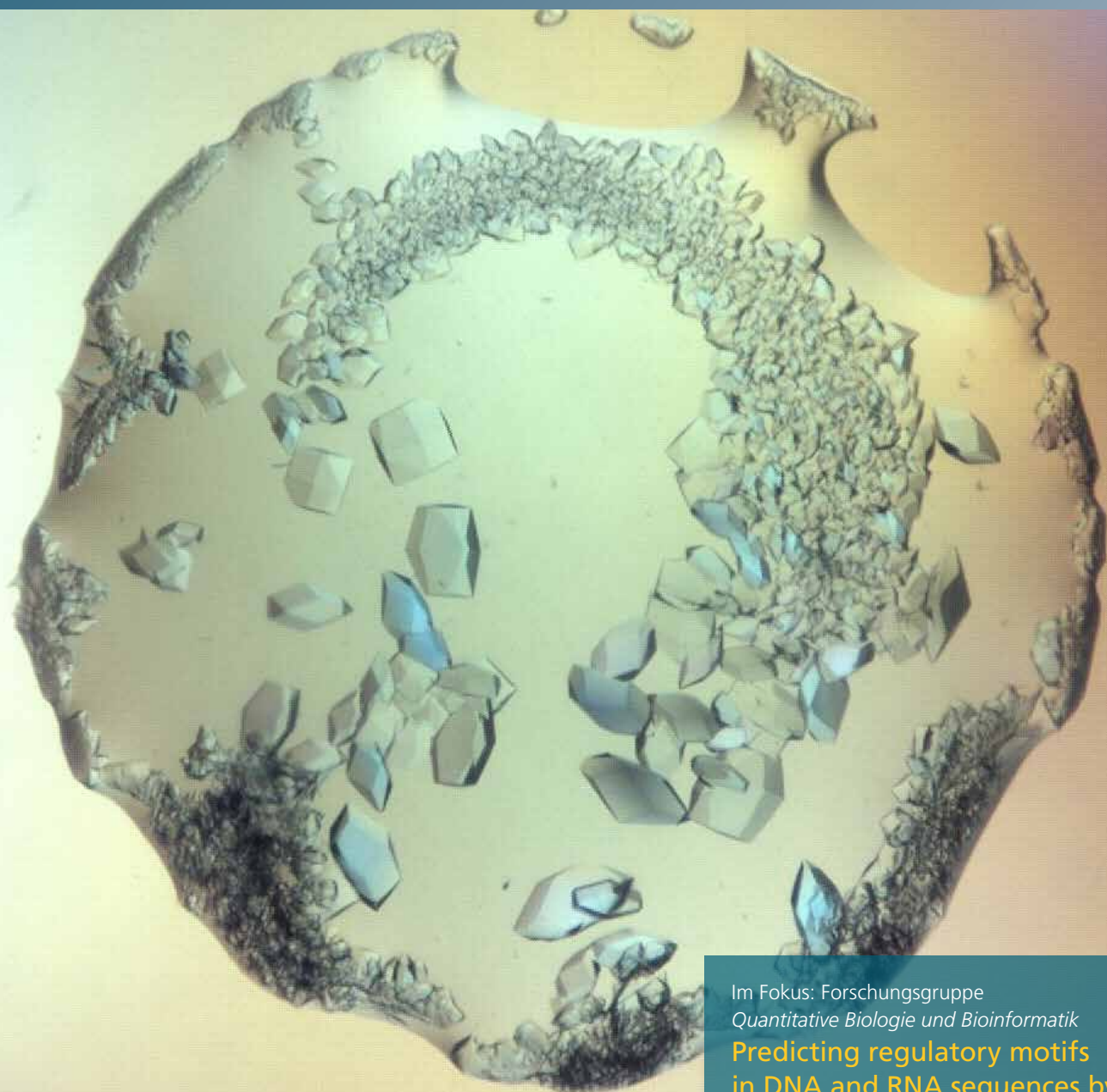




Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

MPIbpc NEWS

21. Jahrgang | Dezember 2015



Im Fokus: Forschungsgruppe
Quantitative Biologie und Bioinformatik
**Predicting regulatory motifs
in DNA and RNA sequences by
better statistical models**

Nachrichten
Otto-Hahn-Preis für Jürgen Troe

Im Porträt
**Kristallkunst – ein Besuch in der
*Kristallisations-Facility***



IM FOKUS

- 3 Forschungsgruppe *Quantitative Biologie und Bioinformatik*: Predicting regulatory motifs in DNA and RNA sequences by better statistical models

NACHRICHTEN

- 9 Stefan Hell erhält Seaborg-Medaille
- 10 Jürgen Troe mit Otto-Hahn-Preis ausgezeichnet
- 12 Ehrendoktorwürde für Herbert Jäckle
- 14 *Kulturpreis Bayern 2015* geht an Clemens Plaschka
- 15 Universitätspräsidentin Ulrike Beisiegel für zweite Amtszeit gewählt
- 15 *ICASEC* – Leuchtturm in der Energieforschung

IM PORTRÄT

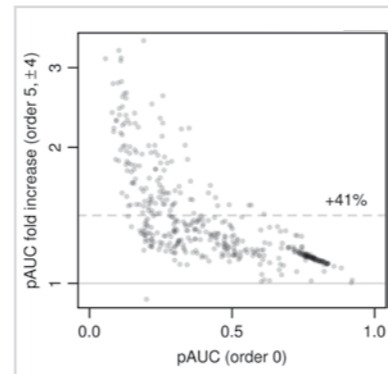
- 16 Kristallkunst – ein Besuch in der *Kristallisations-Facility*

NEUES AUS DER MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT

- 22 *pme familienservice* hilft bei Vereinbarkeit von Familie und Beruf

VERANSTALTUNGEN

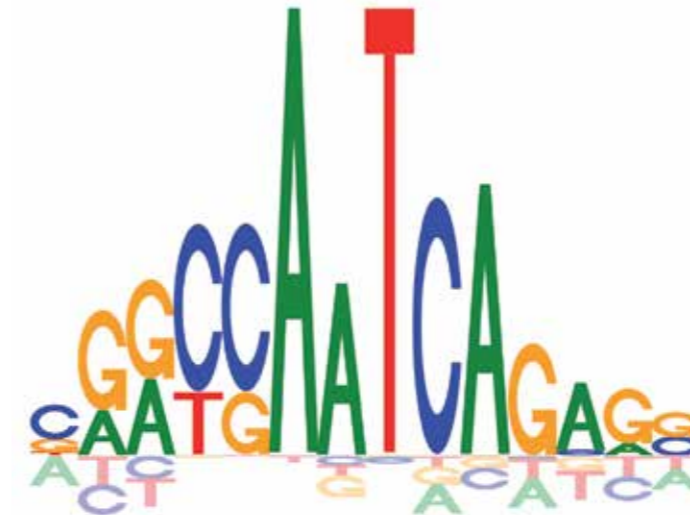
- 24 *Kunst am Fassberg* mit Grafiken von Hernán Puelma
- 26 Gemeinsam unterwegs



3 | *Forschungsgruppe Quantitative Biologie und Bioinformatik*



10 | *Jürgen Troe erhält den Otto-Hahn-Preis 2015*



Predicting regulatory motifs in DNA and RNA sequences by better statistical models

Johannes Söding and Matthias Siebert

Research Group *Quantitative and Computational Biology*

Control of gene expression is the most fundamental level of cellular regulation. It allows cells to adapt their protein inventory to ever-changing conditions during development of multicellular organisms, during homeostasis, and as a response to organismal or environmental cues. At the core of gene expression regulation lies the binding of proteins to DNA and RNA sequence motifs. For example, transcription factors bound at promoters and enhancers can activate or repress genes by recruiting co-activator and co-repressor complexes, such as chromatin modifiers, and regulatory proteins bound to RNAs determine how and whether they are spliced, where they are transported, and how long they live before being degraded. Our ultimate goal is to understand and to predict gene regulation quantitatively. For this purpose, we need accurate descriptions of the binding affinities of all relevant factors to all possible target sequences.

Position weight matrix model

Up to now, the dominant model to describe regulatory motifs is the Position Weight Matrix (PWM). It contains scores for each nucleotide position i and for each of the four nucleotides $x \in \{A, C, G, T/U\}$ in the binding site. The scores are computed from example binding sites by counting the fraction $p_i(x)$ of each nucleotide x at each position i in the example sequences, dividing by the probability $p_{bg}(x)$ of x in a background model (e.g. in the entire genome) and taking the logarithm, $\log(p_i(x)/p_{bg}(x))$. A positive score thus indicates that a nucleotide is more likely to occur at that position in the motif than at a random location in the genome. The score of a PWM with a putative binding site sequence (x_1, \dots, x_l) is the sum of the scores over the binding site positions.

The PWM model assumes that the probabilities of nucleotides at each position of the binding site are independent of each other. This is equivalent to the

assumption that terms depending on pairs of positions are negligible with respect to energy terms depending only on single positions.

Despite this rather drastic-sounding approximation, PWMs have been very successful (Mathelier et al., 2014; Matys et al., 2006; Hartmann et al., 2013), because the pair interaction terms are usually fairly small for single, well-defined binding sites. Also, models that account for correlations among nucleotides need many more parameters, and such models have been difficult to train reliably in practice from relatively few available binding sites.

The advent of experimental high-throughput technologies to determine protein-DNA binding specificities (Stormo et al., 2010) changed this and strengthened the notion that the binding behavior is more complex: First, the binding energy has a contribution from DNA “shape readout”, which is mainly determined by stacking interactions

Fig. 1. Interpolating Markov Models (IMMs) automatically adapt the number of effectively learned parameters to the data, which prevents them from overtraining. The goal is to predict the probabilities of all nucleotides in a binding motif as well as possible from the example sequences, in our example the probability of the green A. When few counts are available, e.g. for the number #(GCTA) of observed GCTA instances in the third line, the pseudocounts dominate over the observed counts and, therefore, the estimate falls back to the lower order, $P(A|GCT) \approx P(A|CT)$.

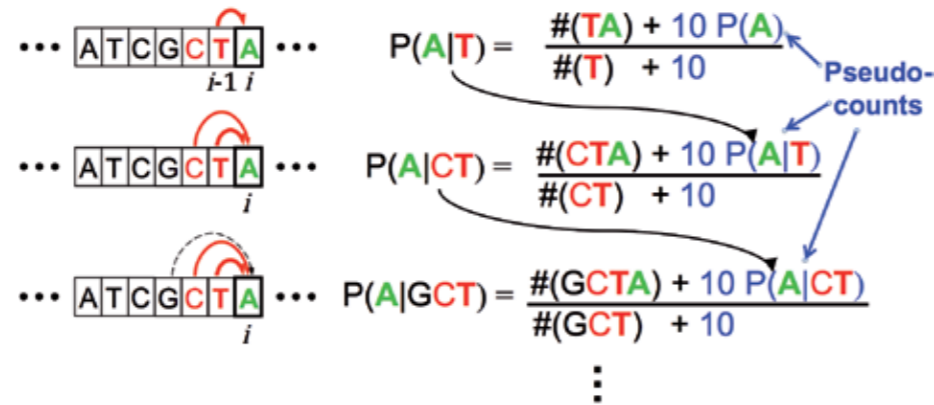


Abb. 1. Interpolierende Markov-Modelle (IMMs) lernen automatisch nur jene Parameter, für deren Abschätzung ausreichend Daten vorhanden sind. Ziel ist die möglichst genaue Vorhersage der Wahrscheinlichkeiten von Nukleotiden im Bindemotif, in unserem Beispiel die des grünen A. Dies bewahrt die Modelle sehr effektiv vor dem Übertrainieren. Wenn z. B. nur wenige GCTAs beobachtet wurden (dritte Zeile), dann wird die Abschätzung von $P(A|GCT)$ von den blauen Pseudocounts dominiert und die Abschätzung des IMMs fällt auf die niedrigere Ordnung zurück, also $P(A|GCT) \approx P(A|CT)$.

between neighboring bases. Second, correlations between neighboring positions arise through amino acids that contact multiple bases simultaneously. Third, proteins can change their binding mode according to the binding sequence, resulting in correlations between all positions in the binding site. Fourth, many regulatory sites are actually bound by several, cooperatively acting DNA-binding domains. These regions are thus composed of multiple and often weak motifs at varying distances from each other, resulting in strong dependencies between neighboring nucleotides.

Modeling nucleotide dependencies

Various models that incorporate nucleotide interdependencies have been developed (e.g., Zhao et al., 2012; Mathelier and Wasserman, 2013; Eggeling et al., 2014; Keilwagen and Grau, 2015). However, the complexity of the models makes it difficult to design algorithms that can learn these motifs when their exact positions within the sequences are not known. Also, since these complex models contain many

more parameters than PWMs do, these models are easily *overtrained*. Overtraining means that a model is too finely adapted to the training data, such that it cannot *generalize* well to new data and, therefore, often performs even worse than a simpler model.

Our group is the first to develop a method for motif discovery and prediction based on *inhomogeneous Interpolated Markov Models* (iIMMs). iIMMs solve the overtraining dilemma by adjusting the *effective number* of parameters to the amount of available data: The more data are available, the more parameters are learned, without risk of overtraining.

Figure 1 illustrates how this works. Suppose we have a number of binding sites from which we want to learn a motif model that takes next-neighbor dependencies into account. Naively, the conditional probability of an adenine (green A in the first line of Fig. 1) at position i given a thymine (red T) at position $i-1$, $p(X_i=A | X_{i-1}=T)$, is estimated by the number of times an A at i is preceded by a T, $\#(X_{i-1}X_i=TA)$, divided by

the number of times T is observed at $i-1$, $\#(X_{i-1}=T)$. This is indeed how the parameters of a Markov Model are estimated. In our *interpolating* Markov model, we add to the observed counts $\#(X_{i-1}X_i=TA)$ a number of *pseudocounts*, 10 in this example. The pseudocounts are distributed among the four nucleotides $x \in \{A, C, G, T/U\}$ according to the probability of a simpler model that considers the nucleotides to be independent, $p(X_i=x)$. The pseudocounts in the denominator in the expression on the first line is simply the normalization constant. What is the effect of the pseudocounts? When many sites are available and $\#(X_{i-1}X_i=TA)$ is much larger than the number of pseudocounts, the observed counts dominate and $p(X_i=A | X_{i-1}=T) \approx \#(X_{i-1}X_i=TA) / \#(X_{i-1}=T)$, just as for the Markov model. But when $\#(X_{i-1}X_i=TA)$ is much smaller than the number of pseudocounts, these dominate and we obtain $p(X_i=A | X_{i-1}=T) \approx p(X_i=A)$. Hence, when too few observations are available to reliably estimate context-dependent probabilities, the iMM falls back on a simpler model with fewer parameters.

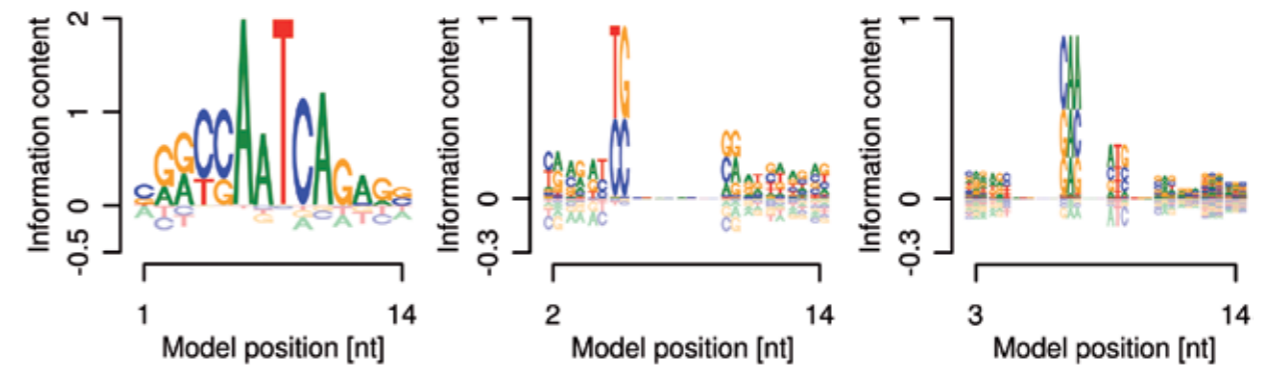


Fig. 2. Sequence logos show the information content in the 0th, 1st, and 2nd order of an iMM that represents the binding affinity of cFOS. Each logo gives the added information over and above the information already contained in the lower orders. The height of CAA in the logo on the right is proportional to $\log_2[p(X_i=A | X_{i-2}X_{i-1}=CA) / p(X_i=A | X_{i-1}=C)]$, for instance.

Abb. 2. Sequenzlogos geben den Informationsgehalt in der nullten, ersten und zweiten Ordnung eines iIMMs für die Bindeaffinität von cFOS wieder. Jedes Logo zeigt nur die Information, die zusätzlich zu den niedrigeren Ordnungen hinzukommt. Beispielsweise ist die Höhe des CAA im rechten Logo proportional zu $\log_2[p(X_i=A | X_{i-2}X_{i-1}=CA) / p(X_i=A | X_{i-1}=C)]$.

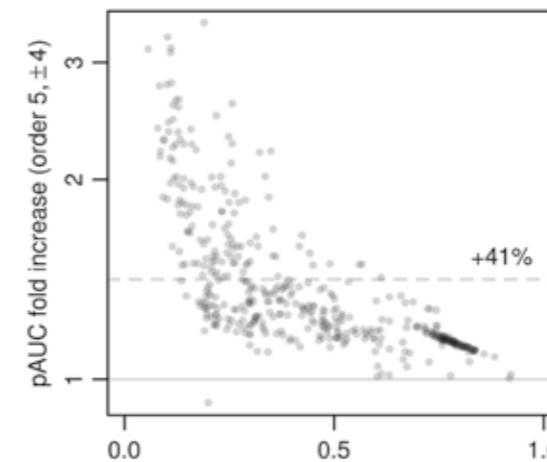


Fig. 3. iIMMs achieve 41 % higher motif prediction performance than PWMs ("order 0") on average. Each dot represents one of 446 genome-wide factor binding ChIP-seq data sets from ENCODE. The partial area under the ROC curve (pAUC) measures how well the models can predict factor binding sites in unseen sequences from ChIP-seq after having been trained on another part of the data.

Abb. 3. iIMMs erreichen im Schnitt eine 41 % bessere Vorhersagequalität als die herkömmlichen PWMs ("order 0"). Jeder Punkt repräsentiert einen von 446 ChIP-seq-Datensätzen zu genomweiter Bindung von Proteinen. pAUC (partielle Fläche unter der ROC Kurve) ist ein Maß für die Vorhersagequalität der Modelle auf einem Teil der ChIP-seq-Daten, die nicht zum Trainieren des Modells verwendet wurden.

This scheme can be extended to any order. Consider the second line in Figure 1. When enough data are available, $\#(X_{i-2}X_{i-1}X_i=CTA) \gg 10$, we obtain $p(X_i=A | X_{i-2}X_{i-1}=CT) \approx \#(X_{i-2}X_{i-1}X_i=CTA) / \#(X_{i-2}X_{i-1}=CT)$, and with too little data to estimate the second order dependence, $\#(X_{i-2}X_{i-1}X_i=CTA) \ll 10$, we fall back to the first-order estimate, $p(X_i=A | X_{i-2}X_{i-1}=CT) \approx p(X_i=A | X_{i-1}=T)$. In this way, iIMMs can learn any order of dependence without the risk of overtraining. In contrast to other higher-order models, which need heuristic rules to explicitly prune the dependence structure between positions, the control of model complexity in iIMMs is automatic and follows from their probabilistic formulation: The pseudocounts result from assuming prior probability distributions in a Bayesian maximum a-posteriori

(MAP) estimation of the conditional probabilities.

iIMMs for motif discovery and motif searches

iIMMs can be directly computed from aligned binding sites. However, often the exact binding site locations are unknown. For instance, binding events measured by ChIP-seq are commonly reported with a resolution of hundreds of base pairs. To discover binding motifs enriched within a set of training sequences in comparison to a background model, we have derived an expectation maximization (EM) algorithm that alternately refines the estimate of motif occurrences given the current best model estimate and the model parameters given the current best estimate of motif occurrences. Once we have

discovered a motif, the resulting iMM can be used to *search* for occurrences of the motif in other sequences.

We can illustrate the sequence specificity of a learned iMM using sequence logos (Fig. 2). They show the log enrichment of mono- and dinucleotides over random expectation, where random expectation refers to the correspondingly lower order.

Increased performance in motif discovery and searching

We tested the ability of our iMM-based algorithm for motif discovery and searching on diverse sequence sets, e.g. on 446 ChIP-seq data sets of genome-wide protein-DNA binding from ENCODE (Fig. 3). We measure the performance of a method by the partial area under the ROC curve (pAUC). Each

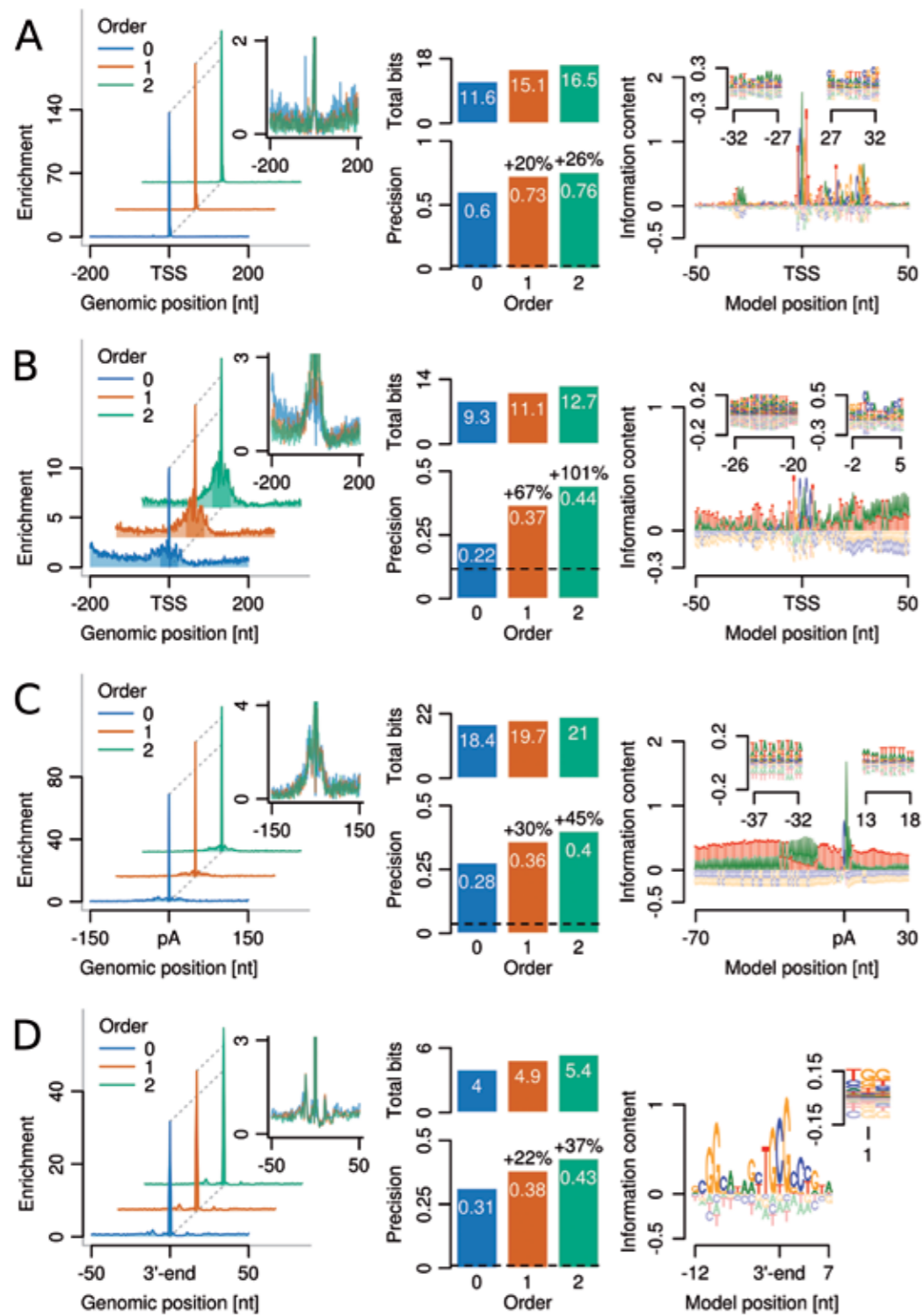


Fig. 4. iIMMs improve the prediction of sites with complex motif architectures. *Left column:* Frequency of prediction around the measured position at 0, using PWMs (i.e. 0th order iIMMs), 1st, and 2nd order iIMMs. *Middle column:* Information content in the model and precision (fraction of correct predictions out of all predictions). Correct predictions are those that hit close enough to the measured position. *Right column:* Sequence logos with insets showing 1st or 2nd order learned in a 2nd order iIMM. **(A,B)** Narrow-peak and broad-peak transcription start sites (TSS) in *Drosophila melanogaster*. **(C)** Poly(A) sites in *Saccharomyces cerevisiae*. **(D)** RNA polymerase II pause sites in *Escherichia coli*.

Abb. 4. iIMMs verbessern die Vorhersage von genomischen Stellen mit komplexer Motivarchitektur. *Links:* Häufigkeit der Vorhersagen um die gemessene Position bei ungefähr 0, mit PWMs (äquivalent zu einem nullte-Ordnung iIMM), erster und zweiter-Ordnung-iIMMs. *Mitte:* Informationsgehalt und Anteil korrekter Vorhersagen aller Vorhersagen. Korrektheit ist über einen Maximalabstand zur gemessenen Position definiert. *Rechts:* Sequenzlogos mit Insets, die die gelernte Information in der ersten oder zweiten Ordnung zeigen. **(A,B)** Fokussierte (NP) und breite (BP) Transkriptionsstartstellen (TSS) in *Drosophila melanogaster*. **(C)** Poly(A)-Stellen in *Saccharomyces cerevisiae*. **(D)** RNA Polymerase II-Raststellen in *Escherichia coli*.

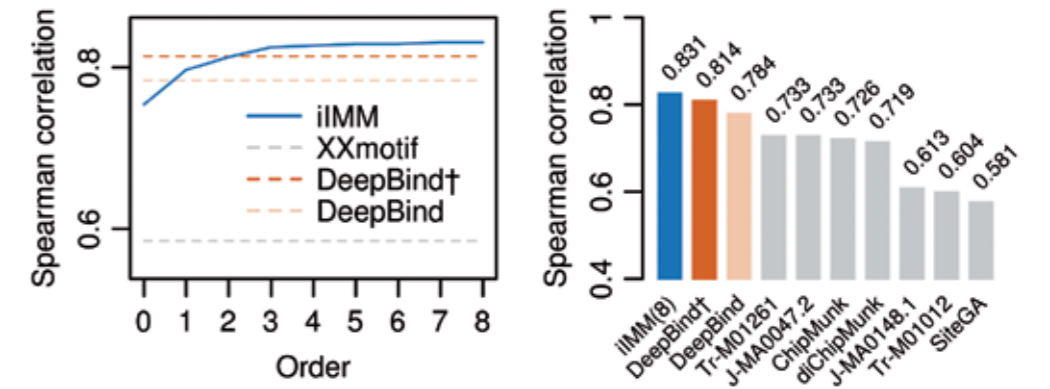


Fig. 5. iIMMs learned from ChIP-seq data improve the prediction of binding affinities measured by Electrophoretic Mobility Shift Assay (EMSA) compared to other tools. *Left:* Rank correlation of EMSA affinities with predictions using iIMMs (blue curve, maximum order on x-axis), using a PWM learned by XXmotif and using DeepBind with different model lengths. *Right:* Rank correlation between EMSA affinities and scores from models predicted with various published motif discovery tools.

Abb. 5. Die aus ChIP-seq-Daten gelernten iIMMs verbessern die Vorhersage von Electrophoretic Mobility Shift Assay (EMSA)-Bindeaffinitäten gegenüber herkömmlichen Tools. *Links:* Rang-Korrelation der EMSA-Affinitäten mit den vorhergesagten Scores für iIMMs (blaue Kurve, maximale Ordnung auf der x-Achse), mit Scores vorhergesagt von XXmotif-PWMs und mit DeepBind-Modellen unterschiedlicher Länge.

dot represents one ChIP-seq data set and shows the improvement in pAUC of our iIMM-based method over a PWM-based method. The pAUC measures how well a motif learned on one part of the data can correctly predict binding sites in the other, held out part of the data. (The ROC curve plots the number of correctly predicted binding sites over the number of wrongly predicted sites when the motif score is increased. Our pAUC is the area under this curve up to the 5th percent quantile of false positives, normalized to the theoretical maximum of 1.) Nicely, our iIMMs achieve a mean improvement in pAUC of 41 % over PWMs.

Similar improvements are seen when predicting sites characterized by a complex architecture of motifs, such as transcription start sites in flies, poly(A) sites in yeast, or pause sites in bacteria (Fig. 4).

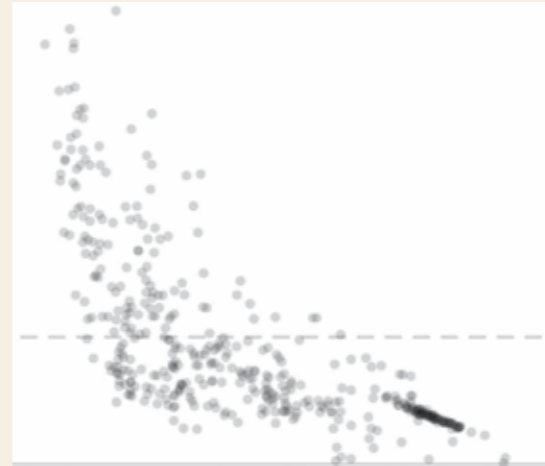
Better prediction of binding affinities

Finally, we tested how well our iIMM-based method can predict quantitative binding affinities of transcription factors, as measured by Electrophoretic Mobility Shift Assay (EMSA). We used a benchmark test with which other methods have already been assessed. It consists of ENCODE ChIP-seq data for FoxA2 from which a motif model is learned and a set of binding affinities measured by EMSA for 64 genomic sequences known to bind FoxA2 to some extent. Figure 5 shows on the left the rank correlation of the predicted score with the measured affinities for various maximum orders of the iIMM (blue) and compares our method's performance with various other tools for motif discovery and ChIP-seq data analysis. Our iIMM method performs best, followed by a deep learning method that can also model complex nucleotide dependencies. PWM-based

tools (grey) show significantly weaker performance. In conclusion, PWMs have been very useful in the past as they can describe binding affinities quite well with relatively few parameters (three per nucleotide in the binding site). But with the advent of a multitude of high-throughput, next-generation sequencing-based protocols to measure genomic binding sites, more detailed models can be learned. It is therefore very worthwhile to replace PWMs throughout with models that can predict binding affinities more accurately and that perform at worst as well as PWMs and at best much better (Fig. 3). To support this advance, our next step will be to extend our core algorithms for iIMM-based motif discovery and motif searching into a powerful and user-friendly open-source toolbox and web service named GIMMEMotif (General Interpolated Markov Models for the Elicitation of motifs).

Zusammenfassung

Die Steuerung der Genexpression ist die wohl wichtigste Ebene zellulärer Regulation. Ein quantitatives Verständnis der komplexen Regulationsmechanismen setzt Modelle voraus, die Bindestellen regulativer Faktoren im Genom und Transkriptom zuverlässig in ihrer Stärke vorher-sagen können. Wir haben das gängige Modell der Positionsgewichtsmatrizen (PWM) zur quantitativen Beschreibung von Bindestellen dahingehend erweitert, dass Korrelationen zwischen Nukleotiden benachbarter Positionen im Bindemotif mit gelernt werden können. Wir zeigen hier, dass diese Erweiterung ohne das oft bei komplexeren Modellen auf-tretende Übertrainieren möglich ist. Dabei funktionieren unsere interpolierenden Markov-Modelle für die Beschreibung bekannter und die Vorhersage neuer Bindestellen stets mindes-tens ebenso gut wie die populären PWMs und zeigen oft sogar deutlich bessere Resultate.



References

- Egging R, Gohr A, Keilwagen J, Mohr M, Posch S, Smith AD, Grosse I: On the value of intra-motif dependencies of human insulator protein CTCF. *PLoS One* **9**, e85629 (2014).
- Hartmann H, Guthöhrlein EW, Siebert M, Luehr S, Söding J: P-value-based regulatory motif discovery using positional weight matrices. *Genome Res* **23**, 181-194 (2013).
- Keilwagen J, Grau J: Varying levels of complexity in transcription factor binding motifs. *Nucleic Acids Res*, doi: 10.1093/nar/gkv577 (2015).
- Mathelier A et al.: JASPAR 2014: an extensively expanded and updated open-access database of transcription factor binding profiles. *Nucleic Acids Res*, doi: 10.1093/nar/gkt997 (2013).
- Mathelier A, Wasserman WW: The next generation of transcription factor binding site prediction. *PLoS Comput Biol* **9**, e1003214 (2013).
- Matys V et al.: TRANSFAC and its module TRANSCOMP: transcriptional gene regulation in eukaryotes. *Nucleic Acids Res* **34**, D108-D110 (2006).
- Stormo GD, Zhao Y: Determining the specificity of protein-DNA interactions. *Nat Rev Genet* **11**, 751-760 (2010).
- Zhao Y, Ruan S, Pandey M, Stormo GD: Improved models for transcription factor binding site identification using non-independent interactions. *Genetics* **191**, 781790 (2012).



Johannes Söding

studierte Physik an den Universitäten München (LMU), Sussex (UK) und Heidelberg und promovierte 1996 am MPI für Kernphysik mit einer Arbeit zur Lasermanipulation neutraler Atome. Nach einem Postdoc-Aufenthalt an der *École Normale Supérieure* in Paris (Frankreich) und einer dreijährigen Tätigkeit als Unternehmensberater bei *Boston Consulting* wechselte er 2001 als Bioinformatiker an das MPI für Entwicklungsbiologie, wurde 2007 als Gruppenleiter für *Computational Biology* an das Genzentrum der LMU berufen und leitet seit 2014 die Forschungsgruppe *Quantitative Biologie und Bioinformatik* am MPI-BPC. Die Gruppe forscht neben dem hier vorgestellten Thema an thermodynamisch-statistischen Modellen für die Transkriptionsregulation, an statistischen Methoden zur Analyse von Hochdurchsatzsequenzdaten, an Bayes'schen Modellen zur Analyse und Integration systemmedizinischer Daten und an der Entwicklung von Methoden zur schnellen Sequenzsuche und zur Proteinstrukturvorhersage.

Stefan Hell erhält Seaborg-Medaille

Für seine wegweisenden Beiträge in der Biochemie und Chemie hat die Fakultät für Chemie und Biochemie der *University of California, Los Angeles* (UCLA) Stefan Hell die Glenn T. Seaborg-Medaille verliehen. Die Auszeichnung wurde dem Chemie-Nobelpreisträger am 19. Oktober von Shimon Weiss, Dean M. Willard Chair der Fakultät, während eines Symposiums feierlich überreicht.



Stefan Hell (links) und Shimon Weiss bei Überreichung der Medaille. (Bild: Reed Hutchinson PhotoGraphics, UCLA)

Diese Wertschätzung von meinen Kollegen an dieser herausragenden Universität zu erhalten, bedeutet mir sehr viel", freute sich Stefan Hell. „Das Potenzial meiner Entdeckung, die in den Anfangsjahren von vielen missverstanden oder angezweifelt wurde, ist hier in Kalifornien schon früh gewürdigt worden. Nur ein sehr kleiner Kreis, unter ihnen Shimon Weiss, erkannte bereits vor rund 15 Jahren, dass meine Ideen konsequent weiter umgesetzt eine Revolution für die Auflösung bedeuten würden.“

Stefan Hell erhielt die Glenn T. Seaborg-Medaille als erster Wissenschaftler aus Deutschland. Er ist der achte Nobelpreisträger in einer langen Reihe von bekannten Forscherpersönlichkeiten, dem diese Ehre zuteilwird. Die Auszeichnung wird seit 1987 jährlich vergeben und ist nach dem Chemie-Nobelpreisträger Glenn T. Seaborg benannt, der als erster Wissenschaftler damit gewürdigt wurde.

Stefan Hell war es als Erstem gelungen, die Abbesche Beugungsgrenze für die Auflösung im Lichtmikroskop zu

überwinden. Mit der von ihm erfundenen und bis zur Produktreife entwickelten STED (*Stimulated Emission Depletion*)-Mikroskopie und damit verwandten RESOLFT-Verfahren können lebende Zellen mit einer heute bis zu zehnfach besseren Detailschärfe beobachtet und sogar Vorgänge in deren Inneren in Echtzeit gefilmt werden. Dazu setzt Stefan Hell, der als Direktor am MPI-BPC und am Deutschen Krebsforschungszentrum forscht, Moleküle ein, die mit einem Fluoreszenz-Farbstoff markiert sind. Um die Moleküle auf der Nanoskala optisch getrennt voneinander zu erfassen, sorgt er dafür, dass sie ihre Fluoreszenz zeitlich nacheinander abgeben. Dazu nutzt er verschiedene molekulare Prozesse, um die Fluoreszenz eines Moleküls an- und auszuschalten. Im letzten Jahr wurde Stefan Hell für diese bahnbrechenden Arbeiten mit dem Nobelpreis für Chemie ausgezeichnet. Die Labore der Fakultät für Chemie und Biochemie der UCLA waren unter den ersten weltweit, die diese Technologie in ihrer Forschung erfolgreich einsetzten. (cr)



Jürgen Troe mit Otto-Hahn-Preis ausgezeichnet

Die Stadt Frankfurt, die Gesellschaft Deutscher Chemiker und die Deutsche Physikalische Gesellschaft haben Jürgen Troe den Otto-Hahn-Preis 2015 verliehen. Mit dieser Auszeichnung wird der Emeritus-Direktor des MPI-BPC für seine bahnbrechenden Arbeiten zur Reaktionskinetik geehrt, die einen wichtigen Beitrag für die Energie- und Atmosphärenforschung leisten. Der mit 50 000 Euro dotierte Preis wurde Jürgen Troe am 24. November in der Frankfurter Paulskirche feierlich überreicht. Im Anschluss hielt der Preisträger an der Goethe-Universität einen Festvortrag.

Jürgen Troe sei einer der weltweit führenden Physikochemiker mit einem außergewöhnlichen wissenschaftlichen Gesamtwerk, dessen Experimenten originelle neue Ideen zugrunde liegen. Durch sorgfältige Analyse seiner Ergebnisse sei er zu neuen Ansätzen in der physikochemischen Grundlagenforschung gelangt, die auch für die Erforschung der Verbrennungs- und Atmosphärenvorgänge von großem Nutzen seien, lautete die Begründung für die Verleihung des diesjährigen Otto-Hahn-Preises.

„Ich freue mich sehr darüber, dass mit dieser Auszeichnung mein Arbeitsgebiet, die Reaktionskinetik, einmal wieder Beachtung findet – also das Gebiet, in dem die Fragen nach dem *Wie* chemischer Reaktionen und nach dem *Wie schnell* mit physikalisch-chemischen Methoden untersucht werden“, sagte Jürgen Troe, der als Emeritus-Direktor am MPI-BPC und als Niedersachsenprofessor an der Universität Göttingen forscht. Jürgen Troe ist nach Manfred Eigen und Stefan Hell der dritte Forscher am Institut, der für seine Arbeiten mit dem renommierten Otto-Hahn-Preis ausgezeichnet wurde.

In seiner Forschung untersucht der Preisträger den zeitlichen und molekularen Ablauf chemischer Reaktionen. Viele Vorgänge in der belebten und unbelebten Natur wie die Photosynthese, das Feuer oder die Chemie der Erdatmosphäre unter-

liegen auf Molekülebene sehr ähnlichen Prinzipien. Derartige Prozesse lassen sich in vielfältiger Weise starten, beispielsweise durch Wärme oder durch Lichtenergie, die von den Molekülen absorbiert wird. Die Moleküle erreichen dadurch hoch aktive Zustände oder es entstehen reaktive Teilchen, die eine Kette von Reaktionen auslösen. Physikochemikern ist es gelungen, den Ablauf dieser Reaktionen mithilfe modernster experimenteller Messmethoden mit einer Zeitauflösung bis in den Femtosekundenbereich zu verfolgen – der Zeitskala, auf der sich Atome bewegen. Damit wird ihre ultraschnelle innermolekulare Dynamik direkt sichtbar.

Ein weiterer Fokus der Arbeit von Jürgen Troe und seinen Mitarbeitern liegt derzeit auf Reaktionen von Molekülonen und Elektronen in Gasen, beispielsweise in Plasmen, in denen elektrisch neutrale und geladene Teilchen nebeneinander existieren. Auf der Erde lässt sich dieser Zustand durch elektrische Ladungen erzeugen oder er entsteht in einem Blitz. Im Weltall befindet sich sogar der größte Teil der Materie in diesem Zustand. „Mit den Ergebnissen aus unseren Untersuchungen entwickeln wir Modelle, die in vielen Gebieten von Nutzen sind: von der Astro- und Atmosphärenchemie über die Plasma- und Photochemie bis hin zur Verbrennungschemie. Auch Prozesse in der Großindustrie lassen sich damit optimieren“, sagt Jürgen Troe. (cr)



Otto-Hahn-Preisträger Jürgen Troe in der Otto-Hahn-Bibliothek am MPI-BPC.

Jürgen Troe

wurde 1965 an der Universität Göttingen in physikalischer Chemie promoviert. Im Jahr 1971 wurde er als ordentlicher Professor an die *École polytechnique fédérale* in Lausanne (Schweiz) berufen. 1975 kehrte er als Direktor an das Institut für Physikalische Chemie der Universität Göttingen zurück. Von 1990 bis zu seiner Emeritierung im Jahr 2008 war Jürgen Troe zudem Direktor am MPI-BPC und leitete dort die Abteilung *Spektroskopie und Photochemische Kinetik*. Mit der gleichnamigen Emeritusgruppe führt er seine Arbeiten am Institut seitdem fort. Die ihm im Jahr 2008 verliehene Niedersachsenprofessur ermöglicht ihm darüber hinaus, auch an der Göttinger Universität am Institut für Physikalische Chemie weiter zu forschen. Nicht zuletzt ist er Mitglied zahlreicher wissenschaftlicher Gremien und war als Mitglied des deutschen Wissenschaftsrates aktiv. Neben der Niedersachsenprofessur hat Jürgen Troe zahlreiche weitere Auszeichnungen erhalten. Er ist Honorarprofessor der *École polytechnique fédérale* in Lausanne, hält Ehrendoktorwürden der Universitäten Bordeaux (Frankreich), Helsinki (Finnland) und Karlsruhe, ist Ehrenmitglied der Deutschen Bunsengesellschaft sowie Mitglied zahlreicher Akademien im In- und Ausland.

Der Otto-Hahn-Preis

Der Otto-Hahn-Preis wurde nach dem Kernchemiker und Nobelpreisträger Otto Hahn benannt und wurde im Jahr 2005 durch Zusammenfassung des *Otto-Hahn-Preises für Chemie und Physik* und des *Otto-Hahn-Preises der Stadt Frankfurt am Main* neu geschaffen. Er ist mit 50 000 Euro sowie einer Medaille in Gold dotiert und wird im Abstand von zwei Jahren alternierend auf den Gebieten der Chemie und der Physik verliehen. Der Preis, der von der Stadt Frankfurt, der Gesellschaft Deutscher Chemiker und der Deutschen Physikalischen Gesellschaft gemeinsam verliehen wird, dient der Förderung der Wissenschaft durch die Anerkennung herausragender wissenschaftlicher Leistungen insbesondere in Chemie, Physik und angewandten Ingenieurwissenschaften.

Ehrendoktorwürde für Herbert Jäckle

Die Universität Basel hat Max-Planck-Forscher Herbert Jäckle am 27. November in der St. Martinskirche zu Basel (Schweiz) die Ehrendoktorwürde verliehen. Die Hochschule ehrt den Entwicklungsbiologen damit für „seine herausragenden Verdienste im Bereich der wissenschaftlichen Forschung und seinen unermüdlichen Einsatz für hervorragende wissenschaftliche Bedingungen in der ganzen Welt“.

Herbert Jäckle erhielt die Ehrendoktorwürde der Universität Basel in einer feierlichen Zeremonie am *Dies Academicus*, der Jahresfeier der Hochschule, zu der die Professoren traditionell den Talar mit Barrett trägt.

„An der Universität Basel hat mein im letzten Jahr verstorbener wissenschaftlicher Freund Walter Gehring geforscht. Daher berührt mich die Ehre, die mir dort zuteilwurde, ganz besonders“, sagte Herbert Jäckle, derzeitiger Geschäftsführender Direktor und Leiter der Abteilung *Molekulare Entwicklungsbiologie* am MPI-BPC.

Auf seinem Forschungsgebiet, der molekularen Entwicklungsbiologie, hat Herbert Jäckle bahnbrechende Erkenntnisse darüber gewonnen, wie die frühe Entwicklung der Taufliege *Drosophila melanogaster* molekular reguliert wird und was ihren Energiestoffwechsel im

Gleichgewicht hält. Mit seinen Wissenschaftler-Kollegen hat er eine Reihe von Schaltergenen und molekularen Regelmechanismen identifiziert, die auch beim Menschen bei der Bildung von Organen und bei der Kontrolle des Energiestoffwechsels eine wichtige Rolle spielen. Seine Arbeiten eröffnen den Weg für neue und innovative Therapieansätze, die eingesetzt werden könnten, um defekte Organstrukturen und -funktionen – etwa bei Diabetes oder Fettleibigkeit – wiederherzustellen. In der gemeinsam mit dem früheren Max-Planck-Präsidenten Peter Gruss gegründeten Göttinger Biotech-Firma *DeveloGen AG* (heute *Evotec AG*) wird daran gearbeitet, diese Erkenntnisse aus der Grundlagenforschung in die Anwendung zu überführen.

Neben seiner Forschertätigkeit setzte er von 2002 bis 2014 als Vizepräsident der Max-Planck-Gesellschaft (MPG) mit

kreativen Ideen wichtige Impulse in der deutschen und internationalen Wissenschaftslandschaft und förderte die internationale Zusammenarbeit. Auf seine Initiative entstand unter anderem das von der MPG und der Chinesischen Akademie der Wissenschaften gemeinsam getragene Partnerinstitut für Computergestützte Biologie in Shanghai (China) sowie ein neues biomedizinisches Partner-Institut zwischen der MPG und dem argentinischen Wissenschaftsministerium in Buenos Aires (Argentinien). Nicht zuletzt entwickelte Herbert Jäckle ein neues, äußerst erfolgreiches Konzept zur Nachwuchsförderung innerhalb der MPG, um talentierte Forscherinnen und Forscher früh in ihrer Karriere zu unterstützen. Für seine wissenschaftlichen Erfolge und für sein Engagement als Wissenschaftsmanager wurde der Entwicklungsbiologe vielfach ausgezeichnet. (cr)



(Bild: shutterstock_11517901)



Herbert Jäckle

promovierte 1977 an der Universität Freiburg in Biologie. Anschließend arbeitete er an der University of Texas in Austin (USA), am *European Molecular Biology Laboratory* in Heidelberg und am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Tübingen. Im Jahr 1987 wurde er Ordinarius für Genetik an der Ludwig-Maximilians-Universität München. 1991 wechselte er nach Göttingen an das MPI-BPC, wo er seitdem als Direktor die Abteilung *Molekulare Entwicklungsbiologie* leitet. Seit 1993 lehrt er zudem als Honorarprofessor an der Universität Göttingen. Die Max-Planck-Gesellschaft ernannte ihn 2002 zu ihrem Vize-Präsidenten. 2008 wurde er für eine weitere Amtszeit bis zum Jahr 2014 berufen.

Herbert Jäckle erhielt zahlreiche Preise und Auszeichnungen, darunter den Gottfried Wilhelm Leibniz-Preis (1986), den Feldberg-Preis (1990), den Otto Bayer-Preis (1992), den Louis Jeantet-Preis für Medizin (1999), den Deutschen Zukunftspreis (1999) sowie den China *International Cooperation Award* und den Preis für internationale wissenschaftlich-technische Zusammenarbeit der Volksrepublik China (beide 2013). 2010 wurde er mit dem Verdienstkreuz erster Klasse der Bundesrepublik Deutschland ausgezeichnet. Der argentinische Staat ehrte ihn 2014 mit dem Luis Federico Leloir-Preis. Er hält Ehrendoktorwürden des *Weizmann Institute of Science* in Rehovot (Israel) und der Universität Basel (Schweiz).



Kulturpreis Bayern geht an Clemens Plaschka

Clemens Plaschka, Nachwuchswissenschaftler am MPI-BPC, ist mit dem *Kulturpreis Bayern 2015* der Bayernwerk AG in der Kategorie „Universitäten“ ausgezeichnet worden. Mit der Ehrung würdigt das Unternehmen Clemens Plaschkas Doktorarbeit über die Struktur und Funktion eines Proteinkomplexes, der die Aktivität von Genen steuert. Der Biochemiker promovierte damit in diesem Jahr an der Ludwig-Maximilians-Universität (LMU) München. Er nahm den mit 2 000 Euro dotierten Preis am 18. November auf einer feierlichen Veranstaltung im niederbayrischen Eschenbach entgegen.

Mehr als 20000 Gene liegen auf der menschlichen DNA. Sie liefern die Bauanleitungen für Proteine, die universalen Werkzeuge der Zelle. Proteine erfüllen vielfältige Aufgaben: Sie geben den Zellen Halt, transportieren Fracht, übertragen Signale oder sind an chemischen Reaktionen beteiligt. Die Übersetzung der genetischen Information in Proteine nennt sich Genexpression. Damit nach den Vorschriften eines Gens ein Protein entstehen kann, muss der entsprechende DNA-Abschnitt zunächst in eine Abschrift, die RNA, kopiert werden. Dies erledigt eine zelluläre Nanomaschine, die RNA-Polymerase II (Pol II). Anhand der RNA-Kopie stellt die Zelle anschließend die Proteine her. Einige dieser Proteine helfen wiederum, die Genexpression zu steuern – denn welche Gene wann kopiert werden, regelt die Zelle genau, je nach Bedarf.

Einen wichtigen Beitrag zu dieser Kontrolle leistet ein Proteinkomplex, der als Mediator bezeichnet wird. Er empfängt regulatorische Signale der Zelle und ist daran beteiligt, Pol II auf der DNA für den Kopiervorgang startklar zu machen. Um besser zu verstehen, wie der Mediator-Komplex die Expression von Genen steuert, versuchen Wissenschaftler, seine dreidimensionale Struktur zu entschlüsseln. Ein schwieriges Unterfangen, denn der Mediator-Komplex besitzt für die Strukturbestimmung ungünstige Eigenschaften: Er ist sehr groß, besteht aus vielen verschiedenen Proteinen und ist in Zellen nur in vergleichsweise geringer Zahl vorhanden.

Clemens Plaschka konnte in seiner Doktorarbeit im Labor von Patrick Cramer erstmals zwei wichtige Strukturen des Mediators von Hefezellen im Detail bestimmen: Zum einen entschlüsselte er, wie sechs Proteine atomar aufgebaut sind, die den sogenannten „Kopf“ des Mediators bilden. Zum anderen gelang es ihm, den „Kern“ des Mediators an Pol II zu binden und seine Struktur zu analysieren. „Wir konnten unter anderem zeigen, wie genau der Mediator die RNA-Polymerase II und den wichtigen Faktor TFIIB zur DNA lotst“, erläutert Clemens Plaschka. „Unsere Ergebnisse erlauben einen tieferen Einblick in die Rolle des Mediators in der Genexpression und liefern ein strukturelles Gerüst für zukünftige Studien.“ (fk)



Über den Kulturpreis Bayern

Der Kulturpreis Bayern wird seit 2005 jährlich von der Bayernwerk AG für hervorragende Leistungen in Kunst und Wissenschaft verliehen. Die Auszeichnung soll kulturelle Vielfalt und exzellente Wissenschaft fördern. Die Kategorie „Universitäten“ ehrt die besten Doktorarbeiten an den bayrischen Hochschulen. Die Preisträger werden von den Universitäten benannt.



Ulrike Beisiegel für zweite Amtszeit ab 1. Januar 2017 wiedergewählt

Ulrike Beisiegel bleibt Präsidentin der Universität Göttingen. Der Senat der Hochschule stimmte am 18. November mit großer Mehrheit für eine zweite Amtszeit, der Stiftungsausschuss Universität hat den Vorschlag einstimmig bestätigt. Frau Beisiegel ist seit dem 1. Januar 2011 Präsidentin der Universität Göttingen. Ihre achtjährige zweite Amtszeit beginnt am 1. Januar 2017.

Der Sprecher des Senats, Matthias Schumann, erklärte: „Der Senat der Universität Göttingen hat sich mit großer Mehrheit für eine weitere Amtszeit von Frau Prof. Beisiegel ausgesprochen. Sie kann so mit ihren Erfahrungen und ihrem Engagement den beschrittenen Weg für die Universität, insbesondere

bei den wichtigen anstehenden Aufgaben, gemeinsam mit den Beschäftigten fortsetzen. Dazu wünschen wir ihr viel Erfolg und alles Gute.“

Die Universitätspräsidentin bedankte sich für das entgegengebrachte Vertrauen. „Ich freue mich auf meine zweite Amtszeit, in der ich mich vorrangig auf die Umsetzung der Strategie der Universität und die Anträge im geplanten Nachfolgeprogramm zur Exzellenzinitiative konzentrieren werde.“

Nach einer Pressemitteilung der Universität Göttingen

Leuchtturm in der Energieforschung



International Center for Advanced Studies of Energy Conversion (ICASEC) ist der Titel eines neuen Zentrums an der Universität Göttingen. Es hat das Ziel, die Universität Göttingen im Bereich der Energieforschung zu stärken, indem Grundlagenforschung, internationale Vernetzung und Bildungsinitiativen durch Austauschprogramme gefördert werden. Das Zentrum wird gemeinsam von der Universität Göttingen und dem MPI-BPC finanziert.

Das Energieproblem ist eine der größten globalen Herausforderungen unserer Zeit. Zur Bewältigung dieser Aufgabe werden enge internationale Zusammenarbeit sowie langfristige Ansätze benötigt“, so Alec Wodtke, Sprecher von ICASEC und Leiter der Abteilung *Dynamik an Oberflächen* am MPI-BPC. „Daher nimmt die Grundlagenforschung auf diesem Gebiet eine entscheidende Rolle ein und wird auf lange Sicht zu wichtigen Innovationen führen.“ Die Mitglieder setzen sich aus Vertreterinnen und Vertretern der Fakultäten für Biologie und Psychologie, für Chemie und für Physik der Universität Göttingen sowie des MPI-BPC und des *XLAB – Göttinger Experimentallabor für junge Leute e.V.* zusammen. Internationale Partner sind unter anderem das *Institute of Chemical Research of Catalonia* in Spanien, das *Dalian Institute of Chemical Physics* in China und die *École polytechnique fédérale de Lausanne* in der Schweiz.

Weitere Informationen zum Zentrum sind im Internet unter www.icasec.uni-goettingen.de zu finden.

Nach einer Pressemitteilung der Universität Göttingen



Kristallkunst

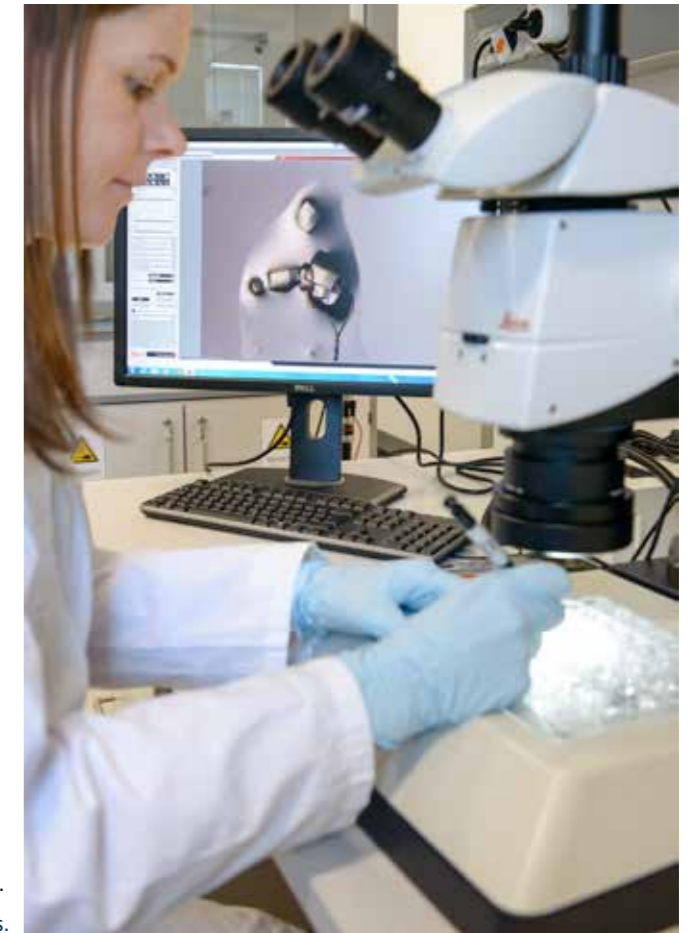
Protein-Kristalle sind winzig und erscheinen wie filigrane Kunstwerke. Forscher nutzen sie, um im Detail zu verstehen, wie Proteine aufgebaut sind und wie sie funktionieren. Eine hohe Kunst ist es auch, Proteine überhaupt erst dazu zu bringen, Kristalle zu bilden. Davon haben wir uns in der Kristallisations-Facility des MPI-BPC überzeugt.



(Kristallisations-Facility MPI-BPC)

»Für manche ist Protein-Kristallografie mehr Kunst als Wissenschaft«

Sarah Sainsbury



Sarah Sainsbury sucht nach Proteinkristallen.
Sarah Sainsbury is fishing for protein crystals.

Für manche ist Protein-Kristallografie mehr Kunst als Wissenschaft“, sagt Sarah Sainsbury, Leiterin der Kristallisations-Facility, schmunzelnd. Um dies zu verstehen, reicht ein Blick durch das Mikroskop: Proteine bilden wunderschöne und vielfältige Kristalle.

Die ersten dieser kunstvollen „Meisterwerke“ wurden in den späten 1950er Jahren erschaffen: Damals kristallisierten John Kendrew und Max Perutz die Proteine Myoglobin und Hämoglobin und beschossen sie mit Röntgenstrahlen. Auf Grundlage der so gewonnenen Informationen erstellten sie dreidimensionale Modelle der beiden Proteine. Diese wurden natürlich nie in einer Kunstgalerie ausgestellt – sie brachten den beiden Forschern jedoch wissenschaftlich die höchste Anerkennung ein: den Nobelpreis für Chemie im Jahr 1962. Seither hat sich am Prinzip der Protein-Kristallisation nichts geändert. Die Kristalle streuen die Röntgenstrahlen und erzeugen ein Muster. Daraus leiten die Forscher die Proteinstruktur ab. Dies ist heute die am häufigsten genutzte

Methode, um die dreidimensionale Struktur von Proteinen zu bestimmen.

Doch warum ist es überhaupt wichtig, die Gestalt eines Proteins genau zu kennen? Die Antwort auf diese Frage findet sich in einem Credo der Strukturbioologen: Struktur ist Funktion. Mit anderen Worten: Um zu verstehen, wie ein Protein funktioniert, muss man dessen dreidimensionale Struktur so detailliert wie möglich kennen. Diese Struktur zu bestimmen, kann oft knifflig sein. Die Protein-Kristallisation ist eine der wenigen hierfür geeigneten Methoden und dabei so erfolgreich, dass sich mit ihr heute sogar die Struktur riesiger molekularer Komplexe wie Ribosomen oder Polymerasen analysieren lässt.

Die Sache hat nur einen Haken: Trotz jahrzehntelanger Erfahrung mit der Methode ist es immer noch fast unmöglich vorherzusagen, unter welchen Bedingungen ein bestimmtes Protein Kristalle bildet. „Es gibt lediglich Tendenzen: Proteine mit verwandten Eigenschaften neigen dazu, unter ähnlichen Bedingungen zu kristallisieren“, er-

klärt Sarah Sainsbury, „dafür gibt es aber keine Garantie.“ Diese Komplexität und die damit verbundene Unsicherheit sind ein wesentlicher Grund, warum Wissenschaftler auf Einrichtungen wie die Kristallisations-Facility unter dem Dach von Turm 4 des MPI-BPC angewiesen sind: Hier werden die richtigen chemischen Verhältnisse unter tausenden Möglichkeiten ermittelt.

Mit einem Künstler-Atelier haben die Räume der Facility natürlich sehr wenig zu tun – stattdessen trifft man hier auf modernste Technik. Mehrere Roboter pipettieren automatisch winzige Mengen Flüssigkeit in Vertiefungen von Plastikplatten, Lösungen fließen durch Schläuche aus Flaschen zu verschiedenen Geräten und ein großer Schrank bietet genau kontrollierte Bedingungen für das Kristallwachstum. Mittendrin sind zwei Männer in Laborkitteln damit beschäftigt, die Abläufe zu überwachen. Jürgen Wawrzinek und Thomas Schulz sind die Technischen Assistenten, die die Facility am Laufen halten und die Forscher beim Züchten der Kristalle unterstützen.

Die Kristallisations-Facility wurde erstmals von der Abteilung *Zelluläre Biochemie* von Reinhard Lührmann unter der Leitung von Vlad Pena eingerichtet. Ulrich Steuerwald lieferte die Expertise für die Robotertechnik. Die Facility erhielt neue Geräte, als Patrick Cramer 2014 an das Institut kam, und gehört seither zu dessen Abteilung *Molekularbiologie*. „Bei uns züchten aber Wissenschaftler aus vielen verschiedenen Laboren des Instituts Kristalle“, berichtet Jürgen Wawrzinek. Etwa 30 Forscherinnen und Forscher nutzen im Moment die Facility. „Tatsächlich aber nehmen sehr viel mehr Kollegen unseren Service in Anspruch. Zuvor müssen sie viel Zeit in die Vorbereitung ihrer Proteine investieren.“ In der Tat ist das eigentliche Erzeugen der Kristalle nur ein Teil der Arbeit, wenn es um Strukturbestimmung geht. Erst müssen die Wissenschaftler das Protein oder den Proteinkomplex, dessen Struktur sie untersuchen wollen, herstellen und aufreinigen. Das kann Monate dauern. „Um einen guten Kristall zu bekommen, ist es absolut essenziell, das Protein so gut wie

möglich aufzureinigen“, bestätigt Sarah Sainsbury. Nur eine sehr reine Proteinprobe liefert gute Kristalle. Es ist wie bei Eischnee: Man muss sicherstellen, dass keine Spur Eigelb im Eiweiß ist, sonst wird man es nicht steif schlagen können. Das liegt an den Emulgatoren im Eigelb – sie hindern die Proteine im Eiweiß daran, ein Netz zu bilden. Genauso können Kontaminationen in der Proteinprobe das Protein daran hindern zu kristallisieren. „Außerdem ist die Wahl von Co-Faktoren wie zum Beispiel Metallionen wichtig. Sie können ein Protein stabilisieren und so dazu beitragen, es zu kristallisieren.“

Kristalle können nach Stunden oder Wochen entstehen

„Sobald das Protein aufgereinigt ist, übernehmen wir das Screening, um die passenden Kristallisationsbedingungen zu ermitteln“, sagt Thomas Schulz. An dieser Stelle wird deutlich, warum die Kristallisations-Facility eine so große Hilfe für die Forscher ist. Bis zu 2000 Bedingungen lassen sich hier prüfen,

unter denen ein Protein potentiell Kristalle bilden kann. „Mit etwas Erfahrung kann man immerhin eine Vermutung anstellen und die Zahl der Bedingungen eingrenzen, die man überprüfen muss, um die passende zu finden“, sagt Sarah Sainsbury.

Die Proben für das Screening bereitet ein Roboter vor. Einmal programmiert, mischt er winzige Mengen des aufgereinigten Proteins mit verschiedenen Chemikalien und erzeugt so immer wieder individuelle Bedingungen für die Kristallisation. Diese Bedingungen unterscheiden sich in Faktoren wie pH-Wert, Ionenstärke, der Gegenwart von Salzen und Liganden. Für jede Bedingung werden lediglich 100 Nanoliter der Proteinprobe benötigt – das ist ein zehntausendstel Milliliter. Diese Sparsamkeit ist wichtig, da sich viele Proteine nur in sehr geringen Mengen herstellen und reinigen lassen.

Doch wie bildet ein Protein überhaupt Kristalle aus? Sarah Sainsbury erklärt: „Man muss seine Löslichkeit reduzieren, und das sehr langsam.“ Um



Thomas Schulz, Sarah Sainsbury und Jürgen Wawrzinek (von links) im Labor der Kristallisations-Facility.

Thomas Schulz, Sarah Sainsbury, and Jürgen Wawrzinek (from left) in the lab of the Crystallization Facility.

das zu erreichen, befindet sich in jeder Plattenvertiefung neben dem Tropfen mit dem Protein ein weiterer Tropfen, der einen sogenannten Präzipitanten enthält – eine Verbindung, die die Löslichkeit des Proteins stark herabsetzt. „Im Laufe der Zeit ändert sich das Volumen des Proteintropfens und damit die Löslichkeit des Proteins. Wenn die Bedingungen günstig sind, ordnen sich die Proteinmoleküle irgendwann – anstatt einfach auszufallen – in einem Kristallgitter an.“

Die ersten Kristalle können schon nach wenigen Stunden entstehen, aber auch mehrere Wochen auf sich warten lassen. „Manchmal schaut ein Forscher seine alten Platten nach Monaten durch und findet auf einmal Kristalle, die vorher noch nicht da waren“, erzählt Jürgen Wawrzinek.

Die Platten werden in dem großen Schrank im hinteren Bereich des Labors gelagert. Er bietet Platz für 1000 Platten, die insgesamt 96.000 Proben enthalten. Um nachzusehen, ob ihre Kristallisationsversuche erfolgreich sind, müssen die Wissenschaftler nicht einmal in die Facility kommen. Der Schrank ist mit einem automatisierten Kamerasystem ausgestattet, das regelmäßig Bilder von jeder Platte macht und auf einem zentralen Server abspeichert. So können die Forscher die Fotos von ihrem eigenen Computer aus nach Kristallen durchsuchen.

Gute Kristalle, schlechte Kristalle

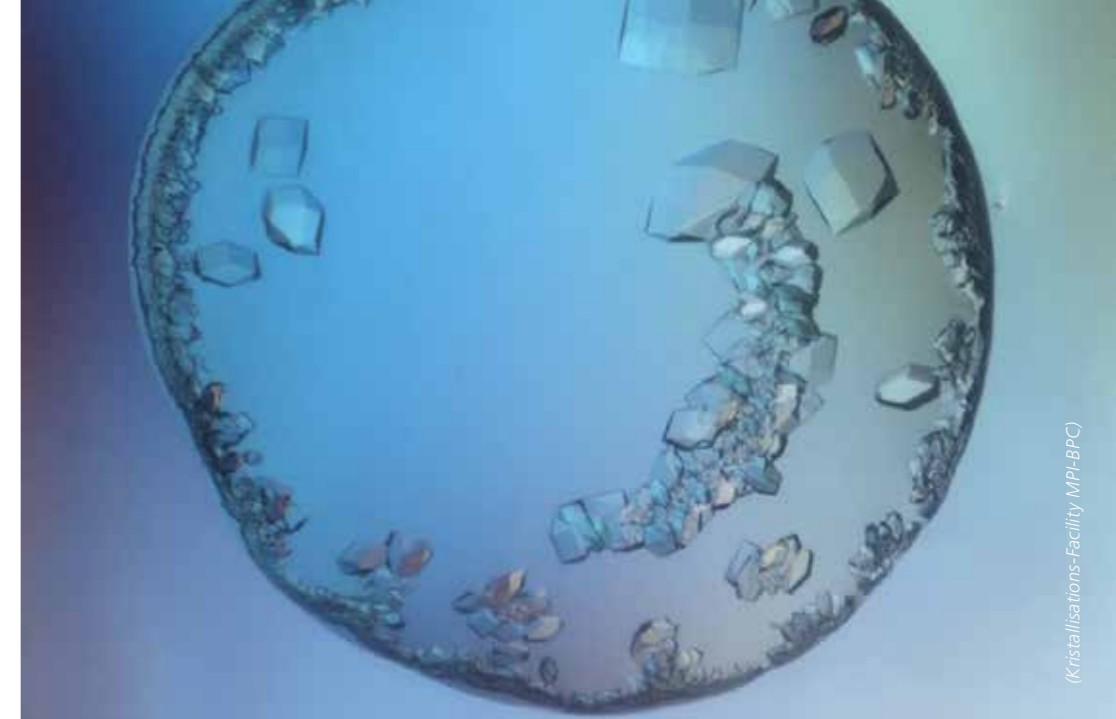
Mit den ersten Kristallen ist die Arbeit aber noch nicht getan: „Kristalle zu erzeugen ist nur der erste Schritt. Als nächstes muss man sie zum Wachsen bringen“, sagt Sarah Sainsbury. Denn zu kleine Kristalle liefern im Röntgenstrahl nicht genügend Informationen. Um sie wachsen zu lassen, ist es zumeist nötig, die Bedingungen zu verbessern, unter denen die ersten Kristalle entstanden sind. „Das bedeutet eine weitere Runde Screening. Aber dieses Mal weiß man ungefähr, welche chemische Umgebung günstig ist.“

Wenn die Kristalle schließlich groß genug sind – also normalerweise etwas über 0,1 Millimeter im Durchmesser –, ist es Zeit zu überprüfen, woraus sie bestehen. Dafür nutzt die Facility den PX Scanner – ein unscheinbares, aber leistungsstarkes Gerät, das vielversprechende Kristalle mit Röntgenstrahlen beschießt. Das resultierende Muster lässt darauf schließen, ob die Kristalle etwas taugen. An diesem Punkt kann es zu Enttäuschungen kommen, etwa dann, wenn sich die kleinen Kunstwerke gar nicht als Proteingebilde, sondern als Salz erweisen. „In dem Fall muss man mit dem Screening noch einmal ganz von vorne anfangen.“ Und die Arbeit von Wochen oder Monaten war vergeblich. Immerhin weiß der Forscher nun, nach welchen Kristallen er nicht sucht – ein schwacher Trost.

Wenn jedoch alles gut gelaufen ist und das Beugungsmuster brauchbar aussieht, folgt der letzte Schritt: Der Kristall kann zu einem der großen Synchrotrons, dem DESY in Hamburg oder dem SLS im schweizerischen Villigen, gebracht werden. Nur mit den mächtigen Röntgenstrahlen dieser Quellen lässt sich ein Beugungsmuster erzeugen, das detailliert genug ist, um daraus die Struktur des Proteinkomplexes zu berechnen.

So weit zu kommen, ist bisweilen ziemlich schwierig. Doch Erfahrung hilft, und manche Wissenschaftler haben ganz eigene Ideen, wie sie ihre Chancen verbessern können: „Manche Leute sind recht abergläubisch bei der Frage, was ihrem Protein beim Kristallisieren hilft“, erzählt Jürgen Wawrzinek lachend. „Ich habe von jemandem gehört, der in jede einzelne Screening-Probe ein Katzenhaar getaucht hat.“ Es scheint darauf hinauszulaufen: Protein-Kristallisation ist tatsächlich eine hohe Kunst und manchmal eine geheimnisvolle. (fk)

Die Kristallisations-Facility möchte dem IT & Elektronik Service (insbesondere Julian Janssen, Felix Kassner, Petra Hummel und Petra Küster) sowie der Feinmechanik-Werkstatt unseres Instituts unter der Leitung von Rainer Schürkötter für ihre Unterstützung danken. Ohne sie könnte die Facility nicht so reibungslos funktionieren.



(Kristallisations-Facility MPI-BFC)

Fünf Fragen

5 questions to Sarah Sainsbury

Was ist für Sie das Spannendste an Ihrem Beruf?

Nach all den Jahren fasziniert es mich immer noch, dass ein Protein Kristalle bilden kann.

What fascinates you most about your job?

After many years the fact that a protein can form crystals still fascinates me.

Welche andere Tätigkeit könnten Sie sich vorstellen?

Vielleicht wäre ich Ärztin oder würde etwas völlig anderes tun, zum Beispiel im Wildtierschutz arbeiten.

If you had to choose a different profession, what would you do?

Maybe I would work as a medical doctor or do something completely different like working in animal conservation.

Wie tanken Sie nach einem harten Arbeitstag Energie?

Ich treibe gerne Sport.

How do you recharge your batteries after a tough day?

I like to do some sport.

Welche Begabung hätten Sie gerne?

Ich würde wirklich gerne ein Musikinstrument spielen können.

Which talent would you like to have?

I would really like to be able to play a musical instrument.

Was würden Sie tun, wenn Sie mehr Zeit hätten?

Ich würde zeichnen oder malen, um mich zu entspannen.

What would you do if you had more time?

I would like to draw and paint to relax.



Crystal art

Protein crystals are tiny, look pretty, and researchers rely on them to understand in detail how proteins are built and how they function. However, making a protein form crystals can seem almost impossible – were it not for the Crystallization Facility at the MPI-BPC.



(Crystallization Facility MPI-BPC)

Some consider protein crystallization more an art than a science,” Sarah Sainsbury, head of the Crystallization Facility, says smiling. There certainly is some truth in this view – to appreciate it one just needs to look through a microscope at the beautiful and diverse crystals formed by proteins. With this in mind, the first masterpieces in the discipline of protein crystallization were created in the late 1950s: Back then, John Kendrew and Max Perutz crystallized the proteins myoglobin and hemoglobin, shot X-rays at them and, based on the information they hereby received, produced three-dimensional models of the two proteins. These were, of course, never exhibited in an art gallery – but they earned the two scientists a renowned scientific award in 1962: the Nobel Prize in Chemistry. Since then, the principles of protein crystallization have not changed. The pattern created by X-rays when diffracted by the protein crystal yields the crucial information. From this pattern researchers deduce the protein’s structure. Protein crystallization has gone a long way in science and today it is the method most often used to determine the three-dimensional structure of proteins.

But why is it important to know the shape of a protein in the first place? The answer to this question can be found in a credo of structural biologists: Structure is function. In other words, to properly understand how a protein works is only possible when you know its three-dimensional structure in as much detail as possible. However, to obtain this structure can be tricky. Protein crystallization is one of only very few methods available to this end – but a very powerful one: Today, with its help scientists can analyze the structure even of huge molecular complexes such as ribosomes or polymerases.

Nevertheless, there is one flaw: In spite of more than 50 years of experience with the method, it remains almost impossible to predict the conditions under which a certain protein will form

crystals. “There are just trends: Proteins that share certain properties tend to crystallize under similar conditions,” Sarah Sainsbury explains, “but there is no guarantee.” This uncertainty is a major reason why researchers depend on facilities like the one under the roof of tower four at the MPI-BPC: To find the right setting among thousands of options.

Far from looking like an artist’s studio, the two rooms of the facility are filled with modern technology: Several robots automatically pipet tiny amounts of liquid into the wells of plastic plates, solutions are pumped through hoses connecting bottles with various pieces of equipment. A huge cabinet provides space and perfectly controlled conditions for the protein crystals to grow. And in the middle of it all, two men in lab-coats are busy supervising the process. Jürgen Wawrzinek and Thomas Schulz are the technicians who run the facility and provide support for the scientists who want to grow protein crystals.

The Crystallization Facility has been founded by the Department of *Cellular Biochemistry* (led by Reinhard Lührmann) under supervision of Vlad Pena and with Ulrich Steuerwald as an expert for robotics. When Patrick Cramer joined the institute in 2014, the facility was equipped with new machines and belongs to his Department since. “But the scientists who grow crystals here come from various labs of the institute,” says Jürgen Wawrzinek. About 30 researchers are currently using the facility. “However, this is only a fraction of all the people who need our service at some point – they spend a lot of time preparing the protein they want to crystallize before coming to us.”

Indeed, obtaining a protein crystal is only part of the job when it comes to structure determination. Before that, scientists need to produce and purify the protein or the protein complex whose structure they want to study. This can take months. “To get a good crystal, it is absolutely essential to purify

the protein as well as possible,” Sarah Sainsbury points out. Only a highly purified protein sample will yield good crystals. It is like with beaten egg white: You must make sure not to have any yolk in it, otherwise you will have a tough time beating it until stiff. This is because of the emulgators contained in the yolk – they keep the proteins in the egg white from forming a mesh just as contaminations in the protein sample keep the protein from crystallizing. “Also, the choice of co-factors is important. They can stabilize a protein and thus help crystallize it.”

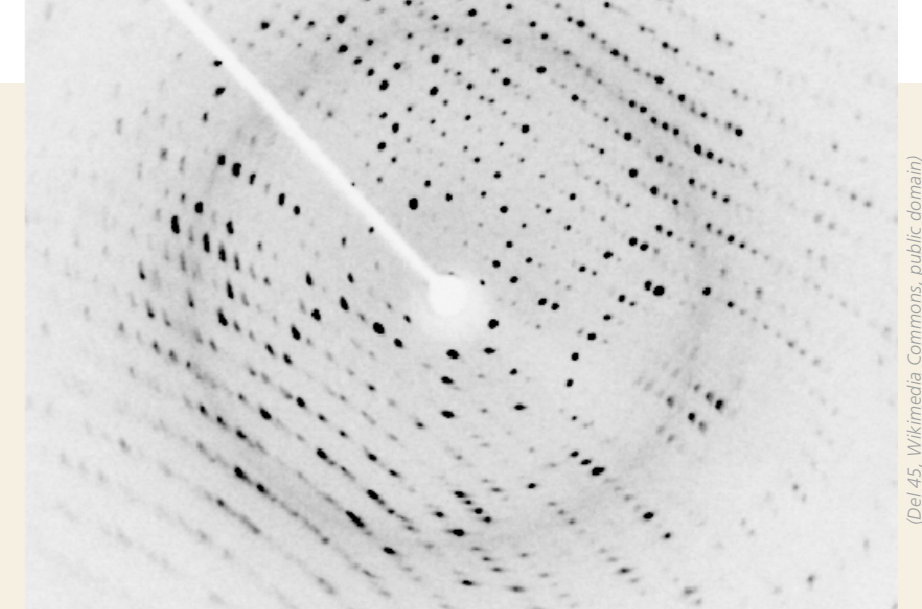
Crystals may appear after hours or weeks

“Once the protein is purified, we take over the job of screening for the proper crystallization conditions,” says Thomas Schulz. At this point, it becomes clear why the facility is of great help for our researchers. Up to 2,000 conditions can be checked to find out in which environment a protein forms crystals. “However, with some experience you can have a guess and reduce the number of conditions you need to check before finding the right one,” Sarah Sainsbury adds.

The samples for the screening are prepared by a robot. Once programmed, it mixes tiny amounts of purified protein with different chemicals and thus creates individual environments for crystallization. These environments differ in many factors such as pH, ionic strength, the presence of various salts and ligands. For each condition, as little as 100 nanoliters of the protein sample are required, that is a tenth of a thousandth of a milliliter. This thriftiness is important as many proteins can only be produced and purified in small amounts.

But why should a protein form crystals? Sarah Sainsbury explains: “You have to reduce its solubility, but very slowly.” To achieve this, in each plate well the drop containing the protein is accompanied by a second drop that contains a so-called precipitant – this is a compound that strongly reduces the protein’s solubility. “Over time, the volume of the drop changes which affects the protein solubility. At some point, if the conditions are favorable, instead of just precipitating the protein molecules will arrange in a crystal lattice.”

For the first crystals to appear it may take as little as a few hours or as much as several weeks. “Sometimes, a



X-ray diffraction pattern of a lysozyme crystal. / Röntgenbeugungsmuster eines Lysozym-Kristalls.

(Del 45, Wikimedia Commons, public domain)

researcher goes through his or her old plates months later and suddenly finds crystals that have not been there before,” says Jürgen Wawrzinek.

The plates are stored in the big cabinet in the back of the lab. It provides space for 1,000 plates containing 96,000 samples. In order to check if their crystallization attempts are successful, the scientists do not even need to come upstairs into the facility. The imager is equipped with an automated camera system that regularly takes pictures of every plate. The images are transferred onto a central server and the researchers can look through them from their own computer to see if they can spot any crystals.

Good crystals, bad crystals

With the first crystals, however, the job is not yet done: “Getting the crystals is only the first part. Next, you need to make them grow,” says Sarah Sainsbury. For crystals that are too tiny will not yield enough information when shot at with X-rays. And to make them grow it is usually necessary to further optimize the conditions under which the first crystals appeared. “This means another round of screening. But this time, you already know roughly what chemical environment is favorable.”

Finally, when the crystals are big enough – that is, something usually above 0.1 millimeters in diameter – it is time to check what they are made of. To this end, the facility harbors an inconspicuous but powerful machine, the PX Scanner. It shoots X-rays at promising crystals. The resulting pattern indicates if the crystals are any good. Here, dis-

appointment is threatening: At times it turns out that the miniature works of art are not built of protein after all – but of salt. “In that case, one has to start all over again with the screening.” And the work of weeks or months was all in vain. At least now the researcher knows what crystals he or she is not looking for – a thought of only little consolation.

But if all has gone well and the diffraction pattern looks promising, it is time for the last step: The scientists can take the crystal to one of the large synchrotrons DESY in Hamburg or SLS in Villigen, Switzerland. Only with the powerful X-rays generated by these sources they can obtain a diffraction pattern detailed enough to calculate the structure of the protein complex.

To get this far is tough at times. But experience helps, and some scientists come up with their very own ideas of how they can increase the odds: “Some people are kind of superstitious in what they believe helps their protein to crystallize properly,” Jürgen Wawrzinek tells laughing. “We had a guy who dipped a cat hair into each of his screening samples.” It seems to come down to this: Protein crystallization is some sort of art, indeed, and sometimes an obscure one. (fk)

The crystal facility would like to acknowledge the support from the IT & Electronics Service (in particular Julian Janssen, Felix Kassner, Petra Hummel, and Petra Küster) and the Precision Mechanics Workshop of our institute headed by Rainer Schürkötter for their contributions in order to keep the facility running smoothly.

pme familienservice hilft bei Fragen rund um die Vereinbarkeit von Familie und Beruf

Der *pme familienservice* ist seit dem 1. Juli 2015 der neue Kooperationspartner der Max-Planck-Gesellschaft (MPG) in Familienfragen. Das Expertenteam steht den Beschäftigten der Max-Planck-Institute (MPI) künftig auf Wunsch in Fragen zu Kinderbetreuung und Pflegeversorgung mit Rat und Tat zur Seite.

Oft lässt sich die Verantwortung für die Familie nicht einfach an der Tür zum Labor oder zum Büro abgeben und bei Arbeitsende wieder aufnehmen. Die MPG bietet ihren Beschäftigten nun Unterstützung in Form eines Leistungspakets des *pme familienservice*. Diese Dienste können kostenlos in Anspruch genommen werden. Der Service ist Teil des Engagements der MPG für eine bessere Vereinbarkeit von Familie und Beruf. Dass sie damit auf dem richtigen Weg ist, wird ihr mit der Re-Zertifizierung durch den Auditor *berufundfamilie* regelmäßig bestätigt.

Was ist der *pme familienservice*?

Die *pme familienservice GmbH* ist seit 1991 als beratender Dienstleister für Unternehmen tätig, die sich einer familienfreundlichen Personalpolitik verschrieben haben. Eigene Betreuungsleistungen werden, mit Ausnahme einer Notfallbetreuung für Kinder, nicht erbracht.

Niederlassungen in ganz Deutschland, darunter Hannover und Kassel, ermöglichen eine Vor-Ort-Beratung. Die Adressen der Standorte und ein Kontaktformular sind im speziell für das MPG eingerichteten Online-Portal zu finden. Dort hin gelangt man über einen Link, beziehungsweise ein Login unter *Generalverwaltung* im MPG-Intranet. Auch über die Hotline kann man sich direkt mit einem Ansprechpartner für die MPG verbinden lassen. Nicht zuletzt bieten Flyer, die derzeit am Institut ausliegen, weitere Informationen zu Leistungen und Kontakten des *pme familienservice*.

Kontakt *pme familienservice*

Hotline (um Vermittlung mit MPG-Ansprechpartner bitten): +49 800 80 100 70 80
Online-Portal: Zugangsdaten sind im MPG-Intranet zu finden unter *Generalverwaltung > Abteilung II > Referat II c > Beruf und Familie > Betreuung in der MPG*



Was bietet der *pme familienservice*?

Konkret unterstützt der Service bei allen Fragen zur Betreuung von nicht-schulpflichtigen Kindern und zur Pflege von Angehörigen. Hier bietet er Beratung, Planung und Vermittlung im Vorfeld an. Die Kosten für die Betreuung selbst sind weiterhin direkt an die jeweilige Einrichtung beziehungsweise Person zu entrichten.

Ratsuchende Eltern erhalten etwa Hilfe bei der Suche nach der passenden Einrichtung, bei Finanzierungsfragen oder in rechtlichen Belangen wie Mutterschutz und Elternzeit. Auch für ganz grundlegende Probleme im Kontext von Schwangerschaft oder Erziehung ist der Familienservice ein vertrauenswürdiger Ansprechpartner. Beratung und Vermittlung im Bereich Pflege findet man beim „homecare-eldercare“-Service. Dieser hilft auch bei Anträgen und Vollmachten oder im Umgang mit Behörden und Versicherungen. In besonderen Belastungssituationen oder bei Konflikten in der Familie kann man sich ebenfalls an die Familienservice-Experten wenden.

Kinderbetreuung in letzter Minute

Ein ganz praktisches Angebot ist die „Back-Up“-Notfallbetreuung, die für zwei Tage im Jahr für jedes Kind kostenfrei in Anspruch genommen werden kann. Ruft man am Vortag bis 18 Uhr bei der Hotline an, kann das Kind bereits am nächsten Tag in einem der Betreuungszentren untergebracht werden. Hierfür ist lediglich ein Berechtigungsschein auszufüllen, der über das Online-Portal oder in der Verwaltung erhältlich ist. Das für Göttingen zuständige Betreuungszentrum ist in Hannover. (ma)

pme familienservice Back-up Center Hannover:

CompanyKids S-krabbelt
Große Düwelstr. 16-18
30171 Hannover
Tel. +49 511 7002000

pme familienservice helps balancing working life and family

The service provider *pme familienservice* is the new cooperation partner of the Max Planck Society (MPS) in all kinds of family issues. It will support the institutes' employees in all decisions regarding care of children and elderly people. The services are available free of charge to all employees of the MPS. This offer is part of the MPS' engagement aiming at a better compatibility of family and working life for its staff.

What the family service can do

pme familienservice mainly offers consulting in the fields of early childhood care and care of elderly people such as selection of the suitable care type, search for the appropriate facility, assistance in legal and financial matters, or advice on the challenges of parenthood and care responsibilities. With exception of a last-minute back-up care for children it does not render direct care services.

Last minute back-up care for children

The back-up care service can be ordered twice a year for each child and is free of charge, too. You just need to call the nearest subsidiary or back-up center of *pme familienservice* earlier than 6 pm the day before you actually need the service. To book this service, please fill out a voucher which

can be downloaded from the online portal or picked up at the MPI-BPC administration. Please note that the nearest back-up center for Göttingen is in Hannover.

How to contact the service

Contact details for *pme familienservice* can be found in a flyer available in the institute or on the company's website. It provides a special online portal for MPS employees. The login and the link to the portal are available in the MPS intranet at *Generalverwaltung > Abteilung II > Referat II c > Beruf und Familie > Betreuung in der MPG*. If calling the *pme familienservice* hotline +49 800 80 100 70 80 please ask to be connected with a special advisor for MPS employees. (ma)





Zur Vernissage war der Künstler Hernán Puelma am Institut zu Gast (oben rechts). Kunsthistorikerin Verena Suchy sprach über sein Werk, Igor Pavlyk spielte Akkordeon (Bild linke Seite).

Der Eindruck von Tiefe und Relief

Südamerikanische Grafiken von Hernán Puelma waren in der neuesten *Kunst am Fassberg*-Ausstellung zu sehen. Beginnend mit der feierlichen Vernissage am 24. Oktober waren die Kunstwerke bis zum 18. November im Foyer des Instituts zu sehen.

Das grafische Werk Hernán Puelmas steht vergleichsweise selten im Mittelpunkt des öffentlichen Interesses, denn der internationale Ruf des chilenischen Künstlers gründet sich insbesondere auf seinen Skulpturen. Ein viel zitierter Ausspruch des Künstlers lautet in loser deutscher Übersetzung: „Alles was ich bin, verdanke ich der Skulptur – im Guten wie im Schlechten.“ Dabei ist Hernán Puelma künstlerischer Autodidakt, der seinen Zugang zur Skulptur vornehmlich über seine erste Ausbildung zum Industriemechaniker erhielt. In dieser praktischen Ausbildung gründeten sich sein handwerkliches Können und sein tiefes Verständnis für das Material, mit dem er arbeitet. Auf die handwerkliche Ausbildung folgte das Studium der Bildhauerei und der Anthropologie.

Prägend für das künstlerische Werk des Chilenen waren internationale und nationale politische Ereignisse wie 1973 der Sturz der Regierung Salvador Allendes durch den Militärputsch Pinochets. Auch der Kalte Krieg beschäftigte ihn besonders ab den 1980er Jahren: Es entstand die Serie der sogenannten „Spione“, in der Hernán Puelma Werke von beißendem Sarkasmus und düsterem Humor schafft, um das Klima der Bedrückung und Bespitzelung durch internationale Geheimdienste zu transportieren. Aber auch die Anthropologie übte profunden Einfluss auf sein künstlerisches Schaffen aus, in dem stets der Mensch und das Menschliche an sich im Mittelpunkt stehen. Auch in seinem grafischen Werk bildet häufig der Mensch den Ausgangspunkt, seine Geschichte und Spiritualität, wobei eine wichtige

Inspirationsquelle in der präkolumbianischen Kultur Chiles liegt. Diese künstlerische Auseinandersetzung mit der indigenen Tradition Chiles wurde auch dadurch befördert, dass Hernán Puelma ab 1981 Direktor des Archäologischen Museums in Santiago de Chile war und so präkolumbianische Artefakte gleichsam täglich vor Augen hatte. Gerade die Kunst und Spiritualität des indigenen Chiles nehmen breiten Raum in Hernán Puelmas grafischem Werk ein, ebenso wie die Flora und Fauna des Landes oder die volkstümliche chilenische Religiosität mit ihren synkretistischen Tendenzen, die von Katholizismus und indigenen Praktiken gleichermaßen geprägt ist. Die Grafiken werden bevölkert von Schamanen, Madonnen, Göttern, materiellen Artefakten, aber beispielsweise auch von Krokodilen.

Der Künstler druckt seine Grafiken mit dem Verfahren der digitalen Serigrafie – einem Siebdruckverfahren – auf handgeschöpftem japanischen Papier, dessen Samtigkeit und haptische Qualität wesentlich zum ästhetischen Eindruck seiner Grafiken beiträgt. Hernán Puelma bezieht diese haptisch-sinnliche Qualität der Papieroberfläche gezielt in seine Grafiken ein, indem er beispielsweise über sandige Texturen oder transparente Druckfolien gleichsam dreidimensionale Effekte erzielt.

In der Tat bricht Hernán Puelmas grafisches Werk mit traditionellen Gattungsgrenzen: Seine Grafiken sind nur streng genommen zweidimensionale Werke. Denn vielmehr muten sie skulptural an, sie erwecken einen synästhetischen Eindruck von Tiefe und Relief und wecken im Betrachter den Wunsch, das Werk auch haptisch begreifen zu wollen. Dies hängt elementar mit ihrem Werkprozess zusammen. Die Grafiken sind mitnichten als zweidimensionale Objekte erdacht, sondern Ausgangspunkt sind Collagen und Assemblagen dreidimensionaler Objekte, die dann fotografiert, verfremdet und miteinander kombiniert

werden, die sich überlagern und so assoziativ neue Beziehungsebenen eröffnen. Hernán Puelmas Grafiken rutschen dabei aber nie in die inhaltliche Beliebigkeit ab, die ja bisweilen mit einer gewissen künstlerischen Sinnoffenheit einhergeht. Sie sind, obwohl abstrahierend, nie vollkommen abstrakt, sondern beziehen Stellung zu politischen und gesellschaftlichen Fragen.

Hernán Puelma ist ein Künstler von ungebrochener künstlerischer Schaffenskraft, ein Mensch, der voller kreativer Energie steckt, der begeistert neue technische Möglichkeiten der digitalen Bildbearbeitung für sich erschließt und sich voller Tatendrang in neue Großprojekte stürzt. So wird gerade in Santiago de Chile eine neue monumentale Plastik aus Fiberglas und Eisen im öffentlichen Raum aufgestellt; im Anschluss an *Kunst am Fassberg* in Göttingen bespielt er eine weitere Einzelausstellung in Barcelona, und auch sein eigenes Museum errichtet Hernán Puelma gerade auf seiner Farm, etwa 200 Kilometer von Santiago entfernt.

Aus der *Laudatio der Göttinger Kunsthistorikerin Verena Suchy*



Gemeinsam unterwegs

Die Teams an unserem Institut sind auch in diesem Jahr wieder „auf Tour“ gegangen. Ob Betriebsausflüge oder mehrtägige Lab Retreats: Nicht nur jetzt am Jahresende erinnern sich alle gerne daran zurück. Wir haben eine kleine Auswahl an Ausflugseindrücken zusammengestellt. Vielleicht ist ja die eine oder andere Inspiration für das nächste Jahr dabei?



Abteilung Molekularbiologie

Wissenschaft und Teambuilding in perfekter Kulisse: Die Abteilung Molekularbiologie reiste für einen gemeinsamen Workshop zum Schloss Ringberg am Tegernsee. Sechs geladene Sprecher (unter anderem vom *European Molecular Biology Laboratory* Heidelberg und dem *Laboratory of Molecular Biology* Cambridge) bereicherten mit ihren Vorträgen das Programm und die Diskussionsrunden. In der Freizeit konnten die Teilnehmer wandern, boßeln und die Destillerie Liedschreiber besuchen.



Abteilung Theoretische und Computergestützte Biophysik

Mit dem Kanupaddeln mittlerweile bestens vertraut ist die Abteilung *Theoretische und Computergestützte Biophysik*: Wie schon bei einem früheren Betriebsausflug ging es auch in diesem Jahr in Vierer-Kanus auf die Diemel. Der guten Laune tat auch die eine oder andere unfreiwillige Eskimorolle keinen Abbruch.



IT & Elektronik Service

Moderne Technik in alten Mauern: Das Team vom *IT & Elektronik Service* besuchte während seines Betriebsausfluges die Wassermühle von Emeritus-Direktor Erwin Neher in Bilshausen. Die Kolleginnen und Kollegen informierten sich darüber, wie hier mittels Wasserkraft Energie gewonnen wird, und ließen sich im Mühlencafé Kaffee und Kuchen schmecken.



Abteilung Zelluläre Logistik

Einmal außerhalb des Labors experimentieren war das Ausflugsmotto der Abteilung *Zelluläre Logistik*. Der Besuch der *Phaeno*, einer großen Experimentierlandschaft in Wolfsburg, liegt zwar schon etwas zurück. Er bereitete den Kolleginnen und Kollegen aber augenscheinlich so gute Laune, dass das Bild nicht fehlen durfte.



Abteilung NanoBiophotonik

Die dunkle Jahreszeit inspirierte die Abteilung *NanoBiophotonik* zu einem Lightpainting-Experiment. Eindeutig ist lesbar, wo die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter ihr gemeinsames Lab Retreat verbracht haben. Schloss Ringberg, Tagungsstätte der MPG südlich von München, bot nicht nur eine erholsame Winterkulisse, sondern auch Raum für den wissenschaftlichen Austausch.



Feinmechanik und Tischlerei

Der diesjährige Betriebsausflug war ein Volltreffer: Die Mitarbeiter der Tischlerei und Feinmechanik versuchten sich im Bogenschießen. Doch das war nur der Höhepunkt eines auch sonst sehr sportlichen Tages. Auf Fahrrädern ging es zum Hofgut Stammen in Trendelburg und dann mit Kanus auf die Diemel.



Azubis

„Auf nach Köln“ hieß es für die Azubis des Instituts. Gemeinsam mit den Ausbildern Peter Böttcher und Julian Jansen schauten sie sich nicht nur die Stadt am Rhein und deren Zoo, sondern auch das MPI für Pflanzenzüchtungsforschung an. Süße Versuchen zum Probieren gab es anschließend im Schokoladenmuseum.



Verwaltung

Der Boden bebte, als die Teams der Verwaltung ihren Betriebsausflug unternahmen – und zwar in der historischen Erdbebenwarte in Göttingen. Dort erlebten sie, wie eine tonnenschwere Stahlkugel zu Boden fiel und die Erschütterungen gemessen wurden. Im Anschluss an die Führung holte ein roter London-Bus die Gruppe ab und es ging auf eine Stadtrundfahrt durch Göttingen aus einer etwas anderen Perspektive.

IMPRESSUM

Redaktionsleitung

Carmen Rotte (cr), Tel. 1304

Redaktion

Frederik Köpper (fk), Tel. 1310

Carmen Rotte, Tel. 1304

Elisa Schubert (es), Tel. 1308

Miriam Afting (ma), Tel. 1646

Layout

Christine Hemme, Tel. 1095

Claus-Peter Adam, Tel. 1474

Fotos

Irene Böttcher-Gajewski, Tel. 1135

Peter Goldmann, Tel. 1423

Druck

Bonifatius GmbH, Paderborn

Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

Am Faßberg 11, 37077 Göttingen

Tel. +49 551 201-0

Fax +49 551 201-1222

www.mpibpc.mpg.de