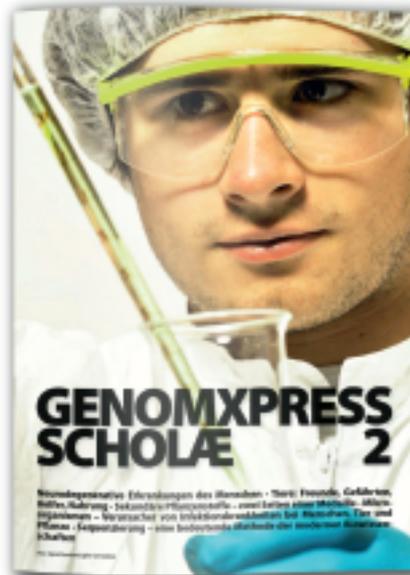


GENOMXPRESS SCHOLAE 4

Sonderausgabe: Pflanzenforschung für die Bioökonomie

Photosynthese Moderne Ansätze der Photosyntheseforschung · Die Evolution von C_4 -Pflanzen vorhersagen · Interview: Neue Ideen verhelfen der Photosyntheseforschung zum Comeback · Projektportrait: Die richtigen Kandidaten für mehr Holz **Big Data in der Pflanzenforschung** „Big Data“ heißt: Daten zum Sprechen bringen · Mit Rechenkraft voraus – Datenmengen mit Potential für die Naturwissenschaften · Interview: Ein Computer hat keine Intuition · Projektportrait: Getreidegenome lesbar machen.



GENOMXPRESS SCHOLÆ

Wer steckt dahinter?

Der **GENOMXPRESS SCHOLÆ** bietet aktuelle Forschungsergebnisse aus der Genomforschung und der Biotechnologie in einer direkt im Unterricht einsetzbaren Form. Die vorliegende Sonderausgabe „Pflanzenforschung für die Bioökonomie“ ist ein außerordentliches Sonderheft, das von PLANT 2030 konzipiert wurde. PLANT 2030 repräsentiert die angewandte Pflanzenforschung in Deutschland und betreibt das Informationsportal www.Pflanzenforschung.de mit aktuellen Beiträgen und interessanten Neuigkeiten rund um die Pflanzenforschung. Der **GENOMXPRESS SCHOLÆ** wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert und daher kostenlos abgegeben.

Informationen zum Heft und kostenloses Abonnement unter: www.genomxpress.de und www.Pflanzenforschung.de

Inhalt

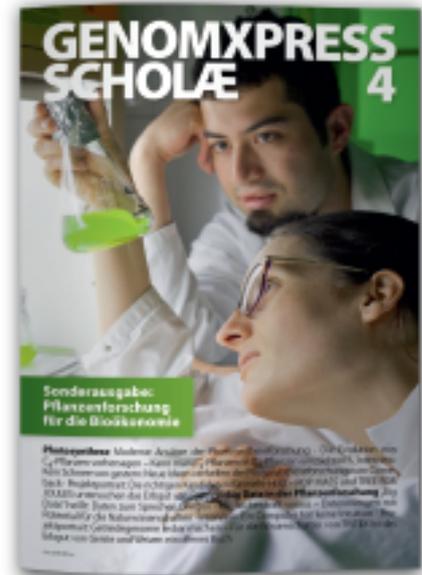
- 2 Inhalt
- 3 Einleitung
- 5 **Modul 1 – Photosynthese**

- 6 **Einleitung: Moderne Ansätze der Photosyntheseforschung**
- 8 **Die Evolution von C₄-Pflanzen vorhersagen**
Kann man C₃-Pflanzen in C₄-Pflanzen umzüchten?
- 10 **Materialien zum Weiterlesen**
- 11 **Interview: Professor Dr. Peter Westhoff**
Kein Schnee von gestern: Neue Ideen verhelfen der Photosyntheseforschung zum Comeback
- 13 **Projektportrait: Die richtigen Kandidaten für mehr Holz**
– POP MASS und TREE FOR JOULES untersuchen das Erbgut von Pappeln
- 16 **Modul 2 – Big Data in der Pflanzenforschung**

- 17 **Einleitung: „Big Data“ heißt: Daten zum Sprechen bringen**
- 19 **Mit Rechenkraft voraus**
Datenmengen mit Potential für die Naturwissenschaften
- 21 **Kilo, Mega, Giga, Tera ...**
- 22 **Interview: Professor Dr. Björn Usadel**
Ein Computer hat keine Intuition
- 24 **Materialien zum Weiterlesen**
- 25 **Projektportrait: Getreidegenome lesbar machen** –
Beim Projekt TRITEX ist das Erbgut von Gerste und Weizen ein offenes Buch
- 27 **Impressum**

Einleitung

»Da die Landwirtschaft die Grundlage für das materielle Wohl und damit auch für das geistige jedes Volkes ist, so wird eine Hebung derselben auf streng wissenschaftlicher Basis immer mehr notwendig.« William Thierry Preyer (1841–1897)



Die enge Verzahnung der Landwirtschaft mit der Wissenschaft, so wie es der britische Physiologe William Thierry Preyer einstmals forderte, ist heute Realität geworden. Auf die gegenwärtigen gesellschaftlichen Entwicklungen und Bedürfnisse bezogen, muss der Begriff der Landwirtschaft durch den der Bioökonomie erweitert werden. Laut des 2009 durch die deutsche Bundesregierung ins Leben gerufenen Bioökonomierats, berührt die Bioökonomie „alle wirtschaftlichen Sektoren und ihre dazugehörigen Dienstleistungen, die biologische Ressourcen produzieren, be- und verarbeiten oder in irgendeiner Form nutzen“. Das Konzept der biobasierten Wirtschaft ist nicht neu und trotzdem liegt darin die Zukunft: Die auf fossilen Ressourcen basierende Wirtschaft erreicht zunehmend ihre Grenzen und rasche klimatische Veränderungen bedingen zielgerichtetes Handeln. Heute ist die Bioökonomie weltweit ein zentrales Element wirtschaftspolitischer Strategien, um die notwendigen Rahmenbedingungen für eine biobasierte Wirtschaft zu schaffen.

Auf diesem Weg kommt gerade der angewandten Pflanzenforschung eine ganz zentrale Rolle zu: Sie steht an der Basis der Entwicklung biologischer Ressourcen. Denn nur durch die Bereitstellung von Wissen durch die Forschung kann die Pflanzenzüchtung rasch auf Klimaveränderungen mit angepassten Nutzpflanzen reagieren und schnellwachsende Ressourcen zur energetischen und stofflichen Verwendung hervorbringen. Durch neuartige Forschungsansätze, Methoden und Ziele durchlaufen viele Bereiche der Pflanzenforschung derzeit einen Paradigmenwech-

sel. Dies gilt besonders für die Photosyntheseforschung, die heute teils völlig neue Ansätze verfolgt. Auch die Genomforschungsinitiativen der letzten Jahre haben neben großen Datenmengen zu neuen Forschungsfeldern im Bereich der Bioinformatik und der Systembiologie geführt. Wir haben uns für die Herausgabe eines GENOMXPRESS SCHOLÆ Sonderausgabe Pflanzenforschung für die Bioökonomie entschieden, um die hier genannten Aspekte auch im Schulunterricht zugänglich zu machen. Die Ausgabe umfasst die zwei Module **Photosynthese** und **Big Data in der Pflanzenforschung** und trägt so den aktuellen Umbrüchen in der Forschung Rechnung.

Wie bei allen früheren Ausgaben gibt es wieder ein gedrucktes Heft und eine digitale Fassung (PDF). Neu ist die Verflechtung des Hefts mit ausgewählten Inhalten aus dem Internet: Für beide Module wurde jeweils eine sogenannte *Landing-Page* erstellt. Diese Seiten bieten die neuesten Informationen aus der Wissenschaft zu den Modulthemen. Weiterhin finden sich dort in übersichtlicher Gliederung sämtliche Links und Adressen aus dem Heft, die redaktionell ständig aktualisiert werden. Trotz dieser Neuerung bleibt der GENOMXPRESS SCHOLÆ auch ohne Internetverbindung ein eigenständiges und in vollem Umfang funktionsfähiges Heft, das einen Beitrag zur spannenden und forschungsnahen Unterrichtsgestaltung leisten soll.

**Wir wünschen Ihnen viel Freude beim Lesen dieser Ausgabe
Ihre PLANT 2030 Redaktion**

Wie funktioniert GENOMXPRESS SCHOLÆ?

Die zwei Module stellen getrennte inhaltliche Einheiten dar, die nicht aufeinander aufbauen und individuell in den Unterrichtsplan integriert werden können. Die Inhalte und Themen stammen aus den Forschungsprojekten von PLANT 2030. PLANT 2030 vereint die vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Forschungsaktivitäten im Bereich der angewandten Pflanzenforschung und betreibt das Informationsportal www.Pflanzenforschung.de.

Zu Beginn eines jeden Moduls finden sich eine kurze Zusammenfassung und ergänzende Hinweise auf ausgewählte Informationsquellen zum Thema. Die folgende Einführung gewährt einen Überblick zu den Herausforderungen und Lösungsansätzen des Forschungsgebiets und erläutert die fachliche Terminologie. Das Arbeitsmaterial beinhaltet spannende für den Unterricht aufbereitete Forschungsthemen mit Verweisen auf weitere Vertiefungsmöglichkeiten, Portraits aktueller Forschungsprojekte aus der Pflanzenforschung und Interviews mit führenden Größen zum Thema. Diese Beiträge sind die inhaltliche Grundlage für die Bear-

beitung der zugehörigen Arbeitsaufträge. Deren Lösung erfordert eine tiefgehende Analyse und Bewertung der Materialien, weitere Recherchen und Diskussionen in der Gruppe. Es wurde stets darauf geachtet, dass verschiedene Kommunikationsformen in den Unterricht einfließen können. Teile der Module können auch als Testaufgaben, Hausaufgaben oder zur Gestaltung von Schülervorträgen verwendet werden.

Das separate Didaktikheft enthält Lösungsvorschläge zu den Arbeitsaufträgen, Informationen und weitere Hinweise für den Unterricht. Das Didaktikheft versenden wir gerne auf Anfrage. Hierzu ist der Nachweis des pädagogischen Status erforderlich.

Alle bisher erschienenen Ausgaben des **GENOMXPRESS SCHOLÆ** stehen in elektronischer Form kostenlos unter www.genomxpresse.de zur Verfügung. Hier finden sich auch Hinweise zum Bezug des Didaktikhefts und zum kostenlosen Abonnement. Einzelhefte und zahlreiche weitere Veröffentlichungen können auch im Publikationsbereich von www.Pflanzenforschung.de bezogen werden.

Arbeitsmaterialien

Einführungen, Artikel, Projektportraits und Interviews als Grundlage für die Arbeitsaufträge



Arbeitsaufträge

Vorschläge zur Bearbeitung der Materialien im Unterricht



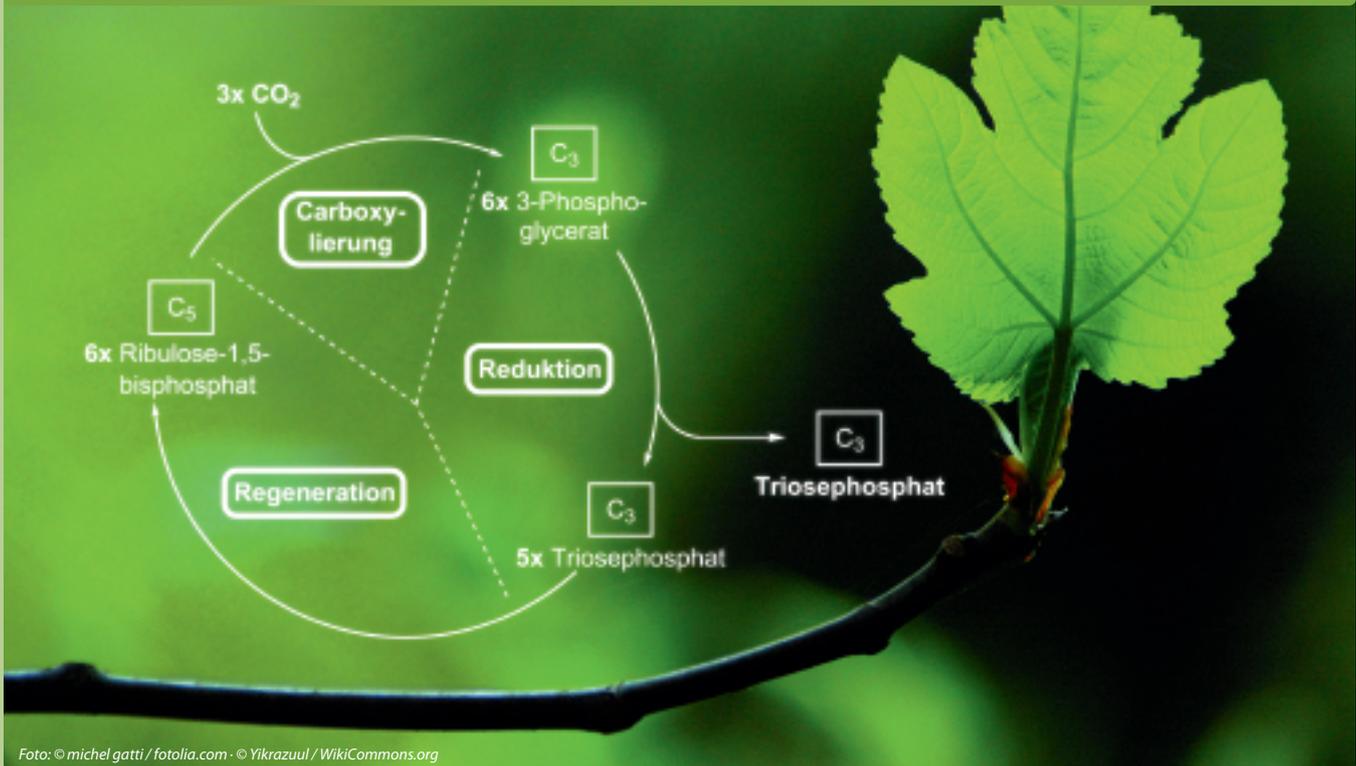
Didaktik

Separates Heft mit didaktischen Hinweisen und Lösungsvorschlägen zu den Arbeitsaufträgen



Modul 1

Photosynthese



Photosynthese

Die Photosynthese ist einer der wichtigsten biochemischen Prozesse auf unserem Planeten. Nahezu die gesamte Biomasse hängt von diesem Stoffwechselweg ab. Ohne Photosynthese gäbe es kein Leben, wie wir es kennen. Doch die Weltbevölkerung wächst und benötigt immer mehr Nahrung, Kleidung, Baumaterial und Energie. All diese Produkte können Pflanzen dank der Photosynthese liefern. Die Wissenschaft möchte daher die zugrundeliegenden Mechanismen noch besser verstehen, um Nutzpflanzen für unsere Bedürfnisse zu optimieren. Verfolgt werden hierfür die unterschiedlichen Ansätze.

Anregungen zur weiteren Recherche

Die **WissenschaftsScheune (WiS)** ist eine Einrichtung des Max-Planck-Instituts für Züchtungsforschung in Köln, in der Besucher Wissenschaft hautnah erleben können. www.wissenschaftsscheune.de

Das **Grüne Labor Gatersleben** ist ein Schülerlabor mit dem Schwerpunkt Pflanzenbiotechnologie am traditionsreichen Forschungsstandort in Gatersleben. www.gruenes-labor.de

Komm ins Beet! Das Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam lädt jedes Jahr in der Zeit zwischen Mai und Oktober zu Feldführungen unter dem Motto „KOMM INS BEET“ ein. www.komm-ins-beet.mpg.de

LeafLab - Photosynthese als Simulation ist ein englischsprachiges Online-Portal. Es bietet Schülern die Möglichkeit, pflanzenphysiologische Experimente durchzuführen und die Photosyntheseleistung bei unterschiedlichen Kohlenstoffkonzentrationen, Temperaturen und Lichtintensitäten zu messen und auszuwerten. Einsetzbar ist das Material im Unterricht oder als Einzelprojekt für Facharbeiten.

Übersicht: www.lehrer-online.de/leaflab.php

LeafLab: www.biologylab.awlonline.com

Landing-Page Photosynthese

mit aktuellen Neuigkeiten aus der Photosyntheseforschung, allen Beiträgen in diesem Heft und ständig aktualisierten Links zum Modul <http://bit.ly/1vm3Dk1>

Moderne Ansätze der Photosyntheseforschung

Photosynthese als Basis einer biobasierten Wirtschaft

Die Fähigkeit der Pflanzen, Licht zur Produktion energiereicher, chemischer Verbindungen zu nutzen, hat in den vergangenen Jahren eine neue Schlüsselindustrie ins Leben gerufen: die biobasierte Wirtschaft, auch **Bioökonomie** genannt. **Nachwachsende pflanzliche Ressourcen** sollen schrittweise die knapper werdenden fossilen Rohstoffe ersetzen und somit unseren wachsenden Rohstoff- und Energiebedarf stillen. Pflanzen könnten nicht nur Nahrung, Futter und Treibstoffe herstellen, sondern auch Ausgangsmaterialien für die Bau-, Chemie- und Textilindustrie. Für all diese Produkte liefert die Photosynthese die stoffliche Basis.

Foto: © 18percentgrey / fotolia.com

Die Photosynthese ist ein komplexer Prozess, der auf eine sehr kurze Formel reduziert werden kann: Aus Wasser und Kohlendioxid entstehen Kohlenhydrate und Sauerstoff. Die dafür notwendige Energie stammt aus dem Sonnenlicht. Das zentrale Schlüsselenzym der Photosynthese hat einen so langen Namen, dass es meistens mit seiner Abkürzung RuBisCO benannt wird. Die Ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase hat die Aufgabe, die Kohlendioxidmoleküle aus der Luft an Ribulose-1,5-bisphosphat zu koppeln. Sie katalysiert damit den entscheidenden Schritt der Photosynthese. Da die RuBisCO nur ein bis zwei Reaktionen pro Sekunde katalysieren kann, benötigt die Pflanze große Mengen dieses Enzyms. Es macht daher bis zu 50 Prozent des löslichen Proteingehalts in einem Blatt aus.

Eine der Photosynthese gegenläufige Nebenreaktion ist die Photorespiration, bei der die RuBisCO anstelle von Kohlendioxid Sauerstoff als Substrat verwendet. Durch die Photorespiration verschwendet die Pflanze Kohlendioxid, Stickstoff und Energie. Die Photorespiration tritt umso stärker auf, je höher die Sauerstoffkonzentration im Vergleich zur Kohlendioxidkonzentration im Blatt ist.

Photosynthese 2.0: C₄- und CAM-Pflanzen

Die Evolution hat im Laufe der Zeit auch modifizierte und effizientere Varianten der Photosynthese hervorgebracht. Sowohl die C₄- als auch die CAM-Pflanzen nutzen unterschiedliche Strategien, um die RuBisCO mit ausreichend Kohlendioxid zu versorgen und so die Photorespiration und auch die transpirationsbedingten Wasserver-

luste bei der Kohlendioxidaufnahme durch die Spaltöffnungen gering zu halten.

Bei den C₄-Pflanzen laufen eine Vorfixierung des CO₂ und der CALVIN-Zyklus in unterschiedlichen Blattbereichen ab: In den Mesophyllzellen wird Kohlendioxid vorfixiert und dann in die charakteristischen Bündelscheidenzellen transportiert. Erst dort kommen die RuBisCO und die Enzyme des CALVIN-Zyklus zum Einsatz. Da durch diesen Mechanismus die Kohlendioxidkonzentration in den Bündelscheidenzellen verhältnismäßig hoch ist, wird die Photorespiration unterdrückt und die Photosyntheserate gesteigert. Zu den C₄-Pflanzen zählen viele Gräser wie Mais, Zuckerrohr und Hirse.

Bei den CAM-Pflanzen, die hauptsächlich in trockenen Regionen wachsen, finden eine Vorfixierung des CO₂ und der CALVIN-Zyklus zu unterschiedlichen Tageszeiten statt (CAM = Crassulaceen-Säurestoffwechsel; engl. **Crassulacean Acid Metabolism**). Nachts, wenn es kühler ist, öffnen die Pflanzen ihre Spaltöffnungen und fixieren große Mengen Kohlendioxid, die meist in Form von Äpfelsäure (Malat) in den Vakuolen gespeichert werden. Tagsüber bleiben die Spaltöffnungen geschlossen. Stattdessen werden jetzt die in der Nacht angelegten Vorräte, die Äpfelsäure, in den CALVIN-Zyklus eingeschleust. Auch bei CAM-Pflanzen tritt kaum Photorespiration auf. Allerdings spielen sie als Kulturpflanzen kaum eine Rolle. Eine Ausnahme ist die Ananas.

Sowohl C₄- als auch CAM-Pflanzen zeigen, dass die Photosynthese effektiver ablaufen kann, als es bei vielen landwirtschaftlich bedeutenden C₃-Pflanzen der Fall ist. Die Wissenschaft arbeitet deshalb daran, das Schlüsselenzym RuBisCO zu optimieren oder den C₄-Photosyntheseweg in C₃-Pflanzen zu installieren.

Neue Einzelteile für ein schnelleres Enzym – die Optimierung der RuBisCO

Die RuBisCO hat sich vor etwa drei Milliarden Jahren entwickelt, als die Erdatmosphäre nahezu frei von Sauerstoff war und es nicht notwendig war, besonders spezifisch zwischen Kohlendioxid und Sauerstoff unterscheiden zu können. Nur sehr langsam konnte sich die RuBisCO dann im Laufe der Evolution dem steigenden Sauerstoffgehalt der Atmosphäre anzupassen. Heute besitzt jeder photosynthetisch aktive Organismus eine abweichende RuBisCO. Die RuBisCO aus manchen Rotalgen kann wesentlich besser Sauerstoff von Kohlendioxid unterscheiden und arbeitet dadurch effizienter als die

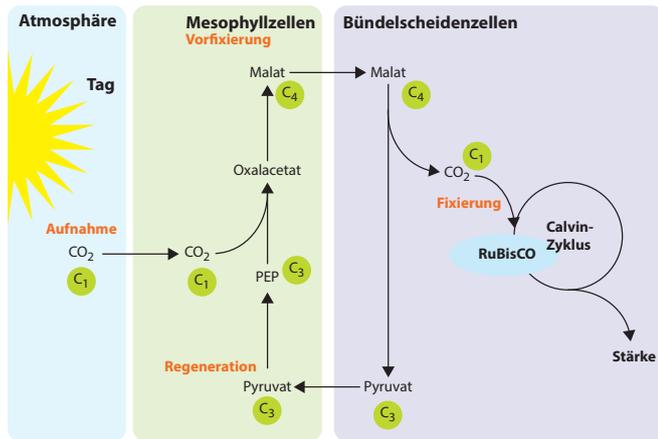
Photosynthese

Infobox

- Bereits vor 3 Milliarden Jahren entstanden auf der Erde die ersten Ansätze der Photosynthese. Vor 2 bis 1,5 Milliarden Jahren war die Photosynthese schon vollentwickelt.
- Der bei der Photosynthese entstehende Sauerstoff stammt aus der Protolyse des Wassers (Wasserspaltung).
- Die Absorptionsspektren der Chlorophylle zeigen zwei Maxima und zwar bei 400-500 nm (blau) und 600-700 nm (rot). Im grünen bis gelben Bereich wird kaum Strahlung absorbiert („Grünlücke“). Daher werden Blätter als grün wahrgenommen.
- Assimilation ist die Umwandlung aufgenommener Stoffe in körpereigene Verbindungen. Bei der Dissimilation werden körpereigene Verbindungen abgebaut.

Einleitung

Modul 1



Schematischer Ablauf der C_4 -Photosynthese. Die Zahlen an den Kohlenstoffsymbolen geben deren Anzahl in der jeweiligen Verbindung an.

RuBisCO der Gefäßpflanzen. Die Wissenschaft versucht herauszufinden, welche Veränderungen für solche verbesserten Eigenschaften verantwortlich sind, um dann gezielt die Kohlendioxidaffinität der RuBisCO beispielsweise von Weizen auf das Niveau der Rotalgen zu steigern.

Umbau im Reisblatt – Mit veränderter Blattanatomie zum Erfolg

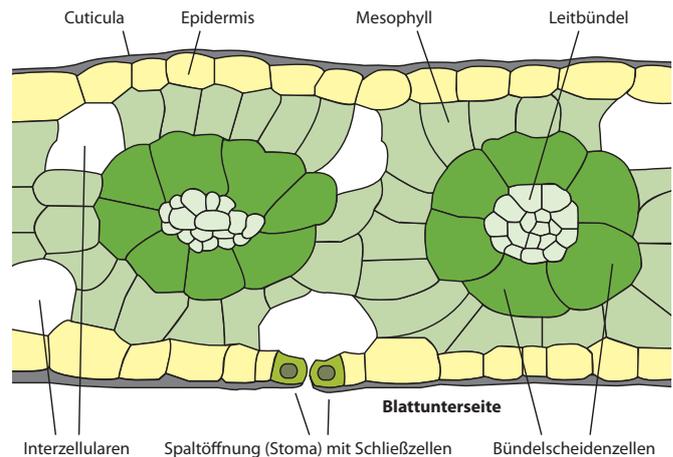
Der C_4 -Stoffwechselweg ist im Laufe der Evolution mehrmals unabhängig voneinander entstanden. Auch wenn sich C_3 - und C_4 -Pflanzen anatomisch unterscheiden: Untersuchungen haben gezeigt, dass der genetische Apparat der Bündelscheidenzellen bereits uralt und in den meisten Pflanzen vorhanden ist. Eine Idee ist es, C_3 -Pflanzen in C_4 -Pflanzen umzuwandeln, um so deren Erträge zu steigern. Besonders bei Reis, der in tropischen Regionen wächst, wird dieser Ansatz intensiv erforscht. Derzeit ist die Wissenschaft vor allem auf der Suche nach Pflanzenmutanten, bei denen zufällige genetische Veränderungen aufzeigen, welche Gene für den Umbau von C_3 - zu C_4 -Photosynthese entscheidend sind.

Bei der Pflanzengattung *Flaveria* aus der Familie der Korbblütler (*Asteraceae*) gibt es sogar C_3/C_4 -Zwischenformen. Das nutzt man in der Wissenschaft ebenfalls um herauszufinden, welche Gene dafür verantwortlich sind, dass sich eine C_3 -Pflanze zu einer C_4 -Pflanze entwickelt. Mittlerweile sind bereits einige Kandidatengene identifiziert worden, die für die spezielle C_4 -Anatomie in Mais verantwortlich sind. Im nächsten Schritt sollen diese Gene in Reis eingebracht werden um zu prüfen, ob dann tatsächlich eine C_4 -ähnliche Bündelscheide ausgebildet wird.

Cyanobakterien als Wasserstoff-Fabriken

Wasserstoff ist eine saubere Energiequelle, weil bei dessen Verbrennung ausschließlich Wasser entsteht. In der Wissenschaft experimentiert man deshalb damit, Cyanobakterien (Blualgen) zu Wasserstoff-Fabriken umzubauen. Damit das gelingt, müssen energie-reiche Elektronen aus der Photosynthese umgeleitet und auf das eigens zu diesem Zweck eingebaute – Enzym Hydrogenase übertragen werden, das den Wasserstoff produziert.

Ein Vorteil der Produktion von Wasserstoff durch Cyanobakterien wäre, dass keine Konkurrenz um Anbauflächen für Nahrungsmittel entstünde. Denn Tanks mit Cyanobakterien könnten auf



Schematischer Blattquerschnitt einer C_4 -Pflanze mit den typischen Bündelscheidenzellen (nach Nultsch, *Allgemeine Botanik*. 11. Auflage, Thieme-Verlag, Stuttgart 2001).

Hausdächern installiert oder in landwirtschaftlich ungeeigneten Regionen aufgestellt werden. Da Cyanobakterien im Süß- und Salzwasser wachsen, wären auch Meeresküsten als Standorte geeignet.

Verbesserte Solaranlagen – Das „halbkünstliche Blatt“

Auch außerhalb lebender Zellen soll die Natur nachgeahmt werden. So wird versucht, Solaranlagen zu entwickeln, die Wasserstoff produzieren, der sich im Gegensatz zu Strom und Wärme einfach speichern lässt. Es wurde bereits herausgefunden, dass das Photosystem I, ein Teil des pflanzlichen Photosynthese-Apparats, in einem speziellen Gel eingebettet, wesentlich schneller arbeitet als in seiner natürlichen Umgebung. Es könnte somit zum nachwachsenden Rohstoff für die Solarzellindustrie werden und eines Tages die Silizium-Halbleiter ersetzen. Bisher ist das System aber noch zu instabil. Auch in ihrer Effizienz sind herkömmliche Solarzellen auf Siliziumbasis den „halbkünstlichen Blättern“ bisher überlegen. Der entscheidende Vorteil von „halbkünstlichen Blättern“ wäre jedoch, dass sie ständig ressourcensparend produziert werden könnten.

Arbeitsaufträge

1. **Sammeln Sie die grundlegenden Gemeinsamkeiten, Unterschiede und Vorteile der C_4 -Photosynthese und des CAM-Stoffwechsels im Vergleich zur C_3 -Photosynthese.**
2. **Überlegen Sie, wie kann man relativ einfach eine C_3 - von einer C_4 -Pflanze unterscheiden kann?**
3. **„Pflanzen trockener Regionen haben sich ständig zwischen Verdursten und Verhungern zu entscheiden“. Erläutern Sie diese Aussage, indem Sie sich die Gaswechselströme bei der Photosynthese vergegenwärtigen.**
4. **Beschreiben Sie mit eigenen Worten die Ziele von einem der genannten Ansätze der modernen Photosyntheseforschung: a) Optimierung der RuBisCO, b) Umbau im Reisblatt, c) Wasserstoff-Fabriken, d) „halbkünstliches Blatt“.**

Reis ist eine C_3 -Pflanze, aber es wird bereits daran gearbeitet, seine Photosynthese in Richtung C_4 -Pflanze zu „modernisieren“.

Die Evolution von C_4 -Pflanzen vorhersagen

Kann man C_3 -Pflanzen in C_4 -Pflanzen umzüchten?

Mit einem Computermodell kann die Evolution von Pflanzen simuliert werden. Es zeigt sich, dass C_3 -Pflanzen die gleichen evolutionären Schritte durchlaufen haben, um zu C_4 -Pflanzen zu werden. Diese evolutionären Wege können möglicherweise auch künstlich beschleunigt werden, um Pflanzen schneller an geänderte Umweltbedingungen anzupassen.

Foto: © Wuttichok Panichwarapun / fotolia.com

Alle grünen Pflanzen gewinnen Energie, indem sie mit Hilfe von Sonnenlicht aus Wasser und CO_2 Zucker herstellen. Je nach Anzahl der Kohlenstoffatome des ersten stabilen Zwischenproduktes, in dem CO_2 fixiert wird, unterscheidet man zwischen C_3 - und C_4 -Pflanzen, wobei die meisten der Gefäßpflanzen zu den C_3 -Pflanzen gehören. Das heißt, das erste stabile Molekül, das bei der CO_2 -Fixierung im CALVIN-Zyklus entsteht, ist ein C_3 -Körper (genannt 3-Phosphoglycerat). Bei heißem und trockenem Wetter schließen Pflanzen ihre Spaltöffnungen an den Unterseiten der Blätter, um einer zu hohen Verdunstung von Wasser vorzubeugen. Dabei verringert sich bei C_3 - im Vergleich zu C_4 -Pflanzen die Photosyntheseleistung.

C_4 -Pflanzen sind effizienter

Nur etwa drei Prozent der heute lebenden Gefäßpflanzen betreiben C_4 -Photosynthese. Da diese jedoch so effizient ist, machen sie ungefähr 25 Prozent der gesamten, auf dem Land betriebenen Photosyntheseleistung aus. Bekannte C_4 -Pflanzen sind Mais, Zuckerrohr, Amarant, Hirse und Chinaschilf. Die meisten gehören zu den Gräsern, gefolgt von Seggen. Doch auch bei einer Reihe von Zweikeimblättrigen gibt es diesen Stoffwechselweg, insbesondere bei den Fuchsschwanzgewächsen und anderen Nelkenartigen, bei Wolfsmilchgewächsen und vereinzelt bei Windengewächsen und Korbblütlern. C_4 -Pflanzen wachsen schneller als C_3 -Pflanzen, bilden also in kürzerer Zeit mehr Biomasse, was ihren landwirtschaftlichen Nutzen gegenüber anderen Pflanzen erhöht.

Die C_4 -Photosynthese ist aus evolutionsbiologischer Sicht der jüngere und modernere Photosynthesetyp. Die C_3 -Photosynthese gibt es schon seit über zwei Milliarden Jahren. Die C_4 -Photosynthese hat sich erst vor 30 Millionen Jahren entwickelt.

Mehr Energie zum Wachsen

Wie genau und warum die C_4 -Photosynthese entstanden ist, erforscht Martin Lercher, Professor für Bioinformatik an der Heinrich-Heine Universität in Düsseldorf. „Etwa die Hälfte ihrer Energie benötigt eine C_3 -Pflanze zur Produktion des Enzyms RuBisCO, erklärt

Professor Lercher. Das Enzym Ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase (RuBisCO) ist dafür verantwortlich, dass alle photosynthetisch aktiven Pflanzen Kohlenstoffdioxid aufnehmen können, weshalb es vermutlich das mengenmäßig häufigste wasserlösliche Protein der Erde ist. „ C_4 -Pflanzen können mit viel weniger RuBisCO genau so viel Kohlenstoff aus der Luft fixieren wie C_3 -Pflanzen. So bleibt ihnen mehr Energie zum Wachsen.“

„Wie viel Kohlenstoff eine Pflanze mit Hilfe des Enzyms RuBisCO fixieren kann, hängt von zahlreichen unterschiedlichen Parametern ab“, so Lercher. Der Bioinformatiker und sein Team verwenden mathematische Gleichungen, die all diese Parameter erfassen, um den evolutionären Übergang von C_3 - zu C_4 -Pflanzen zu beschreiben.

Für die C_4 -Photosynthese entwickelten die Pflanzen eine interne Pumpe, die die CO_2 -Konzentration innerhalb bestimmter Zellen erhöht, genau um die molekularen Maschinen herum, die CO_2 aus der Luft einfangen und in Zucker umwandeln. Da die C_4 -Photosynthese mehr als 60-mal unabhängig voneinander entstanden ist, spricht man von einem polyphyletischen Merkmal.

In ihren Studien wurde die Fitness von Pflanzen bei verschiedenen Parameterkombinationen untersucht, die zur Fixierung von Kohlenstoff beitragen. „Wir benutzen mathematische Modelle, die ursprünglich dazu entwickelt wurden, intermediäre Pflanzen in

Nutzpflanzen 1

Infobox

- Weltweit haben rund 150 Pflanzenarten eine wirtschaftliche Bedeutung. Davon dienen nur rund ein Dutzend der menschlichen Ernährung. Von den „Big Five“ ernähren sich 75 % der Weltbevölkerung: Weizen, Mais, Reis, Soja und Hirse.
- Der photosynthetische Wirkungsgrad eines Kornfelds (C_3) beträgt nur 1-2 %. In einem Zuckerrohrfeld (C_4) können dagegen bis 8 % der Sonnenenergie genutzt werden.

Quellen: Miedaner, Kulturpflanzen. Botanik - Geschichte - Perspektiven, 1. Auflage, Springer-Verlag 2014/ Schlimme, Boos, Christner, Abiturwissen Stoffwechsel, 6. Auflage, Klett-Verlag 1999

Arbeitsmaterial

Modul 1

Nutzpflanzen 2

Infobox

- Um 1350 kostete Rohrzucker rund 35 % des Goldwertes und wurde grammweise in Apotheken verkauft.
 - Die Rohrzuckerproduktion in der Karibik um 1550 war durch die Sklaverei eines der grausamsten Kapitel der Menschheitsgeschichte.
 - 1747 entdeckte der deutsche Wissenschaftler Andreas S. Marggraf, dass Runkelrüben ebenfalls Zucker produzieren.
- Quelle: Miedaner, Kulturpflanzen. Botanik - Geschichte - Perspektiven, 1. Auflage, Springer-Verlag 2014

ihrer Fähigkeit Kohlenstoff zu fixieren zu beschreiben“, erklärt Professor Lercher das Vorgehen seines Teams. Um Mutationen in echten Pflanzen zu simulieren, wurden zufällige Veränderungen an dem Modell vorgenommen. Danach wurde untersucht, wie sich die Mutationen auf die Wachstumsgeschwindigkeit der Pflanze auswirken. Sie fanden heraus, dass sich die Abfolge evolutionärer Veränderungen zwischen verschiedenen simulierten Pflanzen sehr ähnelt. „Eine Pflanze ist nach unserem Verständnis umso fitter, je mehr Kohlenstoff sie mit der gleichen Menge RuBisCO fixieren kann“, so Lercher.

Evolution zur C_4 -Pflanze wiederholt sich in wiederkehrenden Modulen

Laut der Modelle vollzog sich die Evolution der C_3 - zu C_4 -Pflanzen schrittweise. Zuerst etablierten sich biochemische Vorgänge wie die CO_2 -Pumpe. In den letzten Evolutionsschritten entstanden dann für C_4 -Pflanzen typische Schlüsselenzyme wie die Phosphoenolpyruvatcarboxylase (PEPC), die CO_2 als C_4 -Säuren fixiert.

Mit diesen Erkenntnissen lassen sich auch Optimierungsmöglichkeiten für die Pflanzenzucht vorhersagen. „Wir prüfen im Modell, ob wir die Fitness einer Nicht- C_4 -Pflanze durch Verändern eines Parameters möglicherweise noch verbessern können“, so Lercher. Und das sei bisher immer der Fall gewesen. „Jede Pflanze, die bestimmte anatomische Grundvoraussetzungen mitbringt, kann sich immer noch etwas mehr einer C_4 -Pflanze annähern.“

Das sei durchaus erstrebenswert, denn obwohl sie eigentlich für heiße, trockene Gebiete konzipiert sind, hätten C_4 -Pflanzen selbst in unseren Breiten Wachstumsvorteile, so der Bioinformatiker. Mit mathematischen Modellen stellt sein Team Szenarien dar, bei denen sich bestimmte Eigenschaften einer Pflanze im Laufe der Evolution typischerweise ändern. „Während manche Mutationen häufiger stattfinden, kommen andere seltener vor. Letztendlich breiten sich jedoch nur diejenigen in einer Population aus, die der Pflanze zu mehr Fitness, also zu Überlebensvorteilen verhelfen“, so Lercher.

Mehr Biomasse in kürzerer Zeit

Das langfristige Ziel der Forschung ist es, schneller mehr Biomasse zu erzeugen. „Wenn man beispielsweise die C_3 -Pflanze Reis zu einem C_4 -Metabolismus umfunktionieren könnte, könnte man den Ernteertrag damit massiv erhöhen“, erklärt Professor Lercher eine Idealvorstellung. Mit derartigen Fragen beschäftigt sich auch das Cluster of Excellence on Plant Sciences (CEPLAS) der Universitäten Köln und Düsseldorf.



Zuckerrohr ist eine bekannte C_4 -Pflanze aus der Familie der Süßgräser.

„Unser theoretisches Modell hilft außerdem der Pflanzenzüchtung bei der Entscheidung, welche Sauerstoffkonzentration und Temperatur in Gewächshäusern eingestellt werden sollten, um die Pflanzen dazu zu bringen, sich schneller in ertragreichere Sorten zu entwickeln“, so Professor Lercher. Langfristig könnte man aber auch gezielt nachhelfen: Gerade der erste, langsamste Evolutionschritt könnte mit gentechnischen Verfahren erfolgen. Die nächsten schnelleren Schritte können dann über herkömmliche Züchtungsverfahren gelingen.

„Wir können theoretisch Vorhersagen treffen, wie lange eine künstliche Evolution dauern könnte“, so Professor Lercher. In der Natur dauern solche Prozesse oft mehrere Millionen Jahre. Ob sie sich unter künstlichen Bedingungen auf einen für Menschen relevanten Zeitraum verkürzen lassen, bleibt abzuwarten.

Publikation zum Artikel

Heckmann, D., et al. (2013): Predicting C_4 photosynthesis evolution: modular, individually adaptive steps on a Mount Fuji fitness landscape. In: Cell, Volume 153, Issue 7, 1579-1588, (20. Juni 2013), doi: 10.1016/j.cell.2013.04.058

Diesen Artikel online lesen <http://bit.ly/1w4tpr6>

Arbeitsaufträge

1. Lesen Sie den Beitrag und fassen Sie die Ziele und das wissenschaftliche Vorgehen in wenigen Sätzen zusammen.
2. Recherchieren Sie, welche der folgenden Pflanzen zu den C_3 - und welche zu den C_4 -Pflanzen oder CAM-Pflanzen zählt: Reis, Pappel, Mais, Zuckerrohr, Hirse, Chinaschilf, Ananas, Amarant, Zuckerrübe, Sisal-Agave, Weizen, Sonnenblume und Kartoffel.
3. Benennen Sie jeweils den Namen des ersten stabilen Zwischenprodukts bei der C_3 -, der C_4 -Photosynthese und beim CAM-Stoffwechsel? Wiederholen Sie in diesem Zusammenhang schematisch die Reaktionsabläufe dieser Stoffwechselwege.



Wachstumsturbo C_4 -Photosynthese Wurzeln kurbelt Photosynthese an

C_4 -Pflanzen wie Mais und Zuckerrohr haben eine spezielle Blattstruktur, die ihnen eine besonders effiziente Photosynthese ermöglicht. Die Mechanismen dieser C_4 -Photosynthese werden seit Jahren erforscht. Eine Vision ist es, C_3 -Pflanzen wie Weizen und Reis ähnlich ertragreich, genügsam und hitzetolerant zu machen. Mit einem Gen aus der Maiswurzel ist die Forschung diesem Ziel nun ein Stück näher gekommen.

Zum vollständigen Artikel <http://bit.ly/1Bq9d3P>

Kompromiss bei Trockenheit: Stomata nur so weit schließen, wie nötig

Bei trockener Umgebungsluft droht der Pflanze ein Feuchtigkeitsmangel, wenn sie die Poren in ihren Blättern nicht schließt. Dennoch muss noch genügend CO_2 für die Photosynthese hindurchströmen. Wie das möglich ist, wurde an der Universität Würzburg gezeigt.

Zum vollständigen Artikel <http://bit.ly/ZCbuNY>



Künstliche Blätter Energiequellen der Zukunft

Das Prinzip der pflanzlichen Photosynthese wurde mit künstlichen Blättern nachempfunden. Genau wie echte Pflanzen, wandeln diese Sonnenenergie in Kraftstoffe um. Die Blätter aus dem Labor könnten besonders Haushalten in Entwicklungsländern als billige Energiequelle dienen.

Zum vollständigen Artikel <http://bit.ly/1z7ijY3>

High-Speed in der Photosynthese Eine transgene RuBisCo soll den höheren Pflanzen bei einer effektiveren CO_2 -Fixierung helfen

Der Wissenschaft gelingt der Einbau einer funktionstüchtigen cyanobakteriellen RuBisCo in eine höhere Pflanze. Der Versuch ist Teil eines Forschungsvorhabens, in dem höhere Pflanzen zur Ertragssteigerung eine leistungsfähigere RuBisCo sowie ein Zellkompartiment zur CO_2 -Anreicherung erhalten sollen.

Zum vollständigen Artikel: <http://bit.ly/1qnCOGz>



Kein Schnee von gestern: Neue Ideen verhelfen der Photosyntheseforschung zum Comeback

Ein Interview mit Professor Dr. Peter Westhoff
von der Heinrich-Heine-Universität in Düsseldorf

Professor Peter Westhoff kann jedes an der Photosynthese beteiligte Molekül benennen. Bereits seit den frühen 70er Jahren erforscht er die Prozesse, durch die Pflanzen Licht in chemische Energie umwandeln. Lange glaubte man, die Wissenschaft könne auf diesem Gebiet keine Durchbrüche mehr erzielen. Projekte wie der „C₄-Reis“ zeigen jedoch, dass längst eine neue Ära der Photosyntheseforschung angebrochen ist.

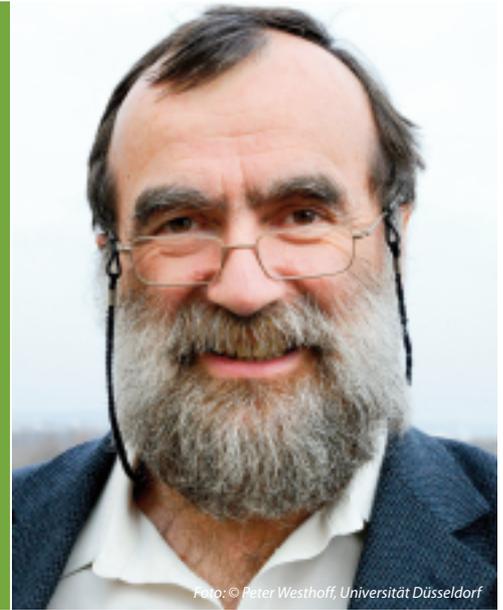


Foto: © Peter Westhoff, Universität Düsseldorf

Die molekularen Abläufe der Photosynthese sind in jedem Schulbuch beschrieben. Was würden Sie sagen: Lohnt es sich heutzutage noch Photosyntheseforschung zu betreiben?

Prof. Westhoff: Es ist ein bisschen verrückt. In den 80er Jahren erlebte die Photosyntheseforschung einen regelrechten Boom. In den darauffolgenden Jahrzehnten dachte man, man hätte bereits alles erforscht: Photosynthese war „kalter Kaffee“. Aber seit in den vergangenen Jahren klar wurde, dass die Möglichkeit besteht, die Photosynthese zu verändern, erlebt die Photosyntheseforschung ein Comeback.

Gibt es denn neue Entdeckungen zu dem Thema, die es noch nicht in die Schulbücher geschafft haben?

Prof. Westhoff: Meiner Meinung nach kommt die Evolution der C₄-Pflanzen sowohl in der Schule, als auch in den Uni-Lehrbüchern zu kurz. Zum Beispiel wissen auch die wenigsten Studierenden der Biologie, dass die Trennung zwischen C₃- und C₄-Pflanzen weniger eindeutig ist, als es häufig dargestellt wird. Im Pflanzenreich gibt es viele C₃/C₄-Zwischenformen. Auch C₃-Pflanzen haben eine Bündelscheide und das genregulatorische System der C₄-Photosynthese ist bereits eine uralte Entwicklung. Die Photosynthese wird meist nur aus dem biochemischen aber nie aus dem genetischen Gesichtspunkt betrachtet.

Wenn es um die Erforschung der C₄-Photosynthese geht, sind Sie gewissermaßen ein Mann der ersten Stunde. Warum haben Sie sich dafür entschieden, ausgerechnet die Photosynthese von C₄-Pflanzen zu erforschen?

Prof. Westhoff: Eine Vorlesung in Pflanzenphysiologie während meines Studiums hat mich dazu gebracht, mich für die C₄-Photosynthese zu interessieren. In den 80er Jahren war die Evolution dieses Photosyntheseweges ein ganz neues Thema und zugleich eine große Chance für meine wissenschaftliche Karriere. Man wusste, dass sich C₄-Pflanzen aus C₃-Pflanzen entwickelt haben, aber niemand hatte das bisher auf molekularer Ebene erforscht. Durch meine Habilitation über die genetische Kodierung der Thy-

lakoidmembran der Chloroplasten, verstand ich, wie dieser molekulare Apparat aufgebaut ist und welche Gene seinen Zusammenbau dirigieren.

Ich begann an Pflanzen aus der Gattung *Flaveria* zu forschen. Innerhalb dieser Pflanzengruppe findet man C₃/C₄-Zwischenformen. Ich nutzte dies, um zu untersuchen, welche Gene für den Übergang von einer C₃- in eine C₄-Pflanzen notwendig sind.

Wieviel „Gene“ braucht es, damit aus einer C₃- eine C₄-Pflanze entsteht?

Prof. Westhoff: Die C₄-Photosynthese ist innerhalb der Blütenpflanzen wiederholt unabhängig voneinander entstanden. Daher muss das genetisch relativ einfach gewesen sein. Alle wichtigen Enzyme des C₄-Stoffwechsels liegen bereits in C₃-Pflanzen vor, auch wenn sie dort andere Funktionen übernehmen. Kleine Abwandlungen reichen also aus, um C₄-Proteine entstehen zu lassen.

Warum sollte man aus einer C₃- eine C₄-Pflanze machen?

Prof. Westhoff: In den vergangenen Jahrzehnten hat sich die Pflanzenzüchtung darauf konzentriert, Sorten hervorzubringen, die immer mehr Photoassimilate in den Samen und Früchten einlagern, um höhere Erträge zu erzielen. Das war ein entscheidender

Die Anfänge der Photosyntheseforschung

Infobox

Joseph PRIESTLEY (1771): Pflanzen können „schlechte“ Luft in „gute“ Luft umwandeln. Eine Maus kann in Gegenwart von Pflanzen unter einer Glasglocke überleben. • Jan INGENHOUSZ (1779): Nur grüne Pflanzen können frische Luft im Licht produzieren. • Jean SENEBIER (1782): Sauerstoffabgabe und Kohlendioxidaufnahme sind aneinander verknüpft. • Nicolas DE SAUSSURE: Pflanzen wachsen durch die Aufnahme von Kohlendioxid und Wasser. • Robert MAYER (1845): Bei der Photosynthese wird Lichtenergie in chemische Energie umgewandelt und als Stärke gespeichert. • Frederick BLACKMAN (1905): Die Photosynthese hat eine lichtabhängige und eine lichtunabhängige Teilreaktion. • Robert HILL (1937): Isolierte Chloroplasten können in Anwesenheit reduzierender Verbindungen im Licht Sauerstoff freisetzen (Hill-Reaktion).

Quelle: Schlimme, Boos, Christner, Abiturwissen Stoffwechsel, 6. Auflage, Klett-Verlag 1999



Foto: © Peter Westhoff, Universität Düsseldorf

Professor Dr. Peter Westhoff bezeichnet sich selbst als echtes Landkind. „Wahrscheinlich rührt daher mein frühes Interesse an Pflanzen. Wenn ich heute übers Land fahre und reifes Getreide rieche, dann bereitet mir das immer noch große Freude.“ Dass er etwas mit Biochemie studieren wollte, wusste er schon als Schüler: „Chemische Formeln haben mich nie abgeschreckt.“

Nach dem Abitur studierte er an der Universität Gießen und untersuchte die Photosynthese der Algen. Damals, Anfang der 80er Jahre, wusste man noch kaum etwas über die C_4 -Photosynthese: „Das war ein ganz neues und ein völlig unerforschtes Thema. Es hat mich nicht mehr losgelassen und als ich selbst Forschung gestalten konnte, bin ich wieder darauf zurückgekommen.“

Als Wissenschaftler verbindet er die Photosynthese- mit Landwirtschaftsforschung. Vor allem interessiert ihn, wie der C_4 -Weg als Spezialform der Photosynthese aus der C_3 -Photosynthese entstanden ist und wie man den Prozess auf wichtige Kulturpflanzen übertragen könnte. Seit fast 25 Jahren ist Professor Westhoff Lehrstuhlinhaber für Entwicklungs- und Molekularbiologie der Pflanzen an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf. Er ist zudem Mitglied des Internationalen C_4 -Reis-Konsortiums (IRRI) und sitzt im Lenkungsausschuss des DFG-Exzellenzclusters zur Pflanzenforschung CEPLAS. Dort koordiniert Professor Westhoff die Forschungsaktivitäten zur C_4 -Photosynthese.

Beitrag zu einer produktiveren Landwirtschaft, aber jetzt stößt dieser Weg nach und nach an seine Grenzen. Erträge lassen sich auf diesem Weg nicht mehr wesentlich steigern. Wenn wir die Erträge von Kulturpflanzen noch weiter erhöhen wollen, und das müssen wir, wenn wir die prognostizierte globale Bevölkerungsentwicklung betrachten, müssen wir versuchen, die Photosynthese selbst zu verbessern. Eine Möglichkeit ist es, den effizienteren C_4 -Photosyntheseweg auf Kulturpflanzen mit C_3 -Photosynthese wie Reis oder Weizen zu übertragen, um mit der gleichen Lichtenergiemenge mehr Biomasse zu erzeugen. Durch Umstellen auf den C_4 -Modus ließe sich die Produktivität um ca. 20 – 30 Prozent steigern.

Das klingt zunächst einfach. Ist es das auch?

Prof. Westhoff: Es gibt sehr vielversprechende Ansätze, aber das sind langfristige Forschungsziele. Wissenschaftlich am spannendsten sind die Ansätze der synthetischen Biologie, um ganz neue Systeme zu schaffen, zum Beispiel durch Zusammenbau eines schnelleren und effizienteren RuBisCO-Enzyms oder die Aktivierung der C_4 -Maschinerie in einer tropischen C_3 -Pflanze wie Reis. Projekte wie das „ C_4 -Reisprojekt“ haben dabei eine wichtige Schrittmacherfunktion. Dieser relativ junge Forschungszweig bringt eine ganz neue Qualität in die biologische Forschung, weil er Biologen mit Technikfreaks und Computerbegeisterten zusammenbringt.

Was wäre Ihr Forschungstraum, wenn Ihnen unbegrenzte Kapazitäten zur Verfügung stünden?

Prof. Westhoff: Die Umwandlung einer C_3 - in eine C_4 -Pflanze und zwar bis ins letzte Detail. Wir arbeiten momentan eher holzschnittartig, weil wir das gesamte genetische Netzwerk, das die Feinregulation der Photosynthese durchführt, in seiner Komplexität noch nicht verstehen. Ein System, an dem ich so lange modellieren könnte, bis es perfekt abgestimmt ist, wäre nicht nur ein unglaublicher Fortschritt. Es wäre auch ein faszinierender Test, ob wir diesen für das Leben auf der Erde so wichtigen Prozess wirklich verstanden haben.

Vielen Dank für das Gespräch!

Weiterführende Links:

CEPLAS (Cluster of Excellence on Plant Sciences)

<http://ceplas.eu/de>

IRRI (International Rice Research Institute)

<http://irri.org>

Arbeitsaufträge

1. Erarbeiten Sie mit Hilfe des Materials die Hinweise heraus, die vermuten lassen, dass die künstliche Umwandlung von C_3 -Pflanzen zu C_4 -Pflanzen wirklich gelingen kann?
2. Informieren Sie sich über das „ C_4 -Reisprojekt“.
3. Wie hoch schätzt die Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (FAO) den Nahrungsmittelbedarf im Jahr 2050? Was sind die beiden Hauptgründe dieser Steigerung?
4. Sammeln Sie gemeinsam Argumente zur weltweiten Bedeutung von Reis.
5. Mit welchen Problemen sieht sich der Nassreisanbau konfrontiert?
6. Recherchieren Sie einige wirtschaftliche Zahlen zu Reis etwa auf den Seiten der Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO, <http://faostat3.fao.org>) oder der Cereal Knowledge Bank des International Rice Research Institute (IRRI, <http://bit.ly/1Jy36P>).

Die richtigen Kandidaten für mehr Holz – POP MASS und TREE FOR JOULES untersuchen das Erbgut von Pappeln

Der Mensch nutzt Holz seit jeher als Rohstoff. Aufgrund langer Wachstumszeiten sind schnell wachsende Baumarten wie die Pappel für die Wirtschaft besonders interessant. Das PLANT 2030 Projekt POP MASS hat sich zum Ziel gesetzt, die Biomasseproduktion bei Pappeln zu steigern. Dafür werden bestimmte Kandidatengene, die sich auf die Bildung von Biomasse auswirken, untersucht. Auch das Projekt TREE FOR JOULES widmet sich den Bäumen: Es sollen gezielt die Holzeigenschaften von Pappeln und Eukalyptus verbessert werden.

Es begegnet uns morgens als Zeitung, mittags als Pommes-Gäbelchen und abends in Form eines Kneipentresens: Holz. Holz ist ein vielseitig einsetzbarer nachwachsender Rohstoff, der aus unserem täglichen Leben nicht wegzudenken ist. Doch nicht nur schöne und praktische Produkte, sondern auch Energie wird aus Holz gewonnen. Würde es früher einfach nur verbrannt, gewinnen wir heute daraus auch Biokraftstoff und Biogas.

Schnell wachsende Baumarten im Fokus

Doch anders als bei Getreide oder Gemüse, benötigen Bäume viele Jahre, bis wir sie nutzen können. Daher geraten schnell wachsende Bäume in den Fokus der wirtschaftlichen Nutzung. Bekanntestes Beispiel eines relativ schnell wachsenden Baums ist die Pappel (Gattungsname: *Populus*). Pappeln können bereits nach drei bis sechs Jahren gefällt und weiterverarbeitet werden. Darüber hinaus war die Pappel der erste Baum, dessen Erbgut entschlüsselt wurde. Was den Baum speziell für die Forschung interessant macht.

Schnell wachsende Bäume für die kommerzielle Nutzung pflanzt man gezielt auf speziellen Plantagen, sogenannten Kurzumtriebsplantagen (KUPs). Wie bei allen wichtigen biologischen Rohstoffen, liegt auch hier das Augenmerk auf einer Steigerung der Biomasse, d.h. im Fall der Bäume, der Gewinnung von mehr Holz. Das PLANT 2030 Projekt POP MASS hat bei der Pappel genau das zum Ziel. Damit die Bäume besser zu Produkten oder Energie verarbeitet werden können, benötigt man letztlich verbesserte Sorten. Das Verbundprojekt konzentriert sich daher darauf, Gene zu identifizieren, die sich positiv auf die Ausbildung von Biomasse auswirken.

Mehrere genetische Ansatzpunkte für mehr Holz

Das POP MASS-Konsortium besteht aus sechs akademischen Forschungseinrichtungen und zwei Privatunternehmen. Die Mitglieder testen im Rahmen des Projektes, welche Auswirkungen eine

Pappeln zählen zu den schnell wachsenden Baumarten. Sie sind nicht nur für die Papierindustrie interessant, sondern werden auch als Energiepflanzen genutzt, aus denen man sogar Biokraftstoff herstellen kann.

Veränderung bestimmter genetischer Parameter auf die Biomassebildung bei der Pappel haben. Es werden dabei Kandidatengene ausgewählt, die (1) bei der Blütenbildung von Bedeutung sind, (2) die die Zusammensetzung der Zellwände beeinflussen und (3) die sich auf die Pflanzenarchitektur auswirken - d.h. auf den Verzweigungsgrad der Äste. Darüber hinaus wird die Rolle des pflanzlichen Wachstumshormon Cytokinin auf die Biomassebildung genauer untersucht.

Die Kandidaten werden geprüft

Potenzielle Kandidatengene für die untersuchten Eigenschaften werden genetisch transformiert. So werden Pappellinien für weitere Untersuchungen erzeugt. Bei der Analyse der Bäume kommt ein neues Screeningverfahren zum Einsatz, welches im Projekt ent-

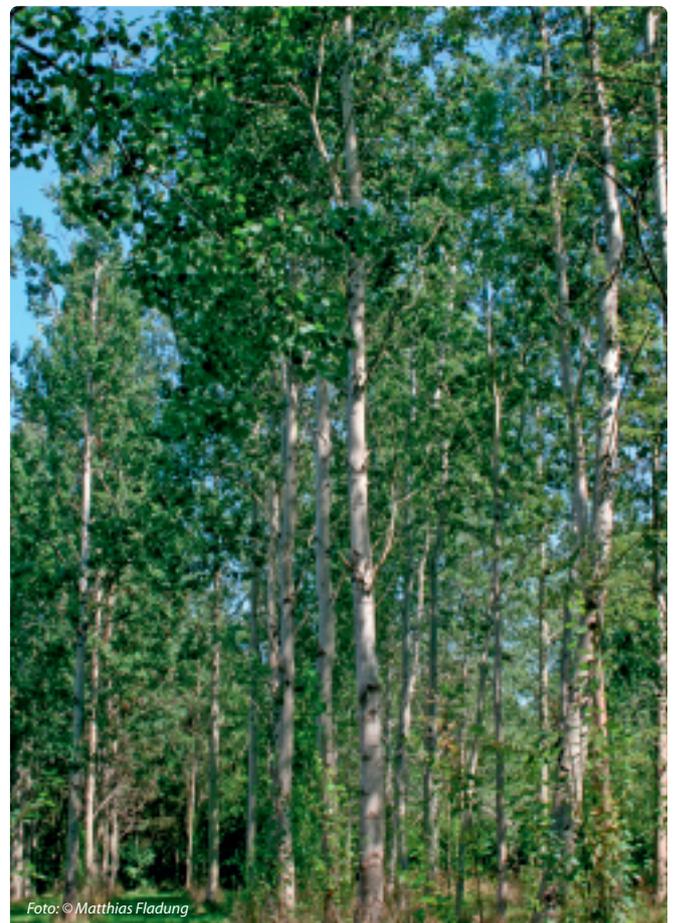


Foto: © Matthias Fladung

Bioökonomie

Infobox

„Die Bioökonomie ist die wissensbasierte Erzeugung und Nutzung biologischer Ressourcen, um Produkte, Verfahren und Dienstleistungen in allen wirtschaftlichen Sektoren im Rahmen eines zukunftsfähigen Wirtschaftssystems bereitzustellen. Die Bioökonomie findet zurzeit insbesondere Anwendung in der Land- und Forstwirtschaft, der Energiewirtschaft, der Fischerei- und Aquakultur, der Chemie und Pharmazie, der Nahrungsmittelindustrie, der Industriellen Biotechnologie, der Papier- und Textilindustrie sowie im Umweltschutz.“

Quelle: Bioökonomierat der Bundesregierung - www.biooekonomierat.de

wickelt wird. Am Ende werden die Baumanatomie - also das Wuchs- bild der Bäume - und die Holzeigenschaften ausgewachsener Bäume betrachtet.

Die Hoffnung ist, während des Projektes genetische Ansatzpunkte zu identifizieren, die es möglich machen, mit den Ergebnissen des POP MASS Projekts neue Pappelsorten mit verbesserten Eigenschaften zu entwickeln. Im Gegensatz zur Züchtung von Feldfrüchten oder von Zierpflanzen gibt es weltweit nur wenige kommerzielle Baumzüchter. Lange Generationszeiten und das langsame Wachstum sind der Grund. Universitäten und außeruniversitäre Forschungseinrichtungen widmen sich diesen Aspekten. Sehr oft arbeiten sie in internationalen Verbänden zusammen.

Mehr Holz, aber auch weniger Lignin

Doch nicht nur die Ausbildung von mehr Holz, sondern auch dessen Zusammensetzung ist für die weitere Verwendung des nachwachsenden Rohstoffs entscheidend. Holz enthält neben Cellulose auch den Stoff Lignin in den Zellen. Er lagert sich in den Zellwänden an und hat zwei wichtige Funktionen für die Pflanze: Zum einen sorgt er für Stabilität und zum anderen dient er als Schutz vor Fressfeinden.

Ein Wald einmal ganz anders: Pappelpflanzen in der Gewebekultur für Untersuchungen im Labor. Foto: © Matthias Fladung



Cellulose ist für die Industrie ein wichtiger Rohstoff. Er muss jedoch erst aufwändig vom Lignin getrennt werden. Dies ist derzeit sehr kosten- und zeitintensiv. Das Projekt TREE FOR JOULES konzentriert sich daher darauf, den Ligningehalt in schnell wachsenden Bäumen zu modifizieren. „Schon seit Beginn der 1990er Jahre zielt man darauf ab, das Verhältnis Lignin zu Cellulose zu verändern. Die ursprüngliche Idee war, die Cellulose-Herstellung für die Papierindustrie zu vereinfachen. Später wurde dies auch für die energetische Nutzung interessant, da man aus Cellulose auch Bioethanol herstellen kann“, sagt Dr. Matthias Fladung, Projektleiter der beiden Projekte POP MASS und TREE FOR JOULES und Leiter des Forschungsbereichs Genomforschung am Institut für Forstgenetik des Johann Heinrich von Thünen-Instituts, einer Forschungseinrichtung des Bundesministeriums für Landwirtschaft und Ernährung (BMEL).

Optimale Bäume für jede Anwendung

„In der Regel befindet sich durchschnittlich ca. 30 Prozent Lignin in den Bäumen und biotechnologisch reduziert man lediglich zwei bis vier Prozent. Dieser Prozentsatz entspricht der natürlichen Schwankungsbreite des Ligningehalts in Populationen. Selbst eine Reduktion von nur einem Prozent spart der verarbeitenden Industrie erhebliche Kosten und ist gut für die Umwelt. Energie und der Einsatz von Chemikalien zum Aufschluss des Holzes werden eingespart“, erklärt Fladung weiter. Doch auch das Gegenteil kann von Vorteil sein: Will man das Holz verbrennen, dann ist es besser, wenn mehr Lignin und weniger Cellulose enthalten ist.

Das transnationale Forschungsprojekt TREE FOR JOULES untersucht neben der Pappel auch den Eukalyptus (*Eucalyptus*), da dieser in wärmeren Gebieten eine wirtschaftlich bedeutende, schnell wachsende Baumart und so für die Projektmitglieder in Spanien und Portugal interessant ist. Die deutschen und die französischen Beteiligten bearbeiten ebenfalls die Pappel. So sollen die genetischen Grundlagen der Holzbildung verstanden und optimiert werden, um einen Beitrag zu einer nachhaltigen Energieversorgung zu leisten. Dabei liegen die Schwerpunkte auf Transkriptionsfaktoren und MicroRNAs, die regulierend auf den Holzbildungsprozess wirken.

Biokraftstoffe ohne Konkurrenz zu Nahrungsmitteln

Der weltweit hohe Bedarf an Kraftstoff ist ein Grund für die Bemühungen, Alternativen zum Erdöl zu finden. Auch



Das **PLANT 2030-Projekt POP MASS** zielt darauf ab, die Biomasseproduktion bei Pappeln zu steigern. Die Projektmitglieder von TREE FOR JOULES möchten die Holzeigenschaften von Pappeln und Eukalyptus verbessern. Zu den Projektbeschreibungen von POP MASS und TREE FOR JOULES auf www.Pflanzenforschung.de:

POP MASS <http://bit.ly/1w4v1Bn>

TREE FOR JOULES <http://bit.ly/1ETpCTB>

Arbeitsmaterial

Modul 1 Projektportrait

Holz kann als Ausgangsstoff für Biokraftstoff dienen. Dabei wird es zerkleinert und chemisch behandelt, um den Holzbestandteil Cellulose herauszulösen. Cellulose ist ein Mehrfachzucker, der zu Einfachzuckern (und zwar zu Glukose) gespalten und anschließend zu Bioethanol vergärt werden kann. Dieser Cellulose-Ethanol wird derzeit nur im kleinen Maßstab produziert. „Marktfähig ist das System heute noch nicht, aber wie so oft sind technologische Probleme von heute ´morgen´ gelöst“, betont Fladung. Der Wissenschaft geht es darum, neben dem Erkenntnisgewinn auch alternative Lösungsansätze zu etablierten Technologien auszuloten.

Schnell wachsende Baumarten sind recht anspruchslos und können auch auf nährstoffarmen Flächen angebaut werden, die sich nicht für die industrielle Lebensmittelproduktion eignen – sogenannten Grenzertragsflächen. „Ziel muss es sein, Pappeln und andere schnell wachsende Bäume auf solchen Grenzertragsflächen anzubauen. Die Konkurrenz zwischen der Produktion von Nahrungs- und Energiepflanzen kann dadurch abgemildert oder sogar gänzlich vermieden werden. Außerdem erlangen Grenzertragsflächen dadurch eine wirtschaftliche Bedeutung. Darüber hinaus können marginale Standorte durch die Bäume fruchtbarer werden“, sagt Fladung. Obwohl die Nutzung als Nahrungsmittel ausfällt, wird eine Kaskadennutzung verfolgt. Bei dieser wird der Rohstoff zuerst stofflich und erst in einem zweiten Schritt energetisch genutzt.

Anspruchslose Bäume zum Aufbau einer Bioökonomie

Doch Hierzulande ist man noch weit entfernt, so der Forscher. Derzeit werden in Deutschland lediglich auf etwa 6.000 Hektar Fläche schnell wachsende Bäume angebaut – ca. 70 Prozent davon sind Pappeln und ca. 30 Prozent Weiden. Spitzenreiter in Europa ist Schweden, mit ca. 12.000 ha Fläche. „Weltweit werden heute Pappeln für eine kommerzielle Nutzung auf über vier Millionen ha angebaut, China ist hierbei nicht eingerechnet. Aber für Europa mit einer Anbaufläche von etwa 50.000 – 70.000 ha im Jahr 2012 ist das noch Zukunftsmusik“, sagt Fladung. Einige Bundesländer haben bereits entsprechende Strategien für eine Erweiterung der KUPs entwickelt. So will das Land Brandenburg mit seinen durch den Braunkohletagebau geprägten Landschaften bis 2020 auf 10.000 Hektar Kurzumtriebsplantagen nutzen.

Schnell wachsende Bäume sind in jedem Fall ein wichtiger Rohstoff für den Aufbau einer Bioökonomie. Der Weg weg vom Öl und hin zu einer nachhaltigen Wirtschaft wird im positiven Sinne ein Holziger. „Wichtig ist dabei jedoch, dass man das Holz ökologisch nachhaltig sowie produktions- und verwendungsorientiert erzeugt und auch die daraus hergestellten Produkte umweltverträglich und kostengünstig verarbeitet“, fasst Fladung zusammen.

Dieses Projektportrait online lesen: <http://bit.ly/1wl7WrS>

Weiterführende Links:

Neue Wege zum Abschluss der Lignozellulose
<http://bit.ly/1F2ZIUM>

Fachagentur Nachhaltige Rohstoffe (FNR)
www.fnr.de

Glossar

- **biobasiert** – auf der Basis biologischer Ressourcen
- **Bioenergie** – erneuerbare Energiequellen, die Energieträger werden aus Biomasse gewonnen. Bioenergie kann Strom, Wärme und Kraftstoffe zur Verfügung stellen.
- **Biomasse** – in Lebewesen gebundene oder durch sie erzeugte, organische Stoffgemische.
- **Bioraffinerie** – integratives Gesamtkonzept für die Verarbeitung von nachwachsenden Rohstoffen zu Chemikalien, Biowerkstoffen und anderen stofflichen Produkten sowie Brenn- und Kraftstoffen unter möglichst vollständiger Ausnutzung der Biomasse (vergleichbar einer Ölraffinerie, die jedoch aus Erdöl eine Vielzahl unterschiedlicher Stoffe herstellt).
- **Bioreaktor** – Behälter, in dem speziell herangezüchtete Mikroorganismen oder Zellen unter möglichst optimalen Bedingungen in einem Nährmedium kultiviert werden, um entweder die Zellen selbst, Teile von ihnen oder eines ihrer Stoffwechselprodukte zu gewinnen. Bioreaktoren werden auch als Fermenter bezeichnet.
- **Cellulose** – langkettige Kohlenhydratfaser, Bestandteil von pflanzlichen Zellwänden, Rohstoff zur Herstellung von Papier, Kunststoffen und Fasern.
- **Energiepflanzen** – Pflanzen, die für die Bioenergiegewinnung angebaut und genutzt werden, neben Mais, Raps, Getreide und Zuckerrübe auch Pappeln, die Durchwachsene Silphie oder Wildpflanzen.
- **Kaskadennutzung** – ein- oder mehrfache stoffliche Nutzung eines Rohstoffs in Produkten (z.B. durch Papier-Recycling) sowie abschließende energetische Nutzung.
- **Kurzumtriebsplantage** – Acker, auf dem schnellwachsende Hölzer wie Pappeln und Weiden angebaut werden. Diese Dauerkulturen sind nach wenigen Jahren erntefähig.
- **Lignin** – netzartig strukturierter Bestandteil pflanzlicher Zellwände, bewirkt Verholzung der Zelle.
- **Lignocellulose** – hochmolekularer nachwachsender Rohstoff aus Cellulose, Hemicellulosen und Lignin, Bestandteil der Zellwände verholzter Pflanzen.

Quelle: Bioökonomie in Deutschland, Hrsg.: Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), 2014

Arbeitsaufträge

1. Wiederholen Sie in diesem Zusammenhang die Hauptbestandteile von Holz. Zu welchen Stoffgruppen zählen sie, und was sind ihre biologischen Funktionen?
2. Was ist das Ziel, die Vorgehensweise und das erwünschte Ergebnis von POP MASS? Stellen Sie die einzelnen Arbeitsschritte in einem Fließdiagramm dar.
3. Schildern Sie in wenigen Sätzen das Ziel des Projekts TREE FOR JOULES? Weshalb ist das wichtig?
4. Entnehmen Sie dem Text die Anbauflächen schnell wachsender Bäume in Deutschland, Schweden, Europa und weltweit.
5. Erarbeiten Sie ein Kurzreferat zum Thema: „Anpflanzung von Hölzern in Kurzumtriebsplantagen“.
6. Tragen Sie gemeinsam Gründe zusammen, weshalb sich Pappeln, Weiden und Eukalyptus besonders gut zum Anbau in Kurzumtriebsplantagen eignen.
7. Was ist Bioethanol? Skizzieren Sie das Prinzip des Produktionswegs vom Holz zum Bioethanol in einem einfachen Schema.

Modul 2

Big Data in der Pflanzenforschung

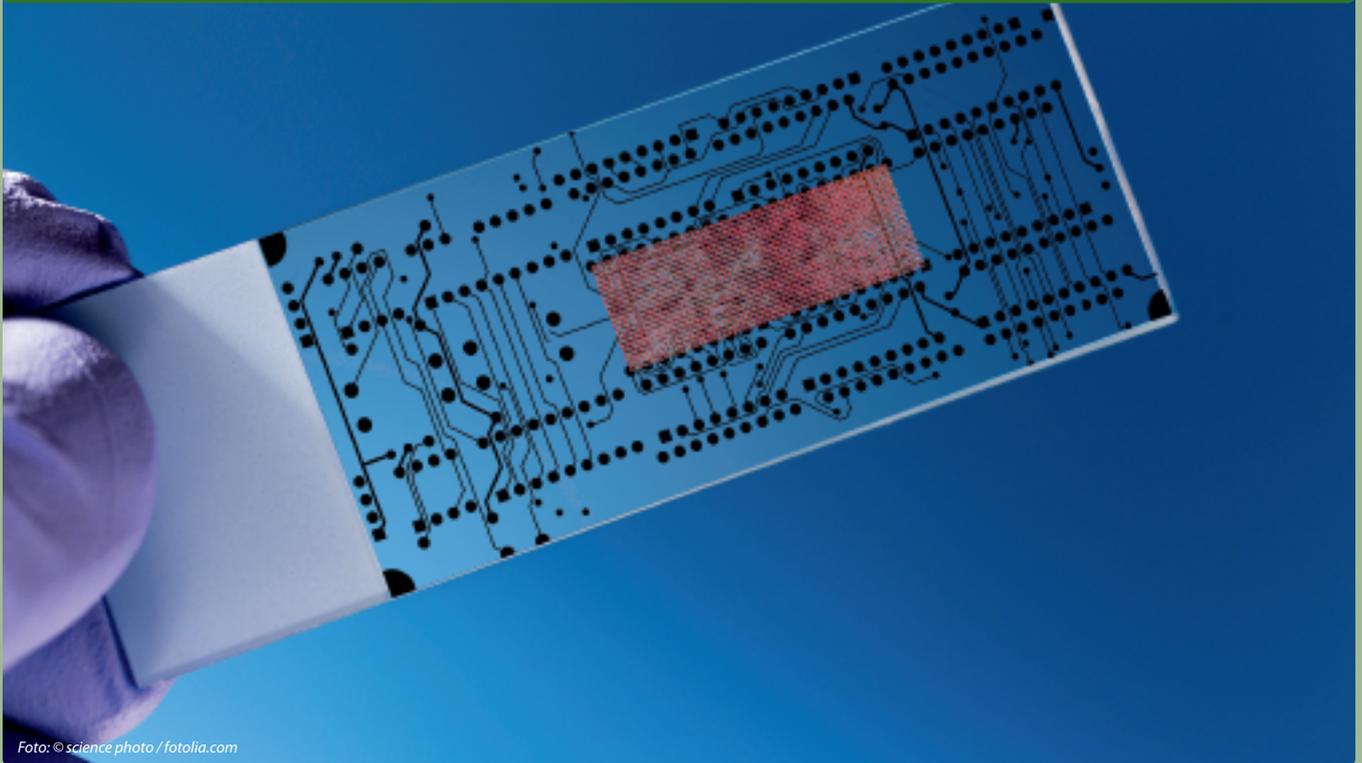


Foto: © science photo / fotolia.com

Big Data in der Pflanzenforschung

Der Ausdruck „Big Data“ steht für große Datenmengen, die erhoben, organisiert und analysiert werden müssen. Solche Daten spielen heute in nahezu allen Disziplinen eine herausragende Rolle. Besonders in der Biologie ist es von großer Bedeutung, mit Hilfe von Computeralgorithmen verborgene Muster und komplexe Zusammenhänge in großen Datensätzen aufzudecken.

Anregungen zur weiteren Recherche:

bionumbers Wie groß ist eine Zelle? Wie groß ist das größte Protein im menschlichen Organismus? Die Datenbank bionumbers ist eine Zusammenstellung nützlicher Zahlen für biologische Systeme. <http://bionumbers.hms.harvard.edu>

Bioinformatik in der Pflanzenforschung Dr. Jan Lisec vom Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam Golm erklärt, was Bioinformatik ist und warum sie für die biologische Forschung so wichtig und unentbehrlich ist. www.youtube.com/watch?v=Gtv3sXKuT5U

Algorithmus der Woche. Die Aktion widmet jeweils eine Woche der Präsentation eines besonders interessanten Algorithmus, der Grundprinzipien des Algorithmen-Designs illustriert und anhand von interessanten Anwendungen erläutert. www-i1.informatik.rwth-aachen.de/~algorithmus

MIT Technology Review: 10 Breakthrough Technologies 2014 – Agricultural Drones. Englischsprachiger Beitrag über den Einsatz von Agrardrohnen in der Landwirtschaft. www.technologyreview.com/featuredstory/526491/agricultural-drones

Landing-Page Big Data in der Pflanzenforschung

mit aktuellen Neuigkeiten aus der Welt der Big Data, allen Beiträgen in diesem Heft und ständig aktualisierten Links zum Modul <http://bit.ly/1pjrGKC>

„Big Data“ heißt: Daten zum Sprechen bringen

Große Datensätze setzen sich oft aus Millionen einzelner Informationen zusammen, die aus ganz unterschiedlichen Quellen stammen können und in einen neuen Kontext gebracht werden müssen. Forschungsdaten aus automatisierten, multiparallelen Hochdurchsatzanalysen, aber auch komplexe Umwelt- oder Klimadaten können hierfür die Grundlage sein. Da diese Daten zunächst jedoch ohne große Aussagekraft sind, besteht die Herausforderung der Wissenschaft darin, die entscheidenden Fragen zu stellen und die Daten so zum Sprechen zu bringen.

Algorithmen steuern das „Handeln“ von Computern

Zum besseren Verständnis können Daten als einzelne Buchstaben oder Wörter betrachtet werden, die erst durch Zusammenfügen zu verständlichen Sätzen und durch Kombinieren zu sinnvollen Texten werden. Diese Aufgabe übernehmen spezielle Computeralgorithmen, die in der Lage sind, die Datensätze automatisiert zu strukturieren und auszuwerten. Algorithmen sind Abfolgen von präzisen Handlungsanweisungen, die festlegen, wie der Computer mit den Daten umgehen soll. Wenn also Daten Wörter und Buchstaben darstellen, handelt es sich bei Algorithmen um die grammatikalischen Regeln, nach denen ein verständlicher Text entsteht.

Alles beginnt mit den richtigen Fragen

Um Forschungsdaten analysieren und auswerten zu können, müssen diese zunächst im Experiment erhoben werden. In der Pflanzenforschung können solche Daten beispielsweise genetische Informationen oder Merkmale einzelner Pflanzen, Populationen oder Gruppen unterschiedlicher Arten sein.

Um eine Hypothesen zu überprüfen und um biologische Prozesse besser zu verstehen, konzentriert sich die Wissenschaft sowohl auf Auffälligkeiten als auch auf bestimmte wiederkehrende Muster und Gemeinsamkeiten. Mit Hilfe von multivariaten Analysemethoden können zum Beispiel mehrere Variablen bzw. Merkmale auf einmal untersucht und anschließend mit Hilfe der Hauptkomponenten-Analyse strukturiert abgebildet werden.

Die Speicherung und Archivierung von Daten spielt eine wichtige Rolle

Forschungsdaten benötigen wie Bild-, Musik- und Textdateien Speicherplatz. So wie Urlaubsfotos auf der Festplatte eines Computers gespeichert werden, werden auch wissenschaftliche Daten auf Festplatten abgelegt. Diese Festplatten befinden sich häufig in verschiedenen Computern, die über das Internet miteinander verbunden sind. Für die Forschung bedeutet das, dass sie Zugang zu

den Forschungsdaten anderer Arbeitsgruppen erhalten kann. Ein Forscher aus Tokyo kann beispielsweise auf die Daten einer amerikanischen Kollegin zugreifen. Diese Form der Speicherung und Archivierung ist eine tragende Säule von „Big Data“. Der freie Zugang zu Literatur und Materialien aus der Wissenschaft, zu denen auch wissenschaftliche Rohdaten zählen, wird häufig unter dem Ausdruck „Open Access“ zusammengefasst.

„Big Data“ erfordert einheitliche Standards

Damit der Austausch von Forschungsdatensätze sinnvoll ablaufen kann, ist es entscheidend, einheitliche Regeln in der Klassifizierung dieser Daten, sogenannte Standards, zu etablieren. Da nicht immer unmittelbar erkennbar ist, welche Informationen ein Datensatz enthält, muss er mit nachvollziehbaren Zusatzinformationen beschriftet werden. Diese Zusatzinformationen werden als „Meta-Daten“ bezeichnet. Sie sind mit der Deklaration von Lebensmittelverpackungen vergleichbar. Neben einer „Zutatenliste“ kann den Meta-Daten beispielsweise entnommen werden, unter welchen Umständen die Daten gewonnen wurden.

Bioinformatik 1

Infobox

- *Bioinformatik ist ein interdisziplinäres Studium, das biologische und biochemische Kenntnisse mit Informatik verbindet. Für die Pflanzenforschung wird die Bioinformatik zunehmend wichtiger, um die großen Datenmengen der Forschung zu katalogisieren, auszuwerten und zu interpretieren.*
- *Die Bioinformatik ist auch ein Ort innovativer Lernkonzepte, wie etwa die Online-Plattform Rosalind zeigt. Rosalind ist eine Lernplattform der Bioinformatik und des problemorientierten Programmierens. <http://rosalind.info/problems/locations>*
- *Eine der größten deutschen Investitionen in die Bioinformatik der letzten drei Jahre ist die BMBF-Initiative „Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur“ vom September 2013.*

Einleitung

Modul 2

Moderne Technologien für die Biologie

Durch moderne Technologien sind in den vergangenen Jahren völlig neue Teilgebiete der Biologie entstanden, die „Omics“ genannt werden. Ziel dieser Forschungsrichtungen ist es, biologische Systeme in ihrer Gesamtzeit zu verstehen. Statt sich also auf Einzelelemente, wie ein Gen oder ein Stoffwechselprodukt (Metabolit) zu konzentrieren, wird die Dynamik und Vernetzung aller Elemente des gesamten Genoms oder Metaboloms untersucht. Die zugehörigen Teilgebiete heißen „Genomik“, „Epigenomik“, „Transkriptomik“, „Proteomik“ und „Metabolomik“.

Die Voraussetzung für diese neuen Forschungswege bilden moderne Hochleistungstechnologien. Hochdurchsatzverfahren ermöglichen es, ein Genom schnell und kostengünstig zu sequenzieren, d.h. die Reihenfolge der Grundbausteine der Erbinformationen auf den Chromosomen zu bestimmen. Moderne Sequenzierungsmethoden erlauben es heute, das menschliche Genom in wenigen Wochen und für wenige tausend Dollar zu sequenzieren. Die Sequenzierung des ersten menschlichen Genoms, die im Rahmen des internationalen „Humangenomprojekts“ 1990 startete, dauerte 13 Jahre und kostete rund 3 Milliarden Dollar. Über 1.000 Personen waren weltweit an diesem Projekt beteiligt.

Was kann „Big Data“ leisten?

Das bessere Verständnis der Gesamtheit biologischer Systeme ermöglicht es, diese auch im Wechselspiel mit ihrer Umwelt zu betrachten. Die Metabolomik versucht beispielsweise Stoffwechselprodukte von Pflanzen zu identifizieren, die eine gesundheitsfördernde Wirkung besitzen. Hängt der Gehalt dieser Stoffe mit bestimmten Umweltfaktoren zusammen, und kann die Regulation der Synthese in der Pflanze verstanden werden, kann gezielt daran gearbeitet werden, die Produktion dieser Stoffwechselprodukte durch die Pflanze zu steuern.

Eine andere vielversprechende Herausforderung besteht darin „stärkere“ Pflanzen zu züchten. So fand ein Forschungsteam unter Beteiligung von Professor Björn Usadel (im Interview auf Seite 22) einen Weg, Tomaten unempfindlicher gegenüber Hitze und Trockenheit zu machen. Als Vorbild diente dabei eine Wildtomatensorte, deren Erbgut mit dem unserer Kulturtomaten verglichen wurde. Dabei wurde ein Gen identifiziert, das die Bildung einer schützenden Wachsschicht steuert, die die Wildtomate vor Hitze und Trockenheit schützt.

„Big Data“ führt zu neuen Arbeitsmethoden in der Wissenschaft

Im Jahr 2012 gelangte das Forschungsteam unter der Leitung von Ivo Grosse, Professor für Bioinformatik an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, auf das Titelblatt des renommierten Fachmagazins *Nature*. Das Team fand heraus, dass es in der Embryonalentwicklung der Pflanzen eine Phase gibt, in der sich Embryonen artübergreifend zum Verwechseln ähneln. Dieses Phänomen, auch „Sanduhrmodell“ genannt, war bisher nur aus der Tierwelt bekannt. Außergewöhnlich an der Vorgehensweise war, dass auf bereits existierende Daten zugegriffen wurde, und diese unter neuer Fragestellung und mit Hilfe computerbasierter Methoden analysiert wurden.

Ein weiterer Gewinn durch „Big Data“ besteht darin, verschiedenste Szenarien am Computer simulieren zu können. Auf diese Weise lässt sich etwa überprüfen, wie sich eine Pflanze mit einer bestimmten genetischen Ausstattung verhalten könnte, wenn sich einzelne Parameter wie Licht, Temperatur oder Niederschlagsmenge ändern. Diese rationalen Ansätze helfen Zeit und Kosten zu sparen. Die Ergebnisse der Simulationen können im Anschluss unter realen Bedingungen auf dem Feld überprüft werden.

Landwirtschaft 3.0

In der landwirtschaftlichen Praxis arbeiten heute bereits Prototypen von Feldrobotern, die voll automatisiert punktgenau Dünger und Pflanzenschutzmittel auf die Äcker auszubringen können. Grundlage hierfür ist die schnelle und präzise Interpretation großer Datenmengen in Kombination mit GPS- und spektroskopischen Daten. Unterstützung erhalten die Feldroboter dabei von Satelliten oder Agrardrohnen. Bodenstationen empfangen deren Daten und berechnen in Sekundenbruchteilen die optimale Menge an Dünger- oder Pflanzenschutzmitteln, die auf bestimmte Stellen des Ackers ausgebracht werden muss. Die benötigte Düngermenge orientiert sich maßgeblich am Zustand der Pflanzen oder dem Reifegrad ihrer Früchte. Diese Methoden kommen nicht nur dem Landwirt, sondern auch der Umwelt zugute.

Berufsfeld mit Zukunft!

Das Konzept von „Big Data“ bringt in vielen Bereichen der Wissenschaft Kapazitäten aus unterschiedlichsten Disziplinen an einen Tisch. Im Kontext der Pflanzenforschung kombiniert die Bioinformatik das Wissen der Lebenswissenschaften aus Biologie, Genetik, Biochemie und Biotechnologie mit dem der Informatik, Mathematik und Statistik. Auf diese Weise ist in den letzten Jahren ein ganz neues Fachgebiet entstanden, das sich mittlerweile als ein eigener Wissenschaftszweig etabliert hat: die Bioinformatik. Ein Studium auf diesem Gebiet ist nicht nur theoretisch und praktisch, sondern auch technisch ausgerichtet und vermittelt neben den naturwissenschaftlichen Grundlagen, Spezialwissen aus den Bereichen der Informatik und Datenverarbeitung. Die Bioinformatik ist ein Berufsfeld mit Zukunft.

Arbeitsaufträge

1. Lesen Sie den Einleitungstext, und definieren Sie die folgenden Begriffe mit Ihren eigenen Worten: *Algorithmus, Big Data, Datenbank, Meta-Daten und Bioinformatik*.
2. Erstellen Sie eine Tabelle mit den als „Omics-Technologien“ bezeichneten Forschungszweigen der Biologie, den Systemen mit denen sich diese beschäftigen und den zugehörigen Einzelelementen aus denen sich diese Systeme zusammensetzen (z.B. *Teilgebiet: Genomik, System: Genom, Einzelelement: Gen*).
3. Was ist mit „Landwirtschaft 3.0“ gemeint? Diskutieren Sie im Klassenverband die Vor- und Nachteile von Landwirtschaft 3.0. Bilden Sie sich anhand dessen eine persönliche Meinung.

Die Biologie erzeugt massenweise Daten, die Bioinformatik hebt die darin verborgenen Schätze. Mit Algorithmen und mathematischen Modellen wird am Computer neues Wissen über Pflanzen geschaffen.

Mit Rechenkraft voraus Datenmengen mit Potential für die Naturwissenschaften

Die moderne Biologie produziert Unmengen an Daten, aber Daten sind noch keine Ergebnisse. Erst richtig ausgewertet, analysiert, verstanden und angewandt werden aus Zahlenkolonnen Erkenntnisse. Die Zukunft gehört mehr und mehr der Bioinformatik.

Foto: © M. Arlt

Im Jahr 2000 wurden die ersten Pflanzengenome sequenziert. Diese gehörten zur Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* und zur Weltnahrungspflanze Reis. Zwei Jahre später folgten detailliertere Informationen von Rundkorn- und Langkornreis. In den folgenden Jahren ging es Schlag auf Schlag. Inzwischen sind die Genome von zahlreichen Pflanzen wie Tomate, Kartoffel, Mais, aber auch Kautschuk- und Kakaobaum in Datenbanken abgelegt. Auch Informationen über Transkripte, Proteine und Metaboliten findet man dort.

Die Bioinformatik nutzt diesen Schatz und macht bahnbrechende Entdeckungen, ohne dass ein Labor betreten werden muss. Statt in der Erde zu buddeln, werden Gensequenzen und Transkript-, Protein- oder Metabolitenprofile ausgewertet, die von der experimentellen Biologie *en masse* produziert werden. In riesigen Tabellen wird nach Auffälligkeiten in Zahlenkolonnen und Ausreißern aus der Statistik gesucht. „Auch wir haben Hypothesen, die wir anhand von Daten überprüfen. Der einzige Unterschied ist, dass wir die Daten nicht selber messen“, erklärt Dr. Dirk Walther, der am Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie die Arbeitsgruppe Bioinformatik leitet.

Erst 2012 machte das Hallenser Forschungsteam um Ivo Grosse Schlagzeilen in *Nature*, als sie herausfanden, dass die pflanzliche Embryogenese, also die Entwicklung der befruchteten Eizelle zum Embryo, genau wie die tierische nach dem Sanduhr-Modell abläuft. Die Daten, auf denen ihre Arbeit beruht, stammen aus dem Internet. Keinen einzigen Wert hatte das Forschungsteam selbst gemessen, das hatten andere für sie erledigt.

Das einzige Limit ist manchmal die Leistung der Computer. Deswegen setzt die Forschung auch hier auf die Kraft der Masse. Es werden Freiwillige rekrutiert, die ihre ungenutzte Rechenpower für die Suche nach Leben im All (Seti@home) oder der richtigen Faltung von Proteinen zur Verfügung stellen (Fold@home). Manchmal werden komplizierte Probleme auch in Computerspiele verpackt, damit der Spaßfaktor gesteigert wird und sich möglichst viele an der Lösung beteiligen. Ein Beispiel dafür ist *foldit*, wo jeder selbst daran arbeiten kann, Proteine in ihre richtige Form zu bringen. Obwohl Arbeit hier vielleicht das falsche Wort ist.

Überhaupt findet Wissenschaft längst nicht mehr nur im Labor statt. Die „Citizen Science“-Bewegung wächst trotz ihres angelsächsischen Namens nicht nur in den Vereinigten Staaten. Auch hierzulande sammeln Interessierte in ihrer Freizeit Daten über Zugvögel oder Insektenpopulationen, sie kartieren Pflanzen und die Ausbreitung von invasiven Spezies. Fans der „do it yourself“-Biologie gehen noch einen Schritt weiter und versuchen sich in Laboren an komplizierteren Unterfangen wie der Analyse der eigenen DNA.

Die stärkere Verfügbarkeit wissenschaftlicher Daten, wie zum Beispiel Sequenzinformationen, schafft ein völlig neues Betätigungsfeld für interessierte Laien.

Bioinformatik 2

Infobox

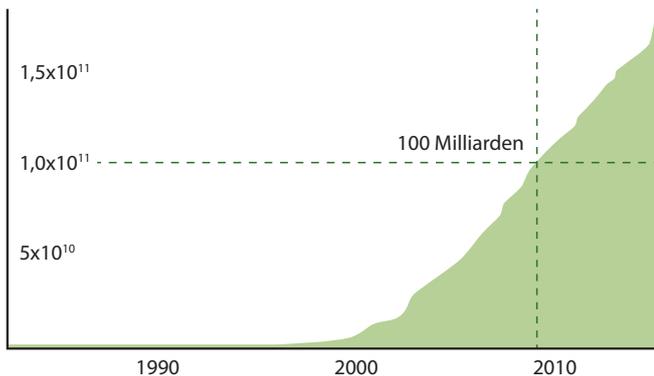
- **GenBank ist eine der wichtigsten molekularbiologischen Datenbanken. Aufgrund der immer neuen Technologien zur Sequenzierung weist der gesamte Sequenzinhalt von GenBank seit fast drei Jahrzehnten durchgehend ein exponentielles Wachstum auf (Abbildung S.20). www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics**
- **Wie die Bioinformatik unterliegt auch die Systembiologie als junge Disziplin einem erheblichen Wandel. Schon aus diesem Grund ist eine Grenzziehung zwischen den beiden Gebieten äußerst schwierig. Bioinformatische Methoden setzen typischerweise auf der Ebene der Sequenzinformation an (DNA-, RNA- oder Proteinsequenzen), während im Zentrum der Systembiologie eher die systemische Kontextualisierung von Beobachtungen steht (zum Beispiel das Abbilden von Daten auf Signalfade oder verschiedene intrazelluläre Netzwerke), durchaus auch gestützt durch quantitative mathematische Modelle der zugrundeliegenden biologischen Systeme.**
- **Netzwerke sind in den letzten 15 Jahren zu einer wichtigen Datenstruktur der Bioinformatik und der Systembiologie geworden. Daten (zum Beispiel zu Transkriptionsfaktoren und ihren Bindestellen oder zu Protein-Protein-Wechselwirkungen) lassen sich effizient in Form eines Netzwerks zusammenfassen. Zugleich bieten die vielfältigen Analysemethoden komplexer Netzwerke einen neuen Blick auf die in dieser Form repräsentierte biologische Information.**

Quelle: Hütt, Dehnert, *Methoden der Bioinformatik*, 1. Auflage, Springer-Verlag 2006

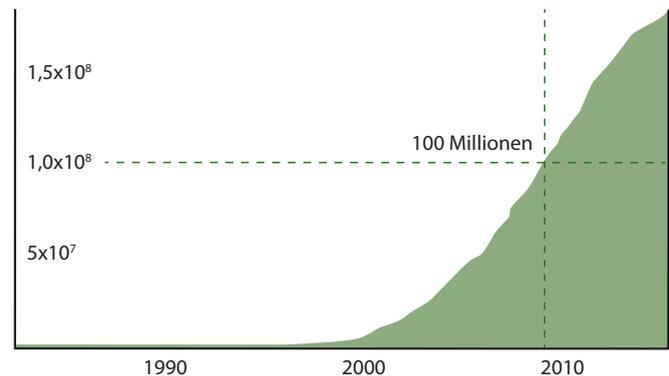
Arbeitsmaterial

Modul 2

Basenpaare



Sequenzen



GenBank ist eine große DNA-Sequenzdatenbanken des National Center of Biotechnology Information (NCBI) am National Institutes of Health (NIH). Aktuell sind bei GenBank rund 182 Milliarden Basenpaare und rund 178 Millionen Sequenzen gespeichert (Stand: Oktober 2014; Daten entnommen unter <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics>).

Viele Daten sind frei zugänglich und jeder kann sich an ihnen ausprobieren

Die teuren Analysegeräte die heute in jeder Universität und jedem Forschungsinstitut zur Standardausstattung gehören, können in einer einzigen Probe den Gehalt von tausenden Transkripten und Proteinen und immerhin noch hunderten Metaboliten gleichzeitig messen. Es werden mehr Daten produziert, als mit der heutigen Technologie analysiert werden können.

Doch die Bioinformatik holt auf. „Fortschritte im Hochleistungsrechnen sowie numerische Algorithmen haben computereintensive Simulationen von komplexen mathematischen Modellen sowie die Bearbeitung von Milliarden oder sogar Billionen Datenpunkten ermöglicht und sogar zur Routine gemacht“, schreiben die Biologen Steve Long und Mark Stitt in der Fachzeitschrift *Plant, Cell and Environment*. Aber Algorithmen schreiben sich nicht von alleine und hinter jedem mathematischen Modell sitzt ein schlauer Kopf, der es erdacht hat. Die Bioinformatik sucht deshalb händeringend Nachwuchs.

Ein wenig Statistik im Grundstudium, das reicht heute nicht mehr

In Deutschland bieten inzwischen viele Hochschulen den Studiengang Bioinformatik an, daneben gibt es zahlreiche verwandte Angebote wie „Bioinformatik und Genomforschung“ oder „Bioinformatik und Systembiologie“. Einer der Vorreiter war die Freie Universität Berlin, die im November 2000 als einen Bachelor- und Masterstudiengang Bioinformatik eingerichtet hat. „Die Freie Universität hat damit auf den zunehmenden Bedarf an interdisziplinär arbeitenden Kapazitäten für Biotechnologie reagiert“, heißt es in der Pressemitteilung dazu. „Für die akademische Forschung ist zurzeit genug Nachwuchs da“, so Dr. Dirk Walther, „aber wenn sich die personalisierte Medizin weiter so rasant entwickelt, dann werden zukünftig im medizinischen Bereich vermehrt bioinformatische Fachkräfte gebraucht werden.“

Diese müssen sich besonders für Informatik und Mathematik interessieren. Doch während diese Fähigkeiten in der Physik schon lange als wichtiges Grundlagenwissen gelten, wurden sie in der Biologie oft nur wenig beachtet. Etwas Mathematik im Grundstudium, gerade genug um statistische Signifikanz zu berechnen, das reicht heute nicht mehr. Wer in der Biologie mithalten will, der

muss sich in Zukunft auch mit mathematischer Modellierung auskennen. „Wissenschaftler mit dieser Ausbildung werden vermutlich einige der wichtigsten zukünftigen Entdeckungen machen“, schreiben Long und Stitt in ihrem Artikel.

Dazu braucht man nicht einmal teure Spezialausrüstung, keine millionenschweren Messgeräte und keine energiehungrigen Gewächshäuser. Ein paar Computer mit Internetanschluss und Menschen mit Ideen, das ist alles. „In dieser Disziplin kann man relativ schnell zur Weltspitze aufsteigen“, so Dr. Dirk Walter. Genau das macht die Bioinformatik so interessant für Entwicklungs- und Schwellenländer.

Wer weiß, vielleicht geht auch der Nobelpreis für Medizin eines Tages an Bioinformatiker. Die Chemie hat es vorgemacht, die Preisträger von 2013 wurden für ihr Computermodell zur Simulation chemischer Reaktionen geehrt.

Diesen Artikel online lesen <http://bit.ly/1sG7V68>

Arbeitsaufträge

1. Informieren Sie sich über die Genomgrößen folgender Pflanzen. Legen Sie eine Tabelle mit der Zahl der Basenpaare ($Mb = \text{Megabasenpaare} = 10^6 \text{ Basenpaare}$) an und sortieren Sie diese nach der Größe: Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*), Eukalyptus (*Eucalyptus grandis*), Gerste (*Hordeum vulgare*), Gurke (*Cucumis sativus*), Kartoffel (*Solanum tuberosum*), Kulturapfel (*Malus domestica*), Mais (*Zea mays*), Orange (*Citrus sinensis*), Paprika/ Spanischer Pfeffer (*Capsicum annuum*), Reis (*Oryza sativa*), Tomate (*Solanum lycopersicum*), Virginischer Tabak (*Nicotiana tabacum*), Walderdbeere (*Fragaria vesca*), Weichweizen (*Triticum aestivum*), Westliche Balsam-Pappel (*Populus trichocarpa*), Zuckermelone (*Cucumis melo*), Zuckerrübe (*Beta vulgaris*).
2. Was versteht man unter der „Citizen Science“? Stellen Sie Beispielprojekte vor, die Sie persönlich interessant finden.

Arbeitsmaterial **Modul 2**

Kilo, Mega, Giga, Tera...

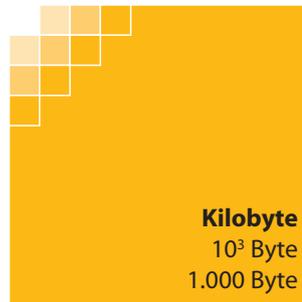
Wenn in der Wissenschaft Experimente im Labor oder in der freien Natur durchgeführt werden, und beispielsweise der Stoffwechsel einer Pflanze untersucht wird, entstehen groß Mengen an Forschungsdaten. Die Größe dieser Datensätze kann von wenigen Kilobyte bis zu vielen Terabyte und mehr reichen. Sie hängt von Faktoren, wie der Anzahl der untersuchten Merkmale, der Länge des Beobachtungszeitraums, den Datenformaten (Bild, Text, Video), aber auch von der Pflanze selbst ab. Wenn ein einzelnes Stoffwechselprodukt (Metabolit) über einen kurzen Zeitraum beobachtet, die Zellwandstruktur zu einem bestimmten Zeitpunkt analysiert oder das Reaktionsverhalten von Pflanzen auf äußere Bedingungen betrachtet wird, werden die erhobenen Messpunkte in Listen bzw. Tabellen festgehalten, die weniger Speicherplatz benötigen als beispielsweise ein hochauflösendes Foto.

Die Entschlüsselung und Analyse des Erbguts ist um einiges umfangreicher, weil die Anzahl der untersuchten Elemente in die Millionen und Milliarden geht. Bei der DNA-Sequenzierung wird die Abfolge der Basen (Adenin, Guanin, Thymin und Cytosin) im Genom entschlüsselt. Je mehr Basenpaare vorhanden sind, desto größer ist auch der Datensatz: Tomaten besitzen etwa 35.000 Gene mit rund 900 Megabasenpaaren, was 900 Millionen Basenpaaren entspricht. Beim hexaploiden Weizen sind es dagegen 94.000 bis 96.000 Gene mit 17 Gigabasenpaaren, umgerechnet also 17 Milliarden Basenpaaren.

Während es bei der DNA-Sequenzierung um die Erfassung der Basensequenz geht, liefert die RNA-Analyse mittels RNA-Seq (Gesamt-Transkriptom-Shotgun-Sequenzierung) Informationen über die Aktivität der Gene (Genexpression) bestimmter Pflanzenbereiche oder unterschiedlicher Entwicklungsstadien. Da jedoch nicht nur ein Interesse an rezenter (heute verfügbarer) DNA besteht, sondern z.B. auch an ausgestorbenen Arten, deren Erbgut nicht oder nur teilweise erhalten ist, spielt die Rekonstruktion von fossilen Genomen eine wichtige Rolle. Um Aspekte der Evolution verstehen zu können, muss das Erbgut von mehreren Arten als auch das von unterschiedlichen Individuen der gleichen Art herangezogen werden. Weiterhin müssen genetische Informationen, die nicht im Zellkern liegen und herrschende Umweltbedingungen einbezogen werden, wodurch sich das Datenvolumen zusätzlich erhöht.

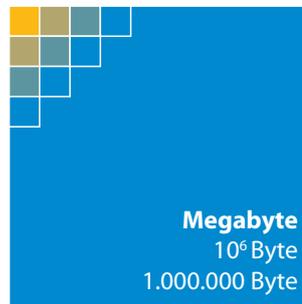
Dass Omics-Experimente so umfangreich sind und die größten Datenmengen produzieren liegt daran, dass bei der umfassenden Betrachtung der Gesamtheit der Gene (*Genomics*), des Stoffwechsels (*Metabolomics*) oder der Proteine (*Proteomics*) nicht mehr nur die Einzelelemente für sich untersucht werden, sondern zusätzlich auch die mit ihnen verbundenen komplexen Prozesse und Mechanismen. Die Daten besitzen oft auch eine zeitliche

Dimension und beinhalten Informationen über die Vernetzung und Regulation der einzelnen Elemente. Leistungsstarke Computer, die Bioinformatik und die Systembiologie schaffen die Voraussetzungen für derartige Analysen. Ohne solche Werkzeuge wäre zum Beispiel die Entschlüsselung des menschlichen Genoms im Jahr 2001, das Humangenomprojekt, nicht möglich gewesen.



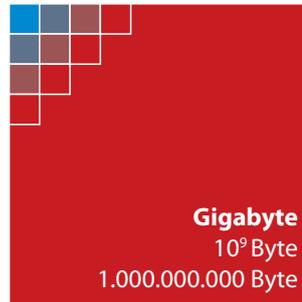
Ein Metabolit gemessen alle paar Stunden für einige Tage

Detaillierte Informationen zur Zusammensetzung der Zellwand eines Pflanzenorgans zu einem Zeitpunkt

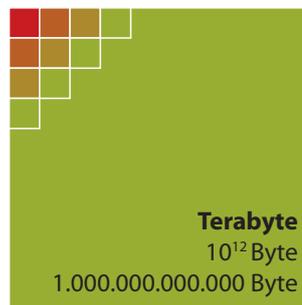


Komplexe Wetterdaten für eine Pflanze

Ein Foto einer Pflanze



Sequenzinformation des Tomatengenoms
Sequenzinformation des Weizengenoms
Eine RNA Messung mittels RNASeq



Sequenzdaten, die für die Rekonstruktion eines mittleren Pflanzengenoms benötigt werden
Ein komplexes Omics-Experiment inklusive der Daten, die zur Auswertung benutzt wurden

© Björn Usadel / RWTH Aachen, FZ Jülich

Interview

Ein Computer hat keine Intuition

In der Biologie und der Pflanzenforschung wird immer häufiger mit großen Datenmengen hantiert. Obwohl der Computer viele komplexe Aufgaben übernimmt, sind das Denkvermögen und die Intuition des Menschen unersetzlich.



Foto: © M. Arlt

Universitätsprofessor Dr. Björn Usadel zählt zu einer wissenschaftlichen Generation, die auf dem relativ neuen Forschungsgebiet der Bioinformatik tätig ist. Im Interview gibt Professor Usadel einen Einblick in seine Arbeit und erklärt, warum der Mensch trotz der wachsenden Bedeutung des Computers die wichtigste Rolle spielt.

Das englische Schlagwort „Big Data“ bedeutet wörtlich übersetzt erst einmal nur große Datenmengen. Was verbinden Sie mit diesem Ausdruck?

Prof. Usadel: Ich verstehe darunter das Herausfiltern von z.B. biologisch und züchterisch interessanten Information aus sehr großen Datensätzen. Diese Informationen werden durch die Verknüpfung vieler Daten aus unterschiedlichen Datenquellen gewonnen.

Sie sprechen von biologisch und züchterisch interessanten Informationen. Können Sie ein Beispiel geben, in welchen Bereichen die Erkenntnisse nützlich sein könnten?

Prof. Usadel: In der Züchtung spielen genetische Daten eine wichtige Rolle. Schon bei der Domestizierung vor tausenden von Jahren haben die Bauern Pflanzen ausgewählt, die über bestimmte Eigenschaften verfügten und zum Beispiel besser mit widrigen Wachstumsbedingungen umgehen konnten oder mehr Ertrag lieferten. Heute kann man solche gewünschten Eigenschaften viel genauer und in einem größeren Umfang untersuchen, verstehen und in einem weiteren Schritt verbessern.

Welche Daten sind eigentlich genau gemeint, wenn man von „Big Data“ im Zusammenhang mit der Pflanzenforschung spricht?

Prof. Usadel: Das ist in der Pflanzenforschung nicht so klar definiert. Ich würde vor allem den Daten aus dem Bereich der Hochdurch-

satztechnologie das Label „Big Data“ geben. Also die computergestützte Erfassung pflanzlicher Merkmale. Dazu zählen Daten, die zum Beispiel das Erbgut, den Proteingehalt oder den Stoffwechsel von Pflanzen betreffen.

Wie werden solche Daten eigentlich überhaupt erfasst, benutzen Sie zum Beispiel spezielle Geräte?

Prof. Usadel: Möchten wir zum Beispiel Informationen zu den Funktionen bestimmter Genen erhalten, nutzen wir Sequenziergeräte, die in der Lage sind, Millionen von kurzen Sequenzstücken der DNA zu analysieren. Wir haben einen kleinen eigenen Sequenzierer am Forschungszentrum Jülich, um selbst auf dem neuesten Stand zu bleiben und einige Dinge auch selbst zu entwickeln. Wir arbeiten aber auch eng mit Service-Dienstleistern oder Kooperationspartnern zusammen, denen wir biologisches Material zuschicken.

Benötigen Sie nicht auch spezielle Software und Programme, um die Daten auszuwerten? Wo bekommt man eigentlich wissenschaftliche Computerprogramme?

Prof. Usadel: Wir benutzen verschiedene Computerprogramme. Dazu zählen frei verfügbare Statistikprogramme, wissenschaftli-

Standardfragen der praktischen Bioinformatik Infobox

- *Ähneln eine gefundene Sequenz einer bereits bekannten?*
 - *Ist ein bestimmtes Sequenzsegment ein Gen?*
 - *Welche Gene sind unter bestimmten Bedingungen gleichzeitig aktiv?*
 - *Welche dreidimensionale Proteinstruktur ergibt sich aus einer bestimmten Aminosäuresequenz?*
 - *Welche Teile eines Proteins können in einer Membran liegen?*
- Quelle: Hütt, Dehnert, Methoden der Bioinformatik, 1. Auflage, Springer-Verlag 2006

Arbeitsmaterial

Modul 2 Interview

che Standardprogramme, aber auch eigens von uns programmierte Software. Diese stellen wir übrigens auch anderen Wissenschaftlern zur Verfügung. Leider zeichnen sich wissenschaftliche Programme durch eine manchmal etwas geringere Benutzerfreundlichkeit aus. Sie sind dafür aber immer auf dem neuesten Stand.

Wie wird „Big Data“ die Pflanzenforschung aus Ihrer Sicht verändern? Können die Mitglieder der Wissenschaft bald gemeinsam große Datenbanken „füllen“ und nutzen, sich vernetzen und kooperieren?

Prof. Usadel: Das Teilen und Wiederverwenden von Daten ist sehr wichtig und wird heute vielfach praktiziert. Viele wissenschaftliche Daten werden in öffentlich zugänglichen Datenbanken zur Verfügung gestellt und auch von uns genutzt. Dieser Trend wird in Zukunft weiter zunehmen. Auch wird die Datenerfassung immer weiter automatisiert und autonomisiert, so dass sich die Wissenschaft immer mehr auf das Wesentliche, die wissenschaftliche Auswertung, konzentrieren kann.

Inwiefern beeinflusst „Big Data“ die zukünftigen Berufsbilder in der Biologie? Muss sich die Biologie in Zukunft mit Informatik beschäftigen oder muss sich die Informatik um Wissen aus dem Bereich der Biologie erweitern?

Prof. Usadel: Im Idealfall sollten Biologen mit großen Datensätzen umgehen können, jedenfalls in den Bereichen, in denen wir arbeiten. Leider spiegelt sich das noch in viel zu wenigen Studiengängen wider. Für Informatiker ist es, so denke ich, weniger wichtig, sich mit der Biologie zu beschäftigen, da „Big Data“ in der Biologie nur ein Teilgebiet der Informatik darstellt. Natürlich brauchen wir und die Industrie trotzdem gut ausgebildete Bioinformatiker.

Wenn sowohl die Datenerfassung als auch die Auswertung immer häufiger computergestützt abläuft, welche Rolle spielt da noch der Mensch?

Prof. Usadel: Die wird wohl eher noch größer. Ein Computer hat keine Intuition, wie man Daten am besten auswertet und welches Experiment gemacht werden sollte. Automatisierung bedeutet ja lediglich, dass mehr und größere Experimente mit einem geringeren Aufwand durchgeführt werden können, irgendjemand muss



Foto: © Raimund Knauf

Professor Dr. Björn Usadel

Für Professor Björn Usadel stand schon in der Schule fest, dass er später einmal Wissenschaftler werden will. Zu seinen Lieblingsfächern gehörten Mathematik, Informatik, Chemie und Biologie. Nach seinem Abitur studierte er Biochemie an der Freien Universität Berlin. Seine Diplomarbeit verfasste er an der Rockefeller-Universität in New York. Im Anschluss daran wechselte er an das Max-Planck Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam, wo er auch seine Doktorarbeit schrieb. Der Universitätsprofessor unterrichtet heute an der Rheinisch Westfälischen Technischen Hochschule Aachen und ist seit 2011 auch am Forschungszentrum Jülich tätig.

diese Experimente aber entwerfen und biologisch interpretieren. Dabei sind viel Hintergrundwissen, Erfahrungswerte und manchmal eben auch Intuition gefragt.

Zu guter Letzt möchten wir Sie fragen, was sie an Ihrem Beruf am meisten schätzen.

Prof. Usadel: Das Besondere an meinem Beruf ist, dass ständig neue Herausforderungen entstehen, die es erforderlich machen, neue Ansätze zu verfolgen und sich immer wieder anzupassen. Es ist ein idealer Beruf für Neugierige.

Vielen Dank für das Gespräch!

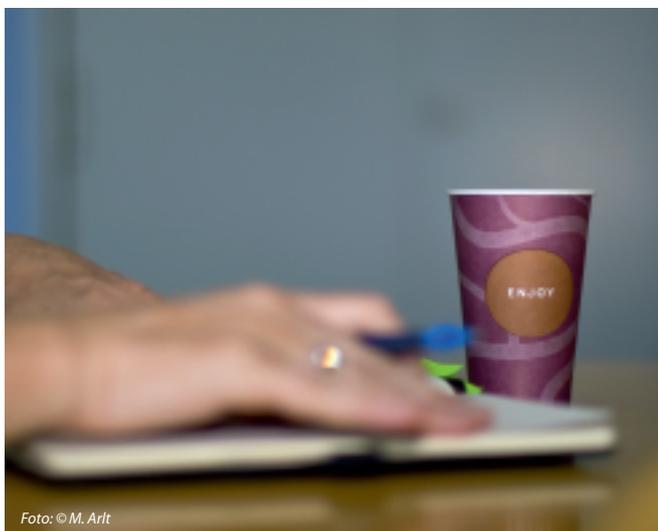


Foto: © M. Art

Zukünftige Aufgaben der Bioinformatik

Infobox

- Identifikation struktureller und funktioneller Komponenten eines Genoms
 - Charakterisierung genetischer Netzwerke und Entwicklung eines Verständnisses der systemweiten Regulation
 - Codierung der Genregulation auf der Ebene der Sequenz
- Quelle: Hütt, Dehnert, Methoden der Bioinformatik, 1. Auflage, Springer-Verlag 2006

Arbeitsmaterial

Modul 2 zum Weiterlesen

Hilfe von Oben Agrardrohnen stützen Präzisionslandwirtschaft

Die Redaktion des Magazins *Technology Review* des Massachusetts Institute of Technology (MIT) sieht in Agrardrohnen eine der zehn bahnbrechenden und zukunftsweisenden Technologien 2014. Geht es nach ihnen, werden in absehbarer Zeit nicht nur Vögel, Bienen und anderes Getier über die Felder fliegen, sondern auch autonome Fluggeräte. Sie sind überzeugt davon, dass dabei weniger das Freizeitverhalten bäuerlicher Hobbypiloten, sondern handfeste ökonomische und ökologische Gründe eine Rolle spielen werden.

Zum vollständigen Artikel: <http://bit.ly/1tSy698>



Die Maschine misst, der Mensch denkt Genotyp-Phänotyp-Zusammenhänge automatisch messen spart Zeit

Die Pflanzenzüchtung sucht ständig nach besseren, kräftigeren, widerstandsfähigeren Pflanzen – und den Genen, die dafür verantwortlich sind. Inzwischen erfassen Maschinen oft präziser als Menschen die phänotypischen Veränderungen.

Zum vollständigen Artikel: <http://bit.ly/ZHqaeH>



Wissenschaft für jeden Neue Online-Plattform für Hobby-Forscher- und -Forscherinnen und ihre Projekte

Mit „Bürger schaffen Wissen“ gibt es für alle, die sich in ihrer Freizeit mit Wissenschaftsfragen beschäftigen, eine Webseite, wo sie Gleichgesinnte finden oder sich an Projekten anderer beteiligen können.

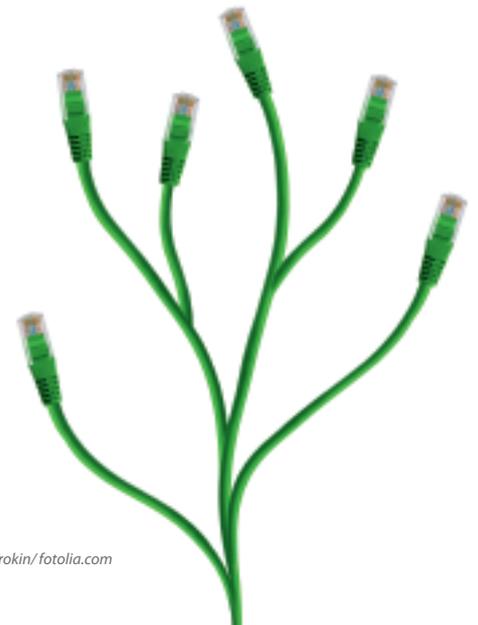
Zum vollständigen Artikel <http://bit.ly/1ofIU1A>

Bioinformatik revolutioniert Evolutionsbiologie

Bioinformatik ermöglicht Berechnung des Stammbaums der Blütenpflanzen.

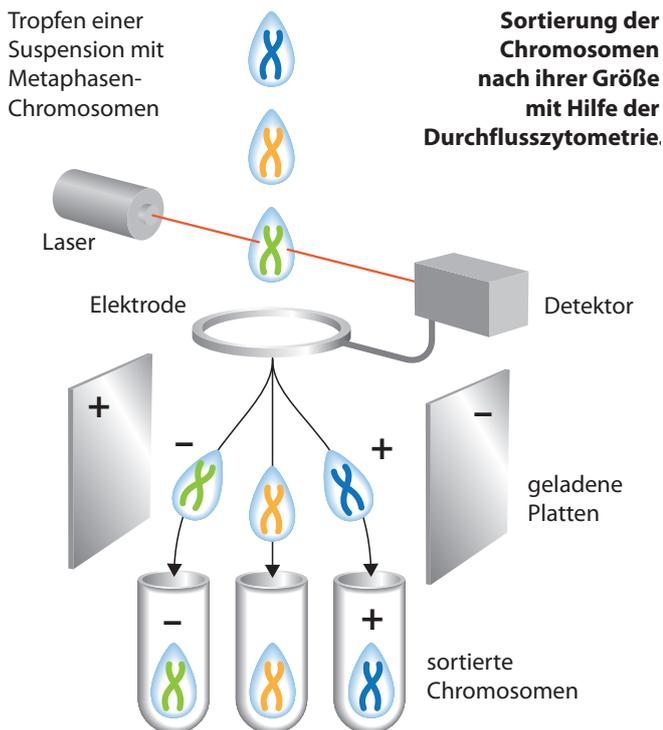
Der weltweit größte Stammbaum der Pflanzen wurde berechnet. Mit diesem „BigPlant-Tree“ kann gezeigt werden, dass die Entstehung neuer Pflanzenarten nicht unmittelbar mit der Ausprägung neuer Merkmale zusammenhängt. Eine schnelle Artbildung tritt vielmehr erst dann ein, wenn sich anfängliche Innovationen bewährt haben.

Zum vollständigen Artikel <http://bit.ly/1sMfr4R>



Arbeitsmaterial

Modul 2 Projektportrait



BARLEX, konnten wir in TRITEX die erste physikalische Genkarte des Gerstengenoms fertigstellen, die 2012 in *Nature* veröffentlicht wurde. Die Genomstruktur der Gerste diente uns dann als Vorbild und als Modell zur Entwicklung der technologischen Ansätze für die Weizen-Analyse“, freut sich Nils Stein über den Erfolg des Projektes.

Erfolge im Weizen

Zum Beispiel wurde die Tatsache genutzt, dass beide Getreidearten besonders große Chromosomen besitzen, die in ihrer Größe variieren. Mittels Durchflusszytometrie lassen sich nach ihrem DNA-Gehalt auftrennen. Die gewonnene DNA ist geeignet um daraus chromosomenspezifische DNA-Bibliotheken herzustellen oder um diese direkt im Schnellverfahren durch Shotgun-Sequenzierung für eine Entwurfssequenz zu entschlüsseln.

Dieser Ansatz führte in diesem Jahr zur physikalischen Kartierung des Weizenchromosoms 6A, dass im Rahmen von TRITEX veröffentlicht wurde. Auf 6A liegen wichtige Gene, die bei der Verteidigung gegen weltweit gefürchtete Pflanzenkrankheiten wie Mehltau, sowie der Resistenz gegen Schwarzrost eine wichtige Rolle spielen. Beide Pilzkrankheiten verursachen erhebliche Ernteausfälle. In dem Ergebnis sieht Nils Stein auch eine Bestätigung darin, wie gut sich die Genom-Daten der Gerste zur Identifikation wichtiger Weizengene eignen: „Ursprünglich ging man davon aus, dass Evolution sehr viel artenspezifischer in der *Triticeae*-Familie verläuft. Jetzt wissen wir, dass zum Beispiel auch Resistenzgene so konserviert sein können, dass sich die Erkenntnisse von der Gerste direkt auf den Weizen übertragen lassen und umgekehrt.“

Als weiteren großen Erfolg wertet Nils Stein die Anwendung bioinformatischer Analysen, die erst durch die Zusammenarbeit der Mitglieder im TRITEX-Konsortium ermöglicht wurde: „Die riesigen Datenmengen in einen biologischen Kontext zu bringen, war die größte Herausforderung. Durch das Know-How des beteiligten Bioinformatikteams des Helmholtz Zentrums München, ist es zum Beispiel gelungen, neue Erkenntnisse zur genomweiten Diversität

Durchflusszytometrie

Infobox

Die Durchflusszytometrie ist ein quantitatives Verfahren zur Sortierung von Zellen oder Zellbestandteilen. Die Methode beruht auf der Messung der Lichtemission oder Lichtstreuung, wenn die zu untersuchenden Objekte eine Lichtquelle passieren.

Während der Metaphase werden die Chromosomen in Suspension einzeln und mit fluoreszierenden DNA-Farbstoffen angefärbt. Suspensionströpfchen mit einzelnen Chromosomen werden nacheinander für wenige Mikrosekunden von einem Laser beleuchtet.

Je nach dem DNA-Gehalt und damit der Größe der Chromosomen, entsteht ein unterschiedlich starkes Fluoreszenzsignal, das von einem lichtempfindlichen Detektor erfasst wird. In Abhängigkeit des gemessenen Signals werden die Chromosomen an der Elektrode des Sortiermechanismus aufgeladen und in einem elektrischen Feld unterschiedlich stark abgelenkt und so in verschiedene Behälter sortiert.

im Weizen und der Gerste zu gewinnen. Wir wissen jetzt auch, in welchem Umfang Gerste und Weizen Prozesse wie das alternative Spleißing nutzen, um aus einem Gen gleich mehrere unterschiedliche Proteinvarianten herzustellen.“

Die Karte steht: Jetzt wird sequenziert

Nach Erstellung der Genkarten geht es jetzt darum die Gene aller Weizen- und Gerstechromosomen Basenpaar für Basenpaar zu sequenzieren, um die Erkenntnisse in der Züchtung anwenden zu können. Für Gerste hat das TRITEX-Team bereits drei der sieben Chromosomen vollständig entschlüsselt. Die restlichen vier Chromosomen werden von Kollegen des *International Barley Sequencing Consortium* (IBSC) bearbeitet. „Die Sequenzierung ist keine große technische Herausforderung mehr, sondern eher eine Frage der Finanzierung“, betont Nils Stein. „Laut Schätzungen der Internationalen Weizeninitiative (IWGSC) werden alle international beteiligten Gruppen insgesamt noch etwa 13 Mio. Euro Fördermittel für die komplette Sequenzierung des Weizens benötigen. Das ist eine vergleichsweise geringe Summe, wenn man zum Beispiel die Kosten für die Sequenzierung des etwa 40-mal kleineren Reisgenoms bedenkt, die bei über 100 Mio. Euro lagen. Wir hoffen es werden sich bald Möglichkeiten auftun, um die vollständige Entschlüsselung des Weizengenoms umzusetzen und auch das Know-How zu halten, das wir in den vergangenen Jahren im Rahmen von TRITEX entwickelt haben.“

Dieses Projektportrait online lesen <http://bit.ly/1H8Jdys>



PLANT 2030-Projekt TRITEX
<http://bit.ly/1E1rHgs>

Arbeitsaufträge

1. Lesen Sie das Projektportrait. Wie lauten die Ziele des Projekts TRITEX?
2. Definieren Sie folgende Begriffe: Genetische und physikalische Genkarte, Annotation, molekulare Marker, Einzelnukleotid Polymorphismen (SNPs) und Durchflusszytometrie.
3. Stellen Sie die im Text genannten Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen Weizen und Gerste in einer Tabelle dar.

Von der letzten Seite im Heft auf die erste Seite im Netz: www.Pflanzenforschung.de



www.Pflanzenforschung.de
ist das Wissensportal zur
Pflanzenforschung.

Pflanzenforschung.de wird begleitend zum Forschungsprogramm PLANT 2030 durch das BMBF gefördert. Zum Angebot gehören News, Beiträge, Fakten und Hintergründe zu den aktuellen Erkenntnissen und Fortschritten aus der Forschung.

Vom Biologieunterricht zur Pflanzenforschung

Das Portal unterstützt gleichermaßen Lehrkräfte bei Ihrer Arbeit und Schüler und Studenten beim Lernen. Basiswissen wird mit aktuellen Highlights aus der Forschung und erstaunlichen Erkenntnissen aus der Welt der Pflanzen kombiniert. Über das Portal finden sich nicht nur Hausaufgabenhilfen für den Biologieunterricht, sondern auch Wegweiser und Beschreibungen zu interessanten Studiengängen und Berufen rund um das Thema Pflanze.

www.Pflanzenforschung.de

Abonnieren Sie den
GENOMXPRESS SCHOLÆ unter
www.genomxpress.de.
So kommt das Magazin
kostenlos direkt zu Ihnen
ins Haus.

Impressum

GENOMXPRESS SCHOLÆ ist eine Publikation der Redaktion GENOMXPRESS. Das Heft stellt aktuelle Themen der deutschen Genomforschung speziell für den Unterricht in der Sekundarstufe II dar. GENOMXPRESS SCHOLÆ Sonderausgabe: „Pflanzenforschung für die Bioökonomie“ ist ein Sonderheft zum Thema Pflanzenforschung. Es wird von PLANT 2030, einem Verbundvorhaben zur angewandten Pflanzenforschung in Deutschland, veröffentlicht. PLANT 2030 ist Herausgeber des Informationsportals www.Pflanzenforschung.de. PLANT 2030 wird durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) sowie durch privatwirtschaftliche Unternehmen gefördert.

Herausgeber

Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie
Geschäftsstelle PLANT 2030
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam

Redaktion

Dr. Matthias Arlt, Dr. Christiane Hilgardt
Geschäftsstelle PLANT 2030
c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam
Redaktionelle Bearbeitung und Unterstützung
genius gmbh, Schiffbauerdamm 40 · 10117 Berlin

Layout

Dirk Biermann Grafik Design (www.dirkbiermann.net)

Druck

GS Druck und Medien GmbH, Potsdam

ISSN 2190-524X

Bildquellennachweise

- www.fotolia.com
- www.pixelio.de
- <http://commons.wikimedia.org>

Aboservice

Das Magazin wird durch Mittel des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert und kostenlos abgegeben. Wenn Sie den GENOMXPRESS SCHOLÆ beziehen möchten, wenden Sie sich bitte an:

Dr. Matthias Arlt - GENOMXPRESS
c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam
marlt@mpimp-golm.mpg.de

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung



PLANT 2030 – Angewandte Pflanzenforschung in Deutschland

PLANT 2030 ist ein Verbundvorhaben zur angewandten Pflanzenforschung, das durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) sowie durch privatwirtschaftliche Unternehmen gefördert wird (public-private-partnerships).

PLANT 2030 bündelt verschiedene Initiativen nationaler (Pflanzenbiotechnologie für die Zukunft) und internationaler (**PLANT-KBBE**) Forschungsvorhaben. Ziele sind die Stärkung der deutschen Pflanzenforschung und der Nutzpflanzenzüchtung sowie der Technologietransfer zwischen Forschungseinrichtungen und Wirtschaftsunternehmen und die transparente Darstellung der Forschungsergebnisse.

Weitere Informationen sind unter www.Pflanzenforschung.de zu finden.