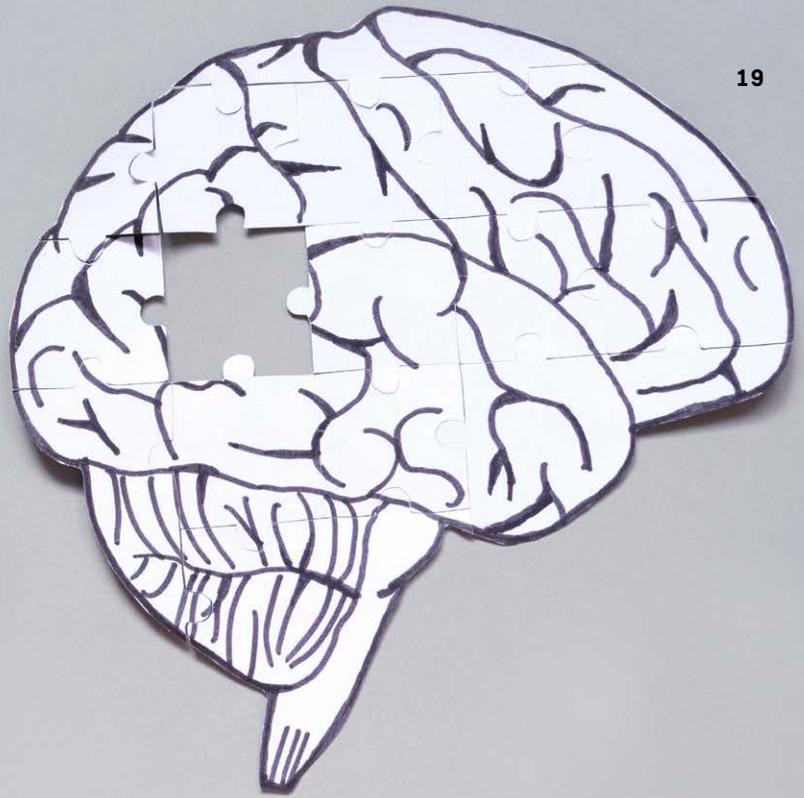
In der Tat gab es einen unglaublichen Umbruch seit den Achtzigerjahren. Schon damals habe ich mich für Bildanalyse interessiert, um die Architektur des Nervengewebes und seine Funktionen besser zu verstehen. Wir hatten im Institut ein Bildanalyse-System der Firma Leitz, mit dem es möglich war, den Aufbau und die Struktur von Nervenzellen zu quantifizieren und statistisch zu beschreiben. Das schien mir zu jener Zeit der richtige Weg zu sein, um die Organisationsprinzipien des Hirns zu verstehen. Und diese Forschung prägte meinen weiteren Weg.

... und ließ das BigBrain entstehen ...

Ja. Als wir 2003 anfangen, histologische Schnitte für BigBrain anzufertigen, hatten wir noch keinen konkreten Plan, wie wir die 7.404 Bilder digitalisieren und dreidimensional rekonstruieren können. Es gab eine unendliche Menge an Einzelproblemen. Aber wir haben einfach darauf vertraut, dass wir eines Tages die technischen Voraussetzungen schaffen können. Und das war richtig! Die Zusammenarbeit mit unseren Partnern in Montreal, mit Alan Evans und dessen Team, hat zu einem Durchbruch geführt. Und jetzt sind wir – wenn wir in Richtung Ein-Mikrometer-Auflösung blicken – in einer ähnlichen Situation: Wir nähern uns dem verfeinerten Hirnmodell Schritt für Schritt.

Ein weiteres Teil ...

Im Forschungsvorhaben **HIBALL** wollen Experten aus Deutschland und Kanada einen dreidimensionalen Hirnatlas mit einer Genauigkeit von einem Mikrometer entwickeln. 40 Wissenschaftler verzahnen künstliche Intelligenz, Supercomputing und Neurowissenschaften. HIBALL verknüpft das europäische Human Brain Project mit der kanadischen Initiative „Healthy Brains for Healthy Lives“.



... im großen Puzzle

Das **Human Brain Project** (HBP) zählt zu den EU-Forschungs-Flaggschiffen. In dem Vorhaben arbeiten Forscher aus 131 Einrichtungen in Europa daran, Aufbau und Funktion des Gehirns zu verstehen. Sie verknüpfen dazu die Expertise aus den Neurowissenschaften mit digitalen Techniken, entwickeln neue Methoden und bauen eine frei verfügbare digitale Infrastruktur (EBRAINS) auf. Ins HBP fließen auch die Daten des Hirnatlas Julich-Brain und das Referenzgehirn BigBrain ein.

Julich-Brain heißt der erste 3D-Atlas des menschlichen Gehirns, der die Variabilität der Gehirnstruktur mit mikroskopischer Auflösung abbildet. Über 24.000 Hirnschnitte haben Forscher digitalisiert, in 3D zusammengesetzt und kartiert. Als Teil der EBRAINS-Infrastruktur dient der Atlas dazu, Daten zur Funktion mit der Struktur des Gehirns zu verknüpfen.

BigBrain ist eine 3D-Rekonstruktion eines einzigen menschlichen Gehirns aus über 7.400 einzelnen Gewebeschnitten mit einer Auflösung von 20 Mikrometern. Mit dem Modell ist es möglich, in allen drei Ebenen des Raums die komplizierte Struktur des Gehirns auf mikroskopischer Ebene zu sehen und zu verstehen. Auch BigBrain kann über EBRAINS genutzt werden.

Über die HBP-Infrastruktur **EBRAINS** bekommen Forschende aus aller Welt Zugriff auf Daten und Werkzeuge zur Analyse und Simulation des Gehirns. Beispielsweise können sie die Karten des Julich-Brain-Atlas nutzen oder KI-basierte Methoden einsetzen, um die Arbeitsteilung zwischen den Hirnarealen besser zu verstehen. EBRAINS wird auch nach Ende der zehnjährigen Laufzeit des HBP zur Verfügung stehen.

Sie arbeiten mit Evans schon seit den 1990er Jahren erfolgreich zusammen. Was macht für Sie das International Lab HIBALL so besonders?

Die Forschungskoooperation hebt die Zusammenarbeit auf eine neue Ebene. Wir haben nun auch Partner aus der KI und aus dem Supercomputing dabei, um das Hirnmodell BigBrain weiterzuentwickeln. Und wir erweitern die BigBrain Community durch neue Partner, die das Projekt mit ihren eigenen Forschungsideen bereichern.

In HIBALL wollen Sie ein Hirnmodell mit einer Genauigkeit von einem Tausendstel Millimeter schaffen. Warum?

Bei den 20 Mikrometern im BigBrain sieht man zwar die meisten Zellen, aber es gibt auch Zellen, die nur zehn Mikrometer groß sind, und die bleiben unscharf. Wir wollen deshalb auf die Ebene von einem Mikrometer innerhalb jedes Gewebeschnitts gehen. Das Ziel wird eine räumliche Auflösung von $1 \times 1 \times 1$ Mikrometer sein. Erst dann kann man die Zellen mit ihren verschiedenen



↑ Das BigBrain-Modell liefert dreidimensionale Karten des Gehirns mit einer Auflösung von 20 Mikrometern. HIBALL will mithilfe von KI und künstlichen neuronalen Netzen ein noch detaillierteres Modell des Gehirns und seiner Funktionen erstellen.

Formen und Fortsätzen genauer sehen. Das ist wichtig, um die Funktion der Zellen besser zu verstehen, und es lassen sich Verbindungen zu Hirnfunktionen und kognitiven Leistungen knüpfen. Am Ende soll ein verbessertes Referenzgehirn entstehen, das für viele Fragestellungen – beispielsweise aus der Medizin – die Basis bildet.

Diese extrem hohe Auflösung ist mit gigantischen Datenmengen verbunden. Wie wollen Sie diese Flut bewältigen?

Das ist eine große Herausforderung, die wir ohne die Kollegen im Jülich Supercomputing Centre um Thomas Lippert und Morris Riedel nicht bewältigen könnten. Bei einer räumlichen Auflösung von einem Mikrometer sprechen wir über mehrere Petabyte pro Gehirn. Diese Datenmenge lässt sich nur handhaben, wenn völlig neue Analysemethoden eingesetzt werden, die beispielsweise mit tiefen neuronalen Netzwerken oder maschinellem Lernen arbeiten, sowie moderne Speicher- und Kommunikationstechnologien und leistungsstarke Computer. Wir wollen darüber hinaus Netzwerke von Nervenzellen im menschlichen Gehirn analysieren und neue Netzwerkmodelle entwickeln. Daraus sollte sich dann ableiten lassen, wie sich die Funktion künstlicher neuronaler Netze verbessern lässt.



Das komplette Interview finden Sie hier: fzj.de/hiball



... also eine Win-win-Situation für Neurowissenschaftler und KI-Experten?

Ja, auf der einen Seite profitieren die KI- und Computing-Forscher von hochaufgelösten Hirnmodellen und den damit verbundenen Kenntnissen und Modellen von neuronalen Netzen und andererseits wir Neurowissenschaftler von KI und dem Computing. Klar ist auch: Wir können die Datenflut ohne die modernen Verfahren nicht mehr rechnen und analysieren.

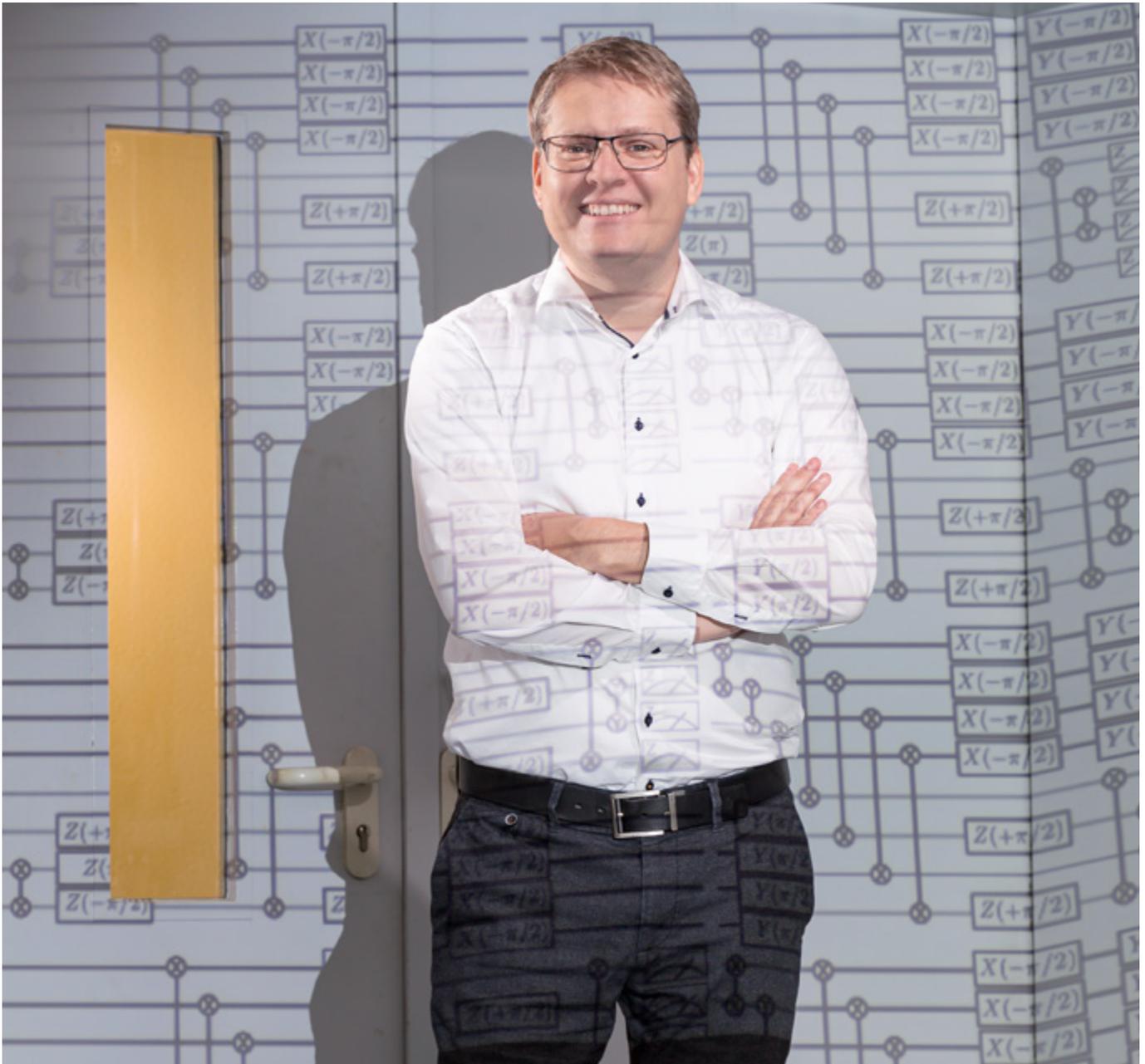
Ist KI der Schlüssel, um das Gehirn eines Tages zu verstehen?

In HIBALL setzen wir auf Machine- und Deep Learning-Verfahren, die beide zur KI zählen. Und ohne die würde das Projekt nicht funktionieren, denn sie ergänzen in vielen Bereichen die klassischen Bildanalysemethoden. Künstliche neuronale Netze sind beispielsweise ausgesprochen hilfreich, um bestimmte Muster zu erkennen oder dreidimensionale Hirnmodelle zu rechnen. Insofern ist KI sehr wichtig, aber reicht allein nicht aus, um das Gehirn zu verstehen – dazu bedarf es eben auch des Know-hows der Neurowissenschaftler.

Welche Rolle spielt die Supercomputing-Expertise aus Jülich?

Wir geraten schnell mit der Größe unserer Hirndaten an Kapazitätsgrenzen, also braucht man Supercomputer, viel Speicherplatz und Experten vor Ort – das bietet Jülich. Unsere Forscher schaffen mit den kanadischen Kollegen eine Plattform, die die Welt verknüpft: Wissenschaftler aus allen Ländern sollen in Zukunft auf der HIBALL-Plattform gemeinsam an denselben Daten rechnen und forschen, sie austauschen, herunterladen oder hochladen.

DAS INTERVIEW FÜHRTE KATJA LÜERS



↑

Woran forschen Sie gerade, Herr Müller?

Prof. Markus Müller, Peter Grünberg Institut, PGI-2/IAS-3: Theoretische Nanoelektronik und RWTH Aachen, Institut für Quanteninformatik

„Ich arbeite daran, zu verstehen und zu steuern, wie Qubits in einem Quantencomputer verschaltet werden müssen. Die Qubits speichern die Informationen, sie sind allerdings noch anfällig für Fehler, da sie manchmal spontan ihren Zustand ändern oder sogar ganz verloren gehen können. Zusammen mit Kollegen habe ich ein Korrekturverfahren entwickelt, das fehlerhafte Qubits entdeckt und die in ihnen gespeicherte Information rettet – so eine Schutzfunktion ist essenziell für große robuste Quantencomputer der Zukunft.“

Rechenpower für Spitzenforschung

Der Jülicher Supercomputer JUWELS hat gleich mehrere Gänge hochgeschaltet. Durch die Inbetriebnahme des Booster-Moduls ist er Europas schnellster Rechner. Das ermöglicht komplexere Simulationen.

73

Billiarden Rechenoperationen pro Sekunde (73 Petaflop/s) kann der JUWELS-Booster ausführen, was etwa der Leistung von über 300.000 modernen PCs entspricht.

Dazu kommen die 12 Petaflop/s Rechenleistung des Clusters.

3 Fragen an ...

... Dr. Dorian Krause, Leiter der Abteilung Hochleistungscomputer-Systeme am Jülich Supercomputing Centre (JSC).

Herr Dr. Krause, wie profitiert die Wissenschaft vom neuen Booster des Jülich Wizard for European Leadership Science, kurz JUWELS?

Die enorme Leistung des Boosters erlaubt es, noch deutlich größere Probleme zu lösen, also anspruchsvollere Simulationen durchzuführen, als bisher. Simulationen sind ein Eckpfeiler der Forschung, egal ob es um Klima, Energie, Lebenswissenschaften, Umwelt, Materialien oder Technik geht. Sie werden immer komplexer und es fließen immer häufiger große Datenmengen ein oder fallen an. Außerdem werden die Methoden der künstlichen Intelligenz zunehmend wichtig. Das JUWELS-System ist dank seiner Cluster-Booster-Architektur, die aus Jülicher Forschungsarbeiten hervorging, für all diese vielfältigen Aufgaben sehr gut geeignet.

JUWELS gilt als Modell für den europäischen Exascale-Supercomputer, der mit einer mindestens zwölfmal größeren Rechenleistung als JUWELS 2023 in Betrieb gehen soll. Wieso?

JUWELS ist so aufgebaut, wie wir es auch von dem Exascale-Computer erwarten: Seine modulare Architektur, das Design seiner Rechenknoten, das Netzwerk, die Infrastruktur und die Kühlung lassen sich auf einen Exascale-Rechner übertragen, wobei Kosten und Energieaufwand vertretbar bleiben.

Sind digitale Supercomputer angesichts von Quantenrechnern oder von Rechnern, die nach dem Vorbild des menschlichen Gehirns arbeiten, nicht ein Auslaufmodell?

Nein, keineswegs. Quantencomputer und neuromorphe Computer sind Gegenstand der Forschung und werden immer stärker zu Forschungsinstrumenten eigener Art werden. Das modulare JUWELS-System ist vorbereitet, Quantencomputer zu integrieren, um so hybride Rechnungen zu ermöglichen.



Das Wasser der Erde im Computer

2018 ging in Deutschland als „Dürrejahr“ in die Geschichte ein. Die Auswirkungen waren in vielen Bereichen zu spüren: Ernteausfälle, Baumsterben, Einschränkungen in der Trinkwasserversorgung und niedrige Pegelstände in den Flüssen, was den Transport von Diesel und anderen Rohstoffen behinderte. Mit einem einzigartigen Computermodell namens Terrestrial System Modeling Platform (TSMP) können Forscher unter anderem prognostizieren, in welcher Zeit und bei welchen Niederschlagsmengen sich die Wasserressourcen von solchen Dürreperioden erholen.

„Unsere Simulationen mit der TSMP brauchen enorme Rechenleistungen, insbesondere wenn es um hohe Auflösung geht: Bis jetzt ist es beispielsweise nicht möglich, solche wertvollen Prognosen über Wasserressourcen individuell für jede landwirtschaftliche Parzelle über ganz Deutschland zu erzeugen – inklusive einer Schätzung, wie unsicher die jeweilige Prognose ist. Mit der neuen Rechenperformance des JUWELS-System wird sich das wohl ändern“, erläutert der Jülicher Agrosphärenforscher Prof. Stefan Kollet.

Genau genommen handelt es sich bei TSMP um mehrere miteinander gekoppelte Computermodelle, die gemeinsam den gesamten Wasserkreislauf in und über Landmassen vom Grundwasser bis hin zur oberen Schicht der Atmosphäre erfassen. Eines dieser Modelle, ParFlow, profitiert besonders vom neuen JUWEL-Booster. ParFlow kann Oberflächen-, Erd- und Grundwasserbewegungen simulieren und dabei menschliche Einflüsse wie Grundwasserförderung oder Bewässerung berücksichtigen. „Mit dem Booster-Modul werden wir erstmals ParFlow-Simulationen für Deutschland und Europa mit der erforderlichen feinen Auflösung beispielsweise von einzelnen Hängen oder Flusskorridoren durchführen können“, so Kollet. ParFlow ist so aufgebaut, dass es auf Grafikprozessoren (GPUs) lauffähig gemacht wurde. Das heißt, das Programm beinhaltet viele rechenintensive Aufgaben, die sich gut in Rechenschritten aufteilen und dann parallel auf den GPUs bearbeiten lassen.

Genau das ist die Stärke des neuen Booster-Moduls: Dank der mehr als 3.700 GPUs in seinen 936 geschickt verknüpften Rechenknoten kann er seine gewaltige Rechenleistung energieeffizient erbringen.

Anders als ParFlow ist das Atmosphärenmodell, das in der TSMP-Plattform verwendet wird, nicht für die GPU-basierte Architektur des Boosters parallelisiert. Dazu müsste eine andere Version des Atmosphärenmodells in TSMP gekoppelt werden, was sehr viel Zeit bräuchte. Daher wird die jetzige Version des Modells auch künftig auf dem JUWELS-Cluster mit seinen herkömmlichen Prozessoren gerechnet werden. Was aber kein Nachteil ist: „Gerade für verschiedene Anforderungen, wie bei den unterschiedlichen Teilmodellen von TSMP, bietet das JUWELS-System mit seiner modularen Cluster-Booster-Architektur die perfekten Voraussetzungen“, sagt Kollet.

Auch in anderen Wissenschaftsbereichen lassen sich Cluster und Booster gemeinsam nutzen – je nach Anforderung in unterschiedlichem Ausmaß. „Die Modularität des JUWELS-Systems ist unsere Antwort auf die zunehmend komplexeren und vielfältigeren Anforderungen der Anwendungscodes an die Supercomputer. Sie passt perfekt zu unserem Anliegen, Rechnerressourcen der europäischen Spitzenklasse für ein breites Spektrum an Anwendungen und Forschungsbereichen anzubieten“, sagt der Leiter des JSC, Prof. Thomas Lippert.

FRANK FRICK



↑ Mithilfe von JUWELS will Stefan Kollet genauere Prognosen der Wasserressourcen von Wäldern und anderen Landschaften erstellen.

Mehr zum Supercomputer JUWELS unter: fzj.de/juwels

← Experte für Supercomputer: Dorian Krause

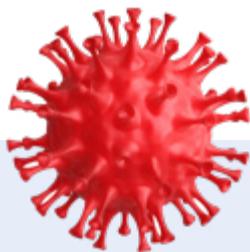
Zahlen schätzen, Folgen messen

Corona ist nicht vorbei. Solange es keinen Impfstoff gibt, der in ausreichender Menge zur Verfügung steht, wird das Virus weiterhin unser Leben beeinträchtigen. Jülicher Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler erforschen indessen, wie sich die Einschränkungen des Alltags auf die Umwelt auswirken, und verbessern Vorhersagen zur Ausbreitung des Virus.



Ballon sammelt Klimadaten

Die Gelegenheit beim Schopf packten Jülicher Klimaforscher. Sie starteten umfangreiche Messkampagnen, um die Änderung der Luftqualität während des Shutdowns im Frühjahr und auch in der Zeit danach zu dokumentieren. Zwei Wetterballons, bestückt mit Jülicher Instrumenten, stiegen bis in Höhen von 29 Kilometern auf. Für die bodennahen Messungen zwischen 200 und 1.000 Meter Höhe kam ein mit Jülicher High-tech ausgerüsteter Zeppelin NT zum Einsatz sowie das Jülicher Messfahrzeug MobiLab, das am Boden Vergleichsproben sammelte. Die Kampagnen erfassten Werte zu einer Vielzahl von Spurengasen sowie Kohlenmonoxid, Stickoxide, CO₂, FCKW, Methan, Wasserdampf, Ozon und den Feinstaubgehalt der unterschiedlichen Luftschichten. Erste Ergebnisse zeigen, dass der Shutdown keinen großen Einfluss auf den CO₂-Gehalt in der oberen Troposphäre und Stratosphäre in rund 15 Kilometer Höhe hatte. „Wir pumpen seit über 200 Jahren Milliarden Tonnen an Kohlendioxid in die Luft – da kann man nicht erwarten, dass das in ein paar Wochen deutlich weniger wird oder gar weg ist“, stellt Dr. Johannes Laube vom Institut für Energie- und Klimaforschung klar. Weitere Messungen und die Auswertung aller Daten laufen derzeit. Die Ergebnisse fließen in mehrere Klimamodelle ein, um Wissenslücken zu schließen und zum Beispiel die Auswirkungen einer durchgreifenden Verkehrswende auf die Luftqualität in verschiedenen Regionen vorherzusagen.



Tagesaktuelle Corona-Vorhersagen

Wie entwickeln sich die Infektionszahlen in meiner Region oder am geplanten innerdeutschen Reiseziel? Antworten liefern Ergebnisse eines Modells, die Neuroinformatiker der Universität Osnabrück und Datenspezialisten des Forschungszentrums Jülich bereitstellen. Das Modell berechnet auf Basis der Daten des Robert Koch-Instituts eine Fünf-Tages-Prognose für jeden Landkreis Deutschlands. Die Ergebnisse sind interaktiv im Internet aufrufbar. Das Modell bezieht auch Infektionsgeschehen aus Nachbarregionen mit ein, um die Dynamik der Ausbreitung besser bewerten zu können.

Zur landkreisbezogenen Corona-Vorhersage:
covid19-bayesian.fz-juelich.de



8,3

Prozent

mehr Strom: Photovoltaikanlagen im indischen Delhi haben zu Beginn der Corona-Krise im März 2020 deutliche mehr Ertrag erzielt, als sonst zu dieser Jahreszeit üblich. Durch den Rückgang der menschengemachten Luftverschmutzung infolge des Corona-Lockdowns konnte mehr Sonnenlicht zu den Photovoltaikanlagen durchdringen, stellten Wissenschaftler der Jülicher Außenstelle des Helmholtz-Instituts Erlangen-Nürnberg gemeinsam mit Partnern des Massachusetts Institute of Technology und des Solarunternehmens Cleantech Solar fest. Die Forscher hatten damit gerechnet, waren aber überrascht, wie deutlich der Effekt ausfiel.

TEXTE: BRIGITTE STAHL-BUSSE

3 Fragen an ...

... Laura Helleckes und Michael Osthege, Doktoranden am Institut für Bio- und Geowissenschaften (IBG-1). Die Biotechnologen helfen dabei, Schätzungen zum tagesaktuellen R-Wert für Deutschland und die USA bereitzustellen. Dieser Wert gibt an, wie viele Menschen eine infizierte Person in einer bestimmten Zeiteinheit im Mittel mit dem neuartigen Coronavirus ansteckt.

Wie kommt es, dass sich Biotechnologen mit dem R-Wert beschäftigen?

Laura Helleckes: In der Biotechnologie müssen Hunderte von automatisch ablaufenden Experimenten zum Wachstum von Bakterien zeitnah ausgewertet und in Modelle umgesetzt werden. Für die Statistikauswertungen entwickeln wir die nötigen Software-Werkzeuge. Dazu nutzen wir ein Open-Source-Modul namens PyMC3. Genau das verwenden auch die Macher der Webseite <https://rt.live> für ihre R-Wert-Schätzungen in den USA.

Und mit denen sind Sie dann in Kontakt gekommen?

Michael Osthege: Genau, rt.live hatte technische Schwierigkeiten und der Instagram-Gründer Kevin System, einer der Köpfe hinter rt.live, wandte sich an das Entwicklerteam von PyMC3. So wurden wir auf das Projekt aufmerksam und begannen unsere Expertise einzubringen.

Sind Wachstumsexperimente und R-Wert nicht zwei unterschiedliche Dinge?

Michael Osthege: Mathematisch gesehen gibt es keinen großen Unterschied bei der Auswertung solcher Daten. Unsere Erfahrungen zur Automatisierung dieser Art von Modellen ließen sich daher gut übertragen. Es stellte sich sogar heraus, dass wir uns für die Auswertung unserer eigenen Experimente ein paar Dinge vom [R_tlive](https://rt.live)-Modell abschauen konnten.

Laura Helleckes: Wir haben das Wissen dann auf deutsche Daten angewandt und zusätzlich die Webseite <https://rtlive.de> mit der täglichen Vorhersage des R-Werts für deutsche Bundesländer entwickelt.



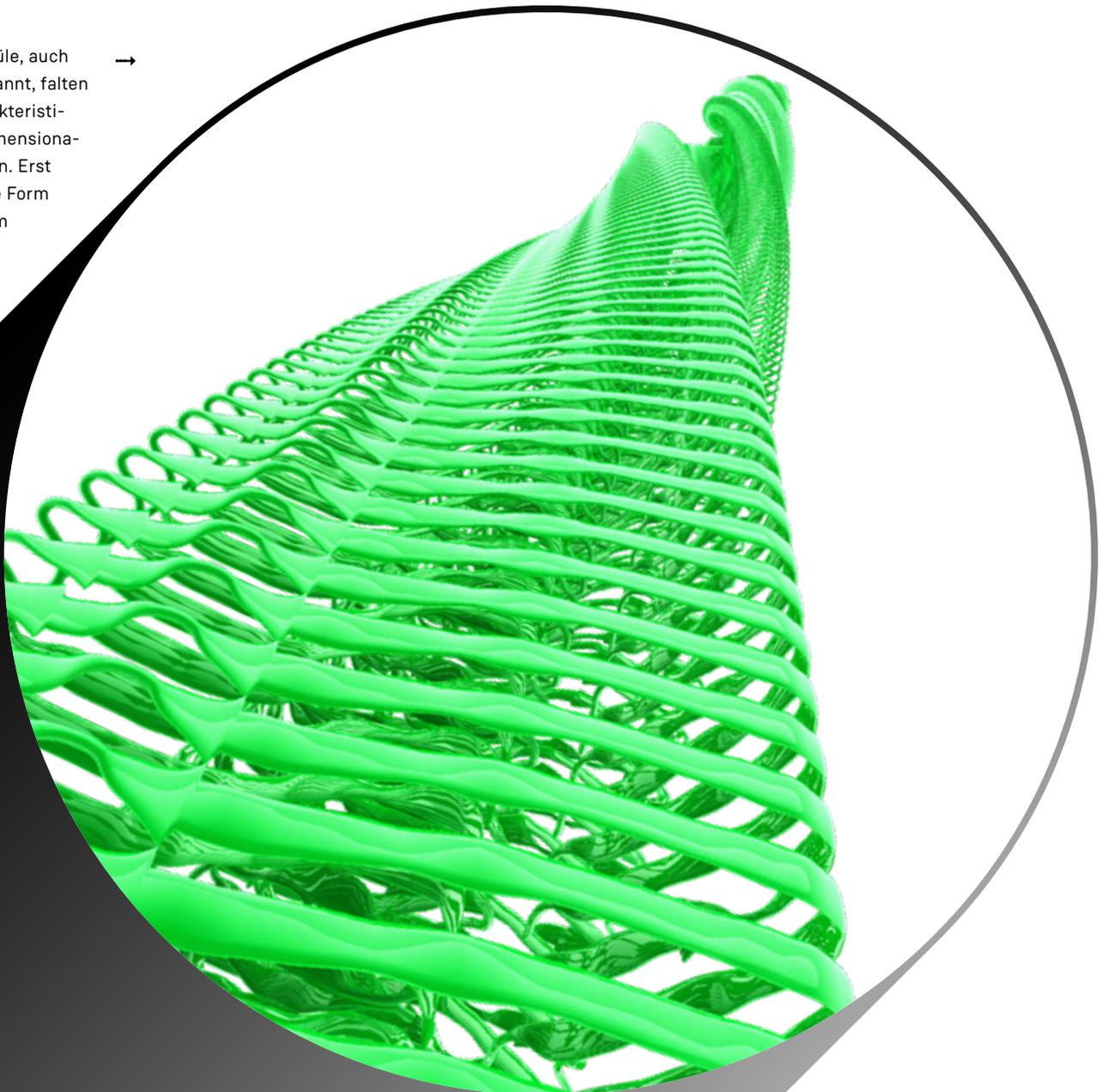
Das komplette Interview finden Sie hier:
fzj.de/r-wert-corona

Mehr zur Jülicher Corona-Forschung unter:
fz-juelich.de/corona

Richtig oder falsch gefaltet?

Ohne Proteine läuft nichts im menschlichen Körper. Doch die molekularen Maschinen können auch außer Kontrolle geraten und Schaden anrichten – etwa bei Alzheimer oder Diabetes. Mit einem speziellen Elektronenmikroskop sind Forscher den Ursachen dafür auf der Spur.

Eiweißmoleküle, auch Proteine genannt, falten sich zu charakteristischen dreidimensionalen Strukturen. Erst die räumliche Form verleiht einem Protein seine Funktion.



„Proteine sind die molekularen Maschinen alles Lebendigen“, schwärmt Prof. Gunnar Schröder. „In jeder Zelle verrichtet ein ganzer Maschinenpark seine Arbeit.“ Am Jülicher Institut für Biologische Informationsprozesse (IBI-7) und der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf ist der Biophysiker den dreidimensionalen Bauplänen der Eiweißverbindungen auf der Spur. Baustein für Baustein enthüllt er die filigranen Gebilde. Denn die Struktur eines Proteins ist der Schlüssel zu seiner Funktionsweise im Körper.

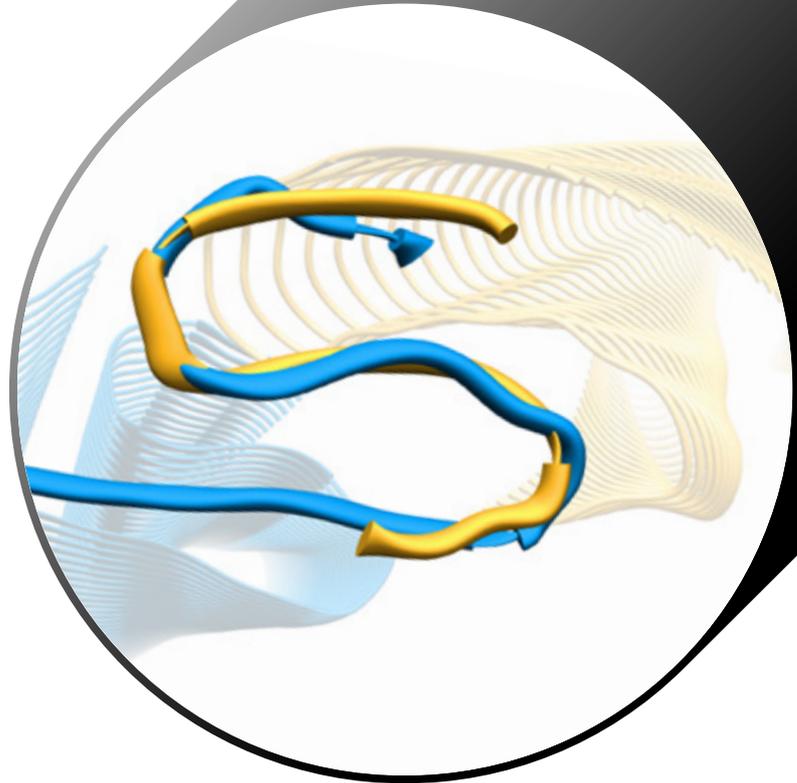
FUNKTION FOLGT FORM

Das Bauprinzip ist eigentlich einfach: Jedes Protein besteht aus einer langen Kette. Wie einzelne Perlen reihen sich die biochemischen Bausteine, die Aminosäuren, aneinander. Entscheidend ist die Abfolge der Aminosäuren: „Die gibt vor, in welche charakteristische Struktur sich das Protein faltet, also wie sich diese Perlenkette zu einem dreidimensionalen Gebilde anordnet. Erst diese räumliche Form verleiht dem Molekül seine Funktion“, erklärt Gunnar Schröder.

Und da Proteine eine Fülle an Aufgaben in unserem Körper übernehmen, gibt es eine enorme Vielfalt an Formen. Eine Form transportiert Sauerstoff im Blut, eine andere spannt Muskelfasern an und eine dritte hilft bei der Weiterleitung von Nervenreizen. In Form von Rezeptoren erkennen Proteine Signalstoffe, als Enzyme steuern sie biochemische Reaktionen und als Antikörper bekämpfen sie Eindringlinge wie Viren und Bakterien.

„Fast bei jedem neurodegenerativen Leiden treten fehlgefaltete Proteine auf: bei Parkinson, Alzheimer und anderen Formen der Demenz.“

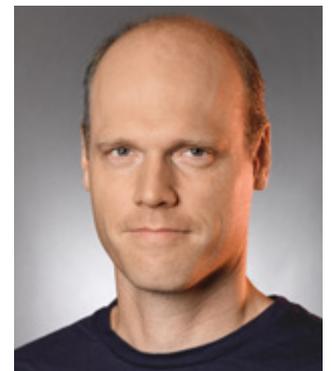
GUNNAR SCHRÖDER,
INSTITUT FÜR BIOLOGISCHE
INFORMATIONSPROZESSE



Doch Proteine sind janusköpfige Moleküle: Neben ihrer natürlichen Form können sie auch eine fehlgefaltete Struktur annehmen. Gunnar Schröder: „Diese Struktur interessiert uns ganz besonders, weil sie mit bestimmten Krankheiten in Verbindung steht. Fast bei jedem neurodegenerativen Leiden treten solche fehlgefalteten Proteine auf: bei Parkinson, Alzheimer und anderen Formen der Demenz.“ Und sein Kollege Junior-Professor Wolfgang Hoyer, ebenfalls vom IBI-7 und von der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, ergänzt: „Je genauer wir die Struktur dieser defekten Molekülmaschinen kennen, desto besser können wir Medikamente gegen die Krankheiten entwickeln.“

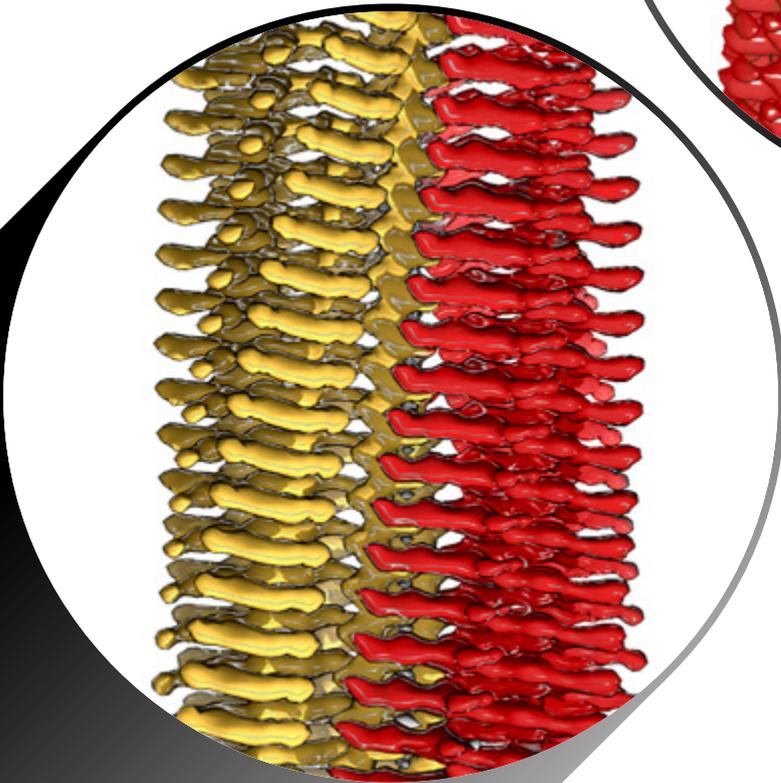
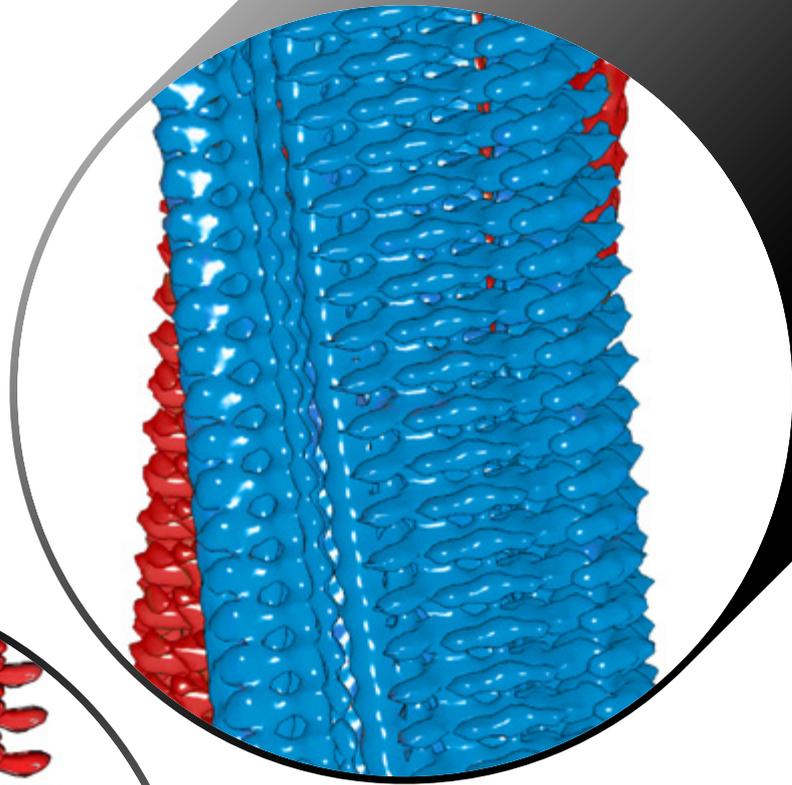
Die fehlgefalteten Proteine stellen die Jülicher Fachleute allerdings vor eine experimentelle Herausforderung: Die Struktur von Proteinen wird üblicherweise mit der Methode der Röntgenkristallographie Atom für Atom untersucht. Dafür muss ein Protein als Kristall vorliegen, also in einer regelmäßigen Struktur. Aber die krankhaft veränderten Eiweißmoleküle lassen sich nicht kristallisieren. Stattdessen lagern sie sich zu langen Fasern zusammen. Diese Fasern, auch Fibrillen genannt, verklumpen zu sogenannten Amyloid-Ablagerungen. Und auch eine andere Methode der Proteinstrukturbestimmung, die NMR-Spektroskopie, eignet sich vor allem für einzelne Moleküle, jedoch nur bedingt für große Proteinablagerungen.

↑ Bei Proteinen kann es auch zu Fehlfaltungen kommen. Fehlgefaltete Proteine treten etwa bei Alzheimer (gelb) und Diabetes (blau) auf. Erstaunlich: Beide Strukturen bilden eine S-Form.



↑ Der Biophysiker Gunnar Schröder untersucht die Baupläne von Proteinen.

Modell einer Alzheimer-Fibrille aus einem Amyloid-beta-Peptid. Fibrillen sind lange Fasern aus Proteinen.



← Modell einer IAPP-Fibrille, wie sie für Diabetes typisch ist, in vergleichbarer Auflösung

feinen Fibrillen verschiedener fehlgefalteter Proteine zu produzieren. Dabei erkannten sie überraschend viele Übereinstimmungen zwischen zwei Proteinen, die mit Alzheimer und Typ-2-Diabetes in Verbindungen gebracht werden. In beiden Fällen krümmen sich die Proteine in einer s-förmigen Faltung, beinahe schon deckungsgleich zueinander. Und diese Eiweißmoleküle stapeln sich Schicht für Schicht in den Fasern aufeinander.

Stattdessen setzten die Jülicher Forscher auf eine relativ junge, aber extrem erfolgreiche Technik: auf die Kryoelektronenmikroskopie, kurz Kryo-EM. Für diese Methode werden die zu untersuchenden Proteine in einer hauchdünnen Wasserschicht förmlich schockgefroren und dann mit dem Elektronenmikroskop durchleuchtet (siehe nächste Seite). Gunnar Schröder: „Die Kryo-EM hat der StrukturbioLOGIE einen gewaltigen Schub nach vorne verliehen. Denn sie liefert hochaufgelöste Bilder von komplexen Biomolekülen.“

Das haben die Jülicher Forscher genutzt, um die bisher schärfsten, detailreichsten 3D-Bilder von

„Tatsächlich wissen wir schon länger, dass zwischen den beiden Krankheiten ein Zusammenhang besteht: Sie begünstigen sich gegenseitig. Alzheimer-Patienten haben eine größere Wahrscheinlichkeit, an ‚Alterszucker‘ zu erkranken, und umgekehrt“, erklärt Wolfgang Hoyer. Bei Alzheimer verklumpt die körpereigene Eiweißverbindung Amyloid-beta und bildet unlösliche Ablagerungen im Gehirn, die Plaques. Und an der Entstehung von Typ-2-Diabetes könnte das Biomolekül IAPP („Insel-Amyloid-Polypeptid“) beteiligt sein. In seiner fehlerhaften Form bildet es in der Bauchspeicheldrüse kleine Klümpchen. „Das deutet darauf hin, dass die fehlgefalteten Proteine mit der Krankheitsentstehung zu tun haben – indem sie die insulinproduzierenden Zellen zerstören“, so Wolfgang Hoyer.

„Dank unserer Aufnahmen können wir jetzt genau nachvollziehen, wie Fibrillen aus fehlgefalteten Proteinen wachsen – und inwiefern sich Amyloid-beta und IAPP ähneln“, sagt Gunnar Schröder. „Die Ähnlichkeit der Strukturen legt einen Mechanismus nahe, nach dem die beiden Proteine miteinander interagieren“, erklärt Wolfgang Hoyer. So sei es vorstellbar, dass fehlgefaltetes IAPP das Amyloid-beta förmlich ansteckt und dessen übliche Molekülform einfach umklappt.

Aus den hochaufgelösten Bildern lässt sich außerdem ablesen, welche Einzelbausteine für das Zusammenkleben der fehlgefalteten Proteine entscheidend sind. Und das könnte dabei helfen,

Medikamente gegen beide Leiden zu entwickeln. Viele Pharmazeuten und Biowissenschaftler suchen nach Substanzen, die die Verklumpung der Proteine hemmen oder bereits entstandene Fibrillen wieder abbauen. „An unserer hochaufgelösten 3D-Struktur kann man sich nun zum Beispiel anschauen, wie das Ende der Fibrille chemisch beschaffen ist. Und daraufhin Wirkstoffe entwerfen, die an die Oberfläche binden und so das Verkleben zur Plaque unterbrechen können.“ Diese Moleküle würden sich passgenau wie ein Deckel auf das Fibrillenende setzen und es abschließen.

1906 hatte der Nervenarzt Alois Alzheimer erstmals die schadhafte Plaques im Gehirn einer verstorbenen Patientin entdeckt. Die hochgenauen Bilder der Kryo-EM könnten nun gut 115 Jahre später dabei helfen, diese Form der Demenz dauerhaft zu besiegen.



↑ Sucht nach Ähnlichkeiten zwischen Alzheimer und Diabetes: der Biochemiker Wolfgang Hoyer

Eiskalter Blick auf den Maschinenpark der Zelle



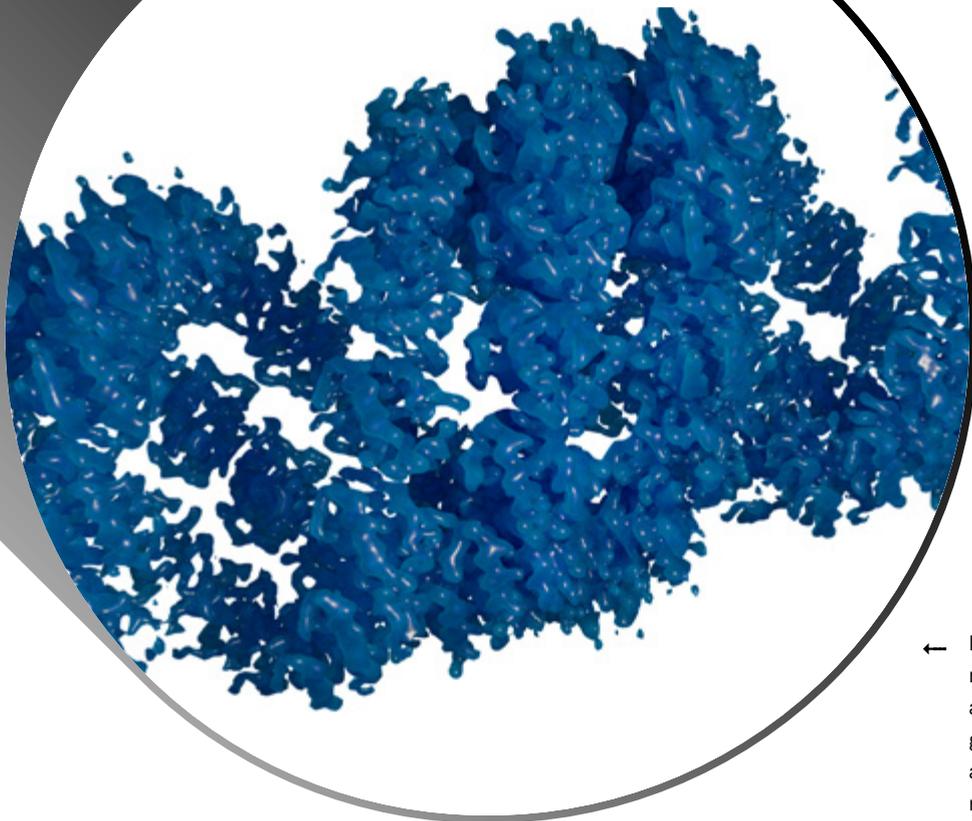
↑ Der Biochemiker Carsten Sachse ist Experte für Kryoelektronenmikroskopie.

Im Jahr 2008 arbeitete Carsten Sachse als Postdoktorand am renommierten MRC Laboratory of Molecular Biology im englischen Cambridge. Eine herausfordernde Zeit, wie sich der Biochemiker erinnert: „Unser Arbeitsgruppenleiter schlug ausschließlich fantastische Projekte vor, die uns zu dieser Zeit unmöglich zu verwirklichen schienen. Immer kleinere Strukturen von Biomolekülen wollte er sichtbar machen, immer feinere Details erkennen.“ Im Zentrum der Projekte stand eine neue Methode: die Kryoelektronenmikroskopie, kurz Kryo-EM. Damit hatte der Arbeitsgruppenleiter offenbar den richtigen Riecher. Die Technik entwickelte sich Schritt für Schritt weiter – mit Erfolg: „Innerhalb weniger Jahre erlebte die Kryo-EM einen ungeheuren Boom. Und heutzutage gehören die vermeintlich verwegenen Ideen von damals zu unseren Routineaufgaben. Seit 2014 haben wir einen exponentiellen Anstieg bei der Zahl der Moleküle gesehen, deren Struktur mithilfe der Kryo-EM aufgeklärt wurde. Und das setzt sich weiterhin fort. Mittlerweile stehen wir bei 10.000 Strukturen“, weiß Sachse.

Inzwischen leitet Carsten Sachse als Professor und Kryo-EM-Experte die Abteilung Strukturbiologie am Jülicher Ernst Ruska-Centrum für Mikroskopie und Spektroskopie mit Elektronen (ER-C-3). Dort stehen hochauflösende Elektronenmikroskope; drei bis vier Meter hohe Metallsäulen. In ihrem Innern verbergen sich vor allem elektromagnetische Linsen, die den Elektronenstrahl fokussieren. Mit den Geräten ist der Forscher den Rätseln der Autophagie auf der Spur: „Das ist die Müllabfuhr der Zelle. Ein Prozess, der zum Beispiel fehlgefaltete Proteine aus der Zelle entfernt und wiederverwertet.“

SCHOCKARTIG EINFRIEREN

Die beteiligten Biomoleküle sind äußerst fragil. Ein Elektronenstrahl könnte sie leicht zerstören. Deshalb werden sie in eine feste, tiefgekühlte Wasserschicht eingebettet – bei einer Temperatur von minus 180 Grad Celsius. „Dort sind sie geschützt und können sozusagen in ihrem natürlichen Medium untersucht werden“, erklärt der Forscher. Vorbereitet werden die Proben, indem



← Die Kryoelektronenmikroskopie enthüllt auch, wie korrekt gefaltete Proteine aussehen: Das spiralförmige gewundene Protein spielt eine wichtige Rolle in der zellulären Müllabfuhr.

sie in Wasser gelöst werden. Die Lösung wird auf einem engmaschigen Metallgitter aufgetragen und dann in eiskaltes, flüssiges Ethan geschossen. Das Wasser erstarrt blitzschnell in einer glasartigen Struktur, ohne zu kristallisieren. „Dadurch bleibt die Wasserschicht durchsichtig für den Elektronenstrahl. An Kristallen würden die Elektronen gestreut werden – so dass das Bild nicht mehr auszuwerten ist.“

In der Probe sind Tausende Exemplare des zu untersuchenden Moleküls zufällig verteilt. Sie wenden dem Elektronenstrahl verschiedene Seiten zu. Daher produziert das Mikroskop eine Reihe von Schnappschüssen des winzigen Objekts aus vielen unterschiedlichen Blickrichtungen – wie kleine Silhouetten. Daraus setzt ein leistungsstarker Computer dann ein detailliertes dreidimensionales Bild des Moleküls zusammen.

„Im Moment isolieren wir die Moleküle, die wir untersuchen, aus der Zelle. Unser Ziel ist aber, dass wir auch Bilder direkt aus der Zelle liefern können – und zwar mit einer vergleichbaren Schärfe wie in der Lösung“, sagt Carsten Sachse. „Eine der Herausforderungen dabei besteht darin, das Zielprotein zu finden in einer Suppe von Hunderten anderen Eiweißen und Stoffwechselprodukten, die in der Zelle herumschwimmen.“

Solche Forschungsarbeiten sollen am Ernst Ruska-Centrum 2.0 stattfinden, einem gemein-

samen Infrastrukturprojekt, zu dem sich das Forschungszentrum Jülich mit weiteren Partnern zusammengeschlossen hat. In dem nationalen Kompetenzzentrum für hochauflösende Elektronenmikroskopie sollen dann Forschungsvorhaben angegangen werden, die ähnlich visionär klingen wie die „unmöglichen Ideen“ von Carsten Sachses Arbeitsgruppenleiter damals in Cambridge.

Dieser war übrigens kein Geringerer als Richard Henderson, der im Jahr 2017 zusammen mit Jacques Dubochet und Joachim Frank den Chemie-Nobelpreis erhalten hat – für die Entwicklung der Kryoelektronenmikroskopie.

ARNDT REUNING



← Kryoelektronenmikroskop am Ernst Ruska-Centrum: Damit lassen sich bei Temperaturen von -180 Grad Celsius biologische Moleküle untersuchen.

Hocheffizienter Laser für Siliziumchips



Für die Technik von morgen müssen große Datenmengen extrem schnell auf kleinstem Raum übermittelt werden. Die elektrische Übertragung stößt hier an ihre Grenzen. Licht gilt als Lösung der Zukunft. Das könnte künftig von einem neuen Laser erzeugt werden, der sich direkt in Siliziumchips integrieren lässt.

Daten lassen sich deutlich schneller mit Licht übermitteln als mit elektronischen Verfahren – und die optische Übertragung benötigt weniger Energie. Bei Strecken von über einem Meter Länge sind optische Leitungen wie Glasfaserkabel bereits Standard. Anders sieht es bei sehr kurzen Strecken aus, etwa von Mikrochip zu Mikrochip in einem Computer. Ein Problem ist die winzige Lichtquelle, die auf den Chips angebracht werden muss. Seit Langem sucht die Forschung hier nach Lösungen. Ein Ansatz: Ein Laser wird direkt in die Chips aus dem Standardmaterial Silizium eingefügt. Vielversprechend ist hierfür ein Halbleiterlaser aus einer Germanium-Zinn-Verbindung. Da Germanium und Silizium ähnliche Eigenschaften haben, lassen sich beide gut miteinander kombinieren – anders als Silizium und herkömmliche Halbleiterlaser wie etwa Galliumarsenid-Laser.

Schon 2015 hat ein internationales Team um Dr. Dan Buca vom Peter Grünberg Institut (PGI-9) nachgewiesen, dass sich ein Laser aus Germanium und Zinn herstellen und bei der Produktion direkt in die Siliziumchips integrieren lässt. Nun haben die Jülicher mit französischen Partnern vom Centre de Nanosciences et de Nanotechnologies, dem Unternehmen STMicroelectronics und dem Institut CEA-Leti den Laser weiter optimiert.

Bislang war das Problem, dass eine Laserquelle mit Germanium nur mit einer hohen Dosis Zinn funktioniert. Das verringert aber

gleichzeitig die Effizienz. „Wir konnten nun die Zinnkonzentration reduzieren, indem wir das Material zusätzlich verspannten. Dadurch ist unser Laser rund 100-mal effizienter als andere Laser aus dieser Materialkombination. Die Effizienzwerte sind sogar mit denen von Galliumarsenid-Lasern vergleichbar“, berichtet Dan Buca. Der neue Laser kann außerdem einen kontinuierlichen Lichtstrahl erzeugen, nicht nur kurze Pulse – und er ist kostengünstig. „Mit den Verbesserungen des Lasers rücken potenzielle Anwendungen einen Schritt näher“, erklärt Institutsdirektor Prof. Detlev Grützmacher. Zum Beispiel für die künstliche Intelligenz (KI) beim autonomen Fahren: Hier liefern Sensoren innerhalb kürzester Zeit große Datenmengen, mit denen die KI trainiert wird. Die bereits patentierte Lasertechnologie könnte auch in Infrarot- und Nachtsicht-Systemen zum Einsatz kommen oder in Gassensoren für die Überwachung von Umwelt- und Atemgasen.

Momentan ist der neue Laser allerdings noch auf tiefe Temperaturen im Bereich von minus 200 bis minus 170 Grad Celsius beschränkt. Außerdem wird er derzeit mit Licht angeregt. Ideal wäre eine Anregung durch elektrische Signale – eine weitere große Herausforderung, um in Computern Daten mit Licht zu übertragen.

CHRISTIAN HOHLFELD

So schnell werden Daten übertragen

(Gigabit/Sekunde)



Sorgenkind Wald

Das dritte Jahr in Folge ist es zu trocken und warm in Deutschland. Darunter leiden viele Bäume, insbesondere Fichten. Eine Folge: Sie sind anfälliger für Schädlinge. Jülicher Forschende beobachten die Entwicklung in der Eifel und messen die Auswirkungen: etwa auf den CO₂-Gehalt in der Atmosphäre.

Wenn Nicolas Brüggemann von Wald bei Klein-hau aus über die Nordeifel blickt, macht er sich Sorgen: „Früher konnten wir vor lauter Bäumen keine 100 Meter weit sehen, inzwischen sehe ich bei guter Sicht das Siebengebirge – und das sind immerhin 60 Kilometer Luftlinie.“ Für den Leiter der Jülicher Forschungsgruppe Plant-Soil-Atmosphere Exchange Processes und Professor für Terrestrische Biogeochemie an der Universität Bonn steht außer Frage: Der Wald in der Nordeifel wird lichter. „Das liegt vor allem an einer Kombination von Schadfaktoren, die es so noch nicht gegeben hat: Sie reichen von Trockenheit und Hitze über Waldbrände und Stürme bis zum Schädlingsbefall.“ Die Folge: Bäume sterben, viele müssen abgeholzt werden.

Am schlimmsten betroffen sind die Fichten. Trockenheit und der Borkenkäfer machen diesem Flachwurzler besonders zu schaffen. Zumal der Borkenkäfer mit den mildereren Wintern allmählich die Höhenmeter im Mittelgebirge nach oben wandert. In Kleinhau auf etwa 400 Meter Höhe – dort untersuchte die Helmholtz-Initiative MOSES von Mai bis Oktober 2020, wie sich die Trockenheit auf Wald und Boden auswirkt – hat der Waldbesitzer fast den kompletten Fichtenbestand abholzen lassen, zu stark hatte der Borkenkäfer den Nadelbäumen zugesetzt. Am Wüstebach im Nationalpark Eifel auf rund 600 Meter Höhe, wo die Jülicher Forschenden einen Dauermessstandort betreiben, sind die Schäden durch den Käfer dagegen noch überschaubar.

← Blickt mit Sorge auf das Baumsterben: Nicolas Brüggemann

Alexander Graf hat gemessen, wie sich der CO₂-Austausch zwischen Boden und Atmosphäre nach der Entfichtung in Kleinhau entwickelt hat.



Aber nicht nur Fichten haben erhebliche Probleme. „Die Buchen im Nationalpark haben im August 2020 farblich schon so ausgesehen wie sonst im Herbst. Und die Eichen leiden – entweder unter Insekten oder Pilzen“, sagt Brüggemann. Von einem Waldsterben zu sprechen, empfindet er trotzdem als irreführend: „Nicht der Wald als Ökosystem stirbt, sondern bestimmte Baumarten verschwinden.“

Betroffene Flächen sollten aber wieder aufgeforstet werden, um deren Funktion für Klima und Umwelt zu erhalten. Viele Förster sind allerdings verunsichert, welche heimischen Baumarten sie noch anpflanzen sollen. Eine Alternative sind fremde Baumarten. Burkhard Priese, Forstverwalter für den Wald in Kleinhau, setzt jetzt vor allem auf die heimische Esskastanie und die nordamerikanische Roteiche, da diese weniger anfällig für Schädlinge, Hitze und Trockenheit sind. „Wälder wie in Kleinhau, die wirtschaftlich genutzt werden, müssen sofort wieder aufgeforstet werden. Wir können nicht abwarten, ob und was da vielleicht auf natürliche Weise nachwächst“, erklärt er.

Für die Jülicher Forschenden bot Kleinhau die Gelegenheit, die Auswirkungen von Dürre und Entfichtung sozusagen live zu verfolgen. Gemeinsam mit Kolleginnen und Kollegen von vier weiteren Helmholtz-Zentren erfassten sie während der MOSES-Messkampagne etwa flächendeckend die Bodenfeuchte, ermittelten den Austausch von CO₂ und Wasserdampf zwischen Boden und Atmosphäre und erstellten Wärmebilder aus der Luft. Die Daten liefern eine gute Ergänzung zu den umfangreichen Messungen am Wüstebach, wo Jülicher bereits seit 2009 Daten sammeln. Der Standort ist Teil des deutschlandweiten Beobachtungsnetzwerks TERENO, einer weiteren Helmholtz-Initiative zur Erforschung von Erde und Umwelt.

Am Wüstebach hatte die Nationalparkverwaltung schon im Herbst 2013 ein etwa elf Hektar großes Areal entfichtet. Die Idee: die Umwandlung der Fichten-Monokultur in einen naturnahen Laubwald zu beschleunigen. „Das Abholzen hat sich massiv auf Boden, Wasserqualität, Austauschprozesse und die Zusammensetzung von Flora und Fauna ausgewirkt. Das bietet uns einen Einblick in die Regeneration des Waldbestandes“, erklärt Dr. Alexander Graf vom Institut für Bio- und Geowissenschaften (IBG-3). Für die Kohlendioxidbilanz des Areals war die Entfichtung zum Beispiel zunächst ein herber Schlag.

DÜRRE BREMST REGENERATION

Normalerweise entnehmen Wälder der Atmosphäre CO₂. Ohne Wald wurde die Fläche hingegen von einer Kohlenstoffsenke zu einer Quelle, denn der Boden verarbeitet weiterhin den Humus aus abgestorbenen Tier- und Pflanzenteilen und gibt auf diese Weise CO₂ ab. Bis die Fläche wieder zu einer Senke wird, werden noch einige Jahre vergehen. Allerdings waren die Jülicher Experten erstaunt, wie schnell sich die Fläche in den ersten Jahren erholte – bis die Dürreperioden kamen. „Derzeit stagnieren die Pflanzen im Wachstum und nehmen weniger CO₂ auf als in den Jahren zuvor“, so Alexander Graf.

Dennoch: Im Vergleich zu anderen Ökosystemen hat der Wald die Dürre noch am besten abgefangen: Im Mittel ging 2018 die CO₂-Entnahme durch Landökosysteme um 18 Prozent zurück. Bei Äckern, Grünländern und Mooren fiel das Minus mit bis zu 40 Prozent deutlich stärker aus, beim Wald hingegen waren es nur acht Prozent. „Das sollte man aus verschiedenen Gründen nicht überbewerten, aber viel Wald zu haben ist gut, wenn es darum geht, viel CO₂ aufzunehmen“, resümiert Graf.

KATJA LÜERS/CHRISTIAN HOHLFELD

18

Prozent

betrug der Rückgang der CO₂-Entnahme durch Landökosysteme im Jahr 2018.



Zur Bildergalerie im Web-Magazin:
effzett.fz-juelich.de



STOFFWECHSEL

In unserem Körper, in Tieren, Pflanzen und Mikroorganismen werden ständig Substanzen ab- und aufgebaut. Diese biochemischen Vorgänge werden Stoffwechsel oder Metabolismus genannt.

WAS BRINGT DAS?



ENERGIE

Kohlenhydrate, Proteine und Fette werden abgebaut und in einfache Bausteine zerlegt (Katabolismus). Dabei wird auch Energie frei, die für andere Prozesse genutzt werden kann.



BAUSTOFFE

Aus einfachen Bausteinen lassen sich alle lebensnotwendigen Stoffe herstellen (Anabolismus). So wird der Zucker Glucose zu langen Ketten zusammengebaut, die als Energiespeicher dienen.



ENTGIFTUNG

Schädliche Stoffe werden herausgefiltert und unschädlich gemacht. Dazu werden sie - etwa in unserer Leber - in unschädliche Stoffe umgewandelt und anschließend ausgeschieden.

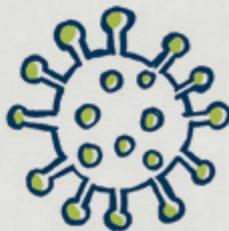
ES IST KOMPLIZIERT

Stoffwechselprozesse sind häufig miteinander vernetzt. Sie laufen über zahlreiche Zwischenschritte ab. Spezielle Proteine, die Enzyme, steuern und beschleunigen diese Vorgänge.



AHA!

Viren haben keinen Stoffwechsel. Sie gelten daher nicht als Lebewesen. Um sich zu vermehren, brauchen sie Lebewesen als Produktionsstätte.



WAS MACHT ZÜLICH?

- untersucht Stoffwechselprozesse in Pflanzen und Bakterien
- konstruiert Bakterien mit maßgeschneidertem Stoffwechsel, um Bioprodukte für Industrie und Medizin herzustellen
- erforscht neue Pflanzen



GEFÄLLT UNS

ONLINE-WISSENSCHAFTSMAGAZIN

Kann Biotech die Welt retten?

Wie können wir die wachsende Weltbevölkerung ernähren und gleichzeitig die Umwelt entlasten? Eine Möglichkeit ist der Einsatz von Biotechnologie. Dafür werden in Laboren neue Stoffe und Materialien hergestellt, inspiriert von den Designkünsten der Natur. Das Berliner Haus der Zukünfte „Futurium“ setzt sich – unterstützt durch Experten aus der Wissenschaft – mit möglichen Szenarien auseinander, wie eine Zukunft mit Biotech aussehen könnte. In Folge zwei des YouTube-Formats präsentiert unter anderem der Jülicher Pflanzenforscher Ulrich Schurr seine Ideen für eine nachhaltige Zukunft.

- FUTURIUM.DE/DE/BLOG/WISSENSMAGAZIN -



CITIZEN-SCIENCE-PLATTFORM

Feldhamster zählen

Auf der Plattform „Bürger schaffen Wissen“ rufen Projekte mit echten Forschungsfragen zum Mitmachen auf. Es gilt, eine Burg unter der Grasnarbe freizulegen, den letzten Feldhamster zu finden oder Ampeln zu fotografieren, um eine App für sehbehinderte Menschen weiterzuentwickeln. So sammeln wissenschaftliche Laien als „Bürgerwissenschaftler“ Insekten, dokumentieren Pflanzen oder messen die Luftqualität – und tragen zum Erfolg von Wissenschaft bei.

- WWW.BUERGERSCHAFFENWISSEN.DE -

YOUTUBE-VIDEO

Die Geschichte des Universums

Wie lassen sich 13 Milliarden Jahre Universum in einer Momentaufnahme einfangen? Astronomen genügt ein Blick in den Sternenhimmel, denn dieser ist immer auch ein Blick in die Vergangenheit: Je weiter ein Himmelkörper von der Erde entfernt ist, desto länger braucht sein Licht, um uns zu erreichen. Das Licht kann bereits Monate, Jahrzehnte oder Jahrtausende zu uns unterwegs sein. Wie Astronomen mit diesem Wissen die Entwicklung des Universums rekonstruieren, erklärt der Wissenschaftsverlag „Nature“ in diesem YouTube-Video.

- WWW.YOUTUBE.COM -

STICHWORT:
THE HISTORY OF THE UNIVERSE
IN THE BLINK OF AN EYE

FORSCHUNG IN EINEM TWEET

Fünf Fakten zum #Klimawandel:
Er ist real, wir sind die Ursache, er
ist gefährlich, die Fachleute sind sich
einig, wir können noch etwas tun.



Das wissen wir!

Die Helmholtz-Klima-Initiative und fünf weitere Organisationen haben die wichtigsten Fakten zum Klimawandel zusammengefasst: vom Anstieg der globalen Temperaturen über die Zunahme von Extremwetter bis zum Rückgang des Meereises. Das 24-seitige Papier erläutert knapp und verständlich, was die Forschung über Ursachen und Wirkungen des Klimawandels herausgefunden hat.

[fzj.de/klimafakten](https://www.fzj.de/klimafakten)