



Kieselalgen und ihre Strukturen.
Foto: Dr. N. Lange / Adobe Stock

Biowissenschaften

Die Spitzenmuster der Kieselalgen

Es ist noch immer ein Rätsel, wie Kieselalgen ihre feinziselierten Glasgehäuse herstellen. Was die Siliciumdioxidabscheidung auslöst, ist bereits bekannt. Doch erst jetzt haben Biowissenschaftler drei Proteine identifiziert, die die Musterbildung beeinflussen.

Kieselalgen, auch Diatomeen genannt, sind einzellige Algen, die sich ein Gehäuse aus Siliciumdioxid bauen. Dieses ist oft radialsymmetrisch und besteht immer aus einem Boden und einem Deckel, der wie bei einer Hutschachtel oder einer Petrischale den Boden umfasst. Das Gehäuse enthält Muster aus submikroskopisch kleinen Poren. Solche Strukturen könnten Nano- und Materialwissenschaftler kaum herstellen – schon gar nicht bei Raumtemperatur und unter biologischen Bedingungen.

Strukturformierung

Würde man verstehen, wie Kieselalgen ihre Strukturen bilden, ließen sich daraus neue Ideen und Anwendungen für die Nanotechnik ableiten.

Das ist allerdings nicht so leicht herauszufinden. Die Formen und Muster der Glasschalen sind artspezifisch und erblich, müssen also irgendwo in Genen codiert sein und durch eine von Proteinen gesteuerte Maschinerie erzeugt werden. Die Suche nach den verantwortlichen Biomolekülen gestalte

te sich schwierig, da diese Moleküle offenbar ungewöhnlich sind und schwer von den Mineralien zu trennen, die sie erzeugen.

Nils Kröger isolierte Ende der 1990er Jahre als Habilitand an der Universität Regensburg die ersten Proteine, die mit der Siliciumdioxidabscheidung zusammenhängen. Diese Silaffine eignen sich auch *in vitro* zur Siliciumdioxidabscheidung aus löslicher Kieselsäure, erzeugen aber keine besonders komplexen Strukturen.

In weiteren Untersuchungen in Atlanta, USA, und schließlich an

der TU Dresden identifizierte Kröger weitere Biomoleküle, die an diesen Prozessen beteiligt sind, darunter langkettige Polyamine und Proteine, die mit solchen Polyaminen verknüpft sind.¹⁾ Die bei einigen Arten in den Gürtelbändern der Schalen lokalisierten Cinguline galten zunächst als Gerüstbauer für die Gehäuse. Experimente, die einzelne von ihnen ausschalten, führten bisher nicht zu einer Strukturveränderung.

Proteomik der Glasfabrik

Vor kurzem isolierte Krögers Arbeitsgruppe an der TU Dresden Zellkompartimente, die für die Abscheidung von Siliciumdioxid zuständig sind: die Silica Deposition Vesicles (SDVs). Mit Proteomikverfahren nahm sich die Gruppe alle Proteine vor, die in diesen Vesikeln im flachen Teil der kreisrunden Schale von *Thalassiosira pseudonana* vorhanden sind. Der Abgleich der aus den Vesikeln isolierten Peptide mit Genomdaten brachte eine Liste von 1132 möglicherweise relevanten Proteinen.²⁾

Mit weiteren Untersuchungen – etwa, ob die Transkription der Gene bei Verfügbarkeit von Kieselsäure angekurbelt wird – reduzierte die Arbeitsgruppe die Zahl der Kandidaten auf ein SDV-Proteom Version 1.0 mit 39 Proteinen. Von diesen hatten 20 bereits eine Funktionsprognose, etwa als Protonen pumpende ATPase. Ein Protein zum Beispiel dient vermutlich der Regulierung von Natriumionenkonzentration und pH-Wert, die beide für die Siliciumdioxidabscheidung wichtig sind.

Von den 19 Proteinen mit noch unbekannter Funktion enthalten drei eine Ankyrin Repeat Domain, ein häufiges Sequenzmotiv, das oft bei Wechselwirkungen zwischen Proteinen vorkommt. Von diesen drei Proteinen sind zwei offenbar bei allen Diatomeen zu finden und das dritte nur bei der Klasse Mediophyceae (deren Mitglieder eben-

so wie *Thalassiosira pseudonana* zentrisch strukturiert sind). Die Dresdener nahmen diese drei unter die Lupe und gaben ihnen Namen: dAnk1, dAnk2 und dAnk3, da sie typisch für Diatomeen sind und eine Ankyrin-Sequenz enthalten.

Wie Kopplungsexperimente mit dem Fluoreszenzmarker GFP (green fluorescent protein) bestätigten, sind alle drei Proteine in der lebenden Zelle an den SDVs lokalisiert. Die Arbeitshypothese war, dass sie an der zytoplasmischen Seite der Vesikel mit anderen Proteinen wechselwirken und darüber die Siliciumdioxidabscheidung beeinflussen.

Um festzustellen, wie dieser Einfluss genau aussieht, erzeugte die Arbeitsgruppe mutierte Stämme von *Thalassiosira pseudonana*, in denen jeweils eines der Proteine ausgeschaltet war. Jeder der drei mutierten Stämme zeigte eine andere Störung im Porenmuster, welche die Arbeitsgruppe durch Elektronenmikroskopie und einen eigens entwickelten Algorithmus zur Mustererkennung charakterisierte.

Die kreisrunde Deckel- oder Bodenplatte dieser Kieselalge hat ein von der Mitte ausgehendes, sich radial verzweigendes Netzwerk aus dickeren Siliciumdioxidrippen mit etlichen Querverbindungen. In dem flachen Material zwischen diesen Rippen finden sich die Poren von etwa 28 Nanometern Durchmesser. Liegt kein dAnk1 vor, finden sich die Poren in verringerter Zahl und meist mittig zwischen zwei benachbarten radialen Rippen, während sie im Wildtyp direkt an eine Rippe angrenzen. Ohne dAnk2 ist die Dichte der Poren erhöht, ohne dAnk3 hingegen verringert.

Diese Veränderungen stehen im Einklang mit der Arbeitshypothese, dass die Poren aus Nanotröpfchen entstehen, die durch eine Phasentrennung zwischen zwei Flüssigkeiten entstehen. Demnach würde dAnk1 die Zeit der Tröpfchenbildung im Verhältnis zum Wachstum der Deckelplatte steuern. Die

beiden anderen Proteine sind in dieser Interpretation Antagonisten, welche die Lebensdauer der Tröpfchen in entgegengesetzter Richtung treiben.

Diese Unterschiede erscheinen subtil und sind nur unter dem Elektronenmikroskop sichtbar. Dennoch ermöglichen sie erstmals, die Bildung dieser biomineralisierten Siebe in eine bestimmte Richtung zu steuern. Das wäre sowohl für die weitere experimentelle Erforschung ihrer Entstehung ein entscheidender Schritt als auch für mögliche Anwendungen etwa in biomimetischen Trennverfahren.

Geometrie der Häkelmuster

Die Arbeitsgruppe von Eric Dufresne an der ETH Zürich untersuchte die Musterbildung von Kieselalgen unterdessen mit mathematisch-theoretischen Ansätzen. Die Forscher:innen analysierten die Geometrie der Poren bei der Kieselalge *Coscinodiscus granii* auf verschiedenen Längenskalen. Dabei fanden sie unterschiedliche Gesetzmäßigkeiten, die vermutlich von verschiedenen biologischen Mechanismen gesteuert werden.³⁾

In ihrer unmittelbaren Nachbarschaft sind diese Poren in einem Dreiecksgitter angeordnet. Über größere Entfernungen hinweg folgen sie allerdings einer Vorzugsrichtung, die durch die Radialsym-

AUF EINEN BLICK

Die erstmals in Reinform isolierten Silica Deposition Vesicles (SDVs) in Kieselalgen sind für Abscheidung von Siliciumdioxid zuständig.

Drei der darin enthaltenen Proteine enthalten eine Ankyrin-Repeat-Domäne, die mit anderen Proteinen wechselwirkt und darüber die SiO₂-Abscheidung beeinflusst.

Mit dem Wissen lässt sich die Entstehung biomineralisierter Siebe kontrollieren, was etwa für biomimetische Trennverfahren interessant ist.

metrie der Gesamtstruktur festgelegt ist: Man beobachtet also Linien, die auf das Zentrum ausgerichtet sind und nicht immer mit einem perfekten Dreiecksgitter in Einklang zu bringen sind. Zum Zentrum der Radialsymmetrie hin häufen sich zwangsläufig Gitterdefekte. Diese Struktur sind in der Natur sonst nirgends bekannt, findet sich aber in traditionellen Häkelarbeiten.

Die radiale Ausrichtung der Poren ist bei verschiedenen Arten in der Gattung *Coscinodiscus* verschieden stark ausgeprägt. Mit einem einfachen Simulationsmodell, in dem Kreisscheiben die Po-

ren repräsentieren und vor allem der Brownschen Bewegung unterworfen sind, erzeugte die Züricher Arbeitsgruppe Dreiecksgitter mit verschiedenen Ausmaßen und Radialorientierungen, die in etwa dem Spektrum der bei den Kieselalgen beobachteten Strukturen entsprachen.

Experimentell kann man die konkurrierenden Ordnungsparameter trennen, indem man dem Wachstumsmedium Germanium zufügt. Dieses kann das Silicium teilweise ersetzen und stört dann die kristalline Ordnung der Dreiecksgitter, ohne dabei die radiale Orientierung zu beeinträchtigen. Hieraus

schlussfolgern die Forschenden: Beide Phänomene müssen getrennte molekulare Grundlagen haben. Wie diese konkret aussehen, ist noch zu erforschen. ■

Der promovierte Chemiker **Michael Groß** ist freier Wissenschaftsjournalist in Oxford, England.

- 1) M. Groß, Nachr. Chem. 2011, 59, 734–736
- 2) C. Heintze, I. Babenko, J. Z. Suchanova et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2022, 119, e2211549119
- 3) M. Feofilova, S. Schüpp, R. Schmid et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2022, 119, e2201014119

Aus der und über die Umwelt

Schwarmintelligenz durch physikalische Mechanismen

Scheinbar spontan koordiniertes Schwarmverhalten in großen Tierverbänden folgt zuweilen generischen physikalischen Mechanismen. Dies zeigen nun Leipziger Forschende anhand synthetischer Brownscher Mikroschwimmer. Diese statteten sie mit einem thermophoretischen Raketenantrieb aus, mit dem sich die Schwimmer aktiv selbst fortbewegen – deren Route wird nur durch die Brownsche Molekularbewegung gestört. Schon eine einfache und generische Navigationsregel, die alle Schwimmer befolgen, liefere ein überraschend komplexes Schwarmverhalten: Zielen beispielsweise alle Schwimmer auf denselben festen Raumpunkt, kann sich anstelle eines dichten Pulks auch eine Art Karussell bilden. Ähnlich wie Satelliten oder Elektronen umkreisen die Schwimmer dann ihr Attraktionszentrum auf unterschiedlich hohen Kreisbahnen. Die einzige dazu nötige „intelligente“ Verhaltensregel: Der Raketenantrieb reagiert zeitverzögert auf die Umgebungswahrnehmung.

Diese Erkenntnisse sollen das Verständnis dynamischer Musterbildung in natürlichen Schwarm-Ensembles fördern.

Nature 2023, doi: 10.1038/s41467-022-35427-7

Seltene Erden in Schweden | Im Norden Schwedens ist das größte in Europa bekannte Vorkommen an seltenen Erden entdeckt worden. Bisher kommen etwa 45 Prozent der seltenen Erden, die Deutschland etwa für Solarpanels, Elektromotoren oder Smartphones benötigt, aus China. Der Fund in Schweden kann diese Abhängigkeit verringern.

In der EU gibt es derzeit keine Bergbaukapazitäten für seltene Erden. Das EU-Projekt REsilience will nun die Abhängigkeit von außereuropäischen Volkswirtschaften durch nachhaltige Lieferketten senken.

mehr zum VDI-Projekt „Schaffung von Resilienz am Standort Deutschland“ unter t1p.de/lyzsz

Exxon wusste exakte Werte der Klimawirkung

Der Ölkonzern Exxon wusste bereits im Jahr 1977: Verbrennen fossiler Brennstoffe führt zu globaler Erwärmung. Wie eine neue Studie in Science nun zeigt, waren sogar Werte bekannt – nämlich $0,20 \pm 0,04$ Grad Celsius pro Jahrzehnt. Das Verfeuern würde ein kohlendioxidinduziertes Superinterglazial verursachen, also eine Warmzeit, die nicht nur wärmer ist als jemals in der Geschichte der menschlichen Zivilisation, sondern sogar wärmer als die letzte Warmzeit vor 125 000 Jahren. Die

von Exxon modellierten Projektionen haben einen Skill Score (Maß der Vorhersagegüte) von durchschnittlich 72 ± 6 Prozent; der höchste Wert liegt bei 99 Prozent.

Science 2023, doi: 10.1126/science.abk0063

Wenig Pflanzenschutzmittel in Lebensmitteln in Deutschland

Lebensmittel aus Deutschland und der EU enthalten weiterhin nur selten Rückstände aus Pflanzenschutzmitteln, die über dem zulässigen Grenzwert liegen. Die Überschreitungquote lag im Jahr 2021 bei deutschen Lebensmitteln bei 1,1 Prozent. Bei Erzeugnissen anderer EU-Länder betrug die Quote 1,8 Prozent, Lebensmittel aus Nicht-EU-Ländern kamen auf 10,9 Prozent.

Wirkstoffe, bei denen es häufig zu Überschreitungen kam, sind Dithiocarbamate, Metalaxyl, Ethylenoxid, Chlorat und Chlorpyrifos. Die letzten drei sind in der EU in Pflanzenschutzmitteln nicht mehr zugelassen.

bvl.bund.de/RASFF_Jahresbericht_2021

Eliza Leusmann