




ESCAPE-SPIEL
DURCH DIE FLURE
IM MAX-PLANCK-
INSTITUT




V1.4.2, JULI 2021

Spielanleitung & Rätsel



 MAX. 60 MINUTEN

 1-6 PERSONEN

-  • SCHERE
• PAPIER & STIFT
• SMARTPHONE MIT ESCAPE TEAM-APP
• IDEALERWEISE EIN ZWEITES SMARTPHONE MIT QR-SCANNER UND ZUM RECHERCHIEREN
• EINSEITIGER S/W-AUSDRUCK VON DIESEM PDF

MEHR ZUM ESCAPE-SPIEL DES MPI FÜR IMMUNBIOLOGIE & EPIGENETIK IN FREIBURG:
<https://www.ie-freiburg.mpg.de/escape>

**START-CODE:
MI-362B-B4DD**

DOWNLOAD ESCAPE TEAM APP



DURCH DIE FLURE IM MAX-PLANCK-INSTITUT

Lust darauf das Institut und dessen Forschungsthemen mithilfe von kniffligen Rätseln und Aufgaben kennenzulernen? Dann ist unser virtueller Escape Room genau das Richtige.

DIE STORY
*ESCAPE STORY des
Max-Planck-Institut
für Immunbiologie und
Epigenetik, Freiburg*

Du hast die Chance erhalten das Freiburger Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik einmal von Innen kennenzulernen. Eine Doktorandin des Instituts hatte dich eingeladen und versprach dir einige Laborräume zu zeigen und dir die verschiedenen Forschungsthemen zu erklären. Sie schrieb in ihrer Nachricht, die du vor einigen Tagen in deinem Posteingang hattest, dass am Institut Grundlagenforschung in zwei spannenden Feldern der modernen Biologie betrieben wird: Immunbiologie und Epigenetik.

Von der Immunbiologie hattest du schon gehört. Da erforschen Wissenschaftler:innen das Immunsystem. Das Immunsystem ist das Abwehrsystem des Körpers. Es schützt vor Krankheitserregern und hilft beim Heilen von Verletzungen. Auch das Wort „Epigenetik“ ist dir schon einmal untergekommen. Du weißt, dass die Gene, die in der DNA codiert sind, eine wichtige Rolle für die Gesundheit spielen. Aber auch unsere Umwelt und unser Verhalten, z.B. was wir essen und wie aktiv wir sind, ist für die Gesundheit wichtig. Die Epigenetik erforscht wie unser Verhalten und Umweltbedingungen molekulare Veränderungen hervorrufen können, die die Art und Weise beeinflussen, wie unsere Gene funktionieren. Aber im Gegensatz zu genetischen Veränderungen sind epigenetische Veränderungen reversibel und verändern nicht die DNA-Sequenz. Trotzdem können sie verändern, wie der Körper die DNA-Sequenz und somit die Gene abliest. Das alles klang ganz spannend und wolltest heute mehr darüber erfahren.

In der Nachricht hieß es, dass du vor dem Haupteingang wartet sollst. Die Doktorandin meinte, sie würde dich abholen. Und jetzt stehst du schon fast zwanzig Minuten hier und niemand taucht auf. Dann entdeckst du auf einmal einen Zettel, der neben dem Codeschloss am Eingangstor hängt...

VORBEREITUNG

Das Escape-Spiel „Durch die Flure im Max-Planck-Institut“ besteht aus 5 Phasen. Für jede Phase gibt es ein Storyblatt mit einem Storytext, manchmal etwas Hintergrundinformationen per Weblink/QR-Code und natürlich Rätselaufgaben. Teilweise muss nur eine Aufgabe gelöst werden, um den Code für das Freischalten der nächsten Phase zu erhalten. In einigen Fällen müssen aber auch mehrere Rätsel gespielt werden, um den gesamten Code zu enthüllen.

Bitte drucke das Dokument einseitig aus (Graustufen sind völlig ausreichend). Du brauchst zusätzlich noch eine Schere, einen Stift, um die Notizen zu machen und ein Smartphone, mit dem Du QR-Codes scannen kannst. Nimm dein Smartphone und lade dir die iOS oder Android App herunter. Die Links (QR-Codes) für den Download findest du in der Spielanleitung.

Gib anschließend den Missionscode **MI-362B-B4DD** in die App ein und starte das Escape-Spiel. Du hast 60 Minuten Zeit.

Viel Erfolg und viel Spaß!

Hey!

Es tut mir so unendlich leid, dass ich dich nicht persönlich abholen kann, wie ich dir in meiner Nachricht vor zwei Tagen geschrieben habe. Aber wichtige Experimente fesseln mich an die Laborbank. Ich muss noch ein paar PCRs machen. Deswegen bin heute schon ganz früh ins Labor gekommen, um alles vorzubereiten, und kann dich nicht in Empfang nehmen. Die PCR, also die Polymerase-Kettenreaktion, kennst du ja bestimmt schon. Die ist ja gerade sprichwörtlich in aller Munde und auch wir hier am Institut nutzen dieses extrem wichtige Werkzeug der Molekularbiologie eigentlich täglich. Denn mit der PCR kann man DNA-Sequenzen bzw. RNA in unterschiedlichsten Proben detektieren...

1

Am Eingang

Du siehst dir den Text auf dem Zettel genauer an. Jemand hat den Zettel offenbar speziell für dich dort aufgehangen.

»Hey!

Es tut mir so unendlich leid, dass ich dich nicht persönlich abholen kann, wie ich dir in meiner Nachricht vor zwei Tagen geschrieben habe. Aber wichtige Experimente fesseln mich an die Laborbank. Ich muss noch ein paar PCRs machen. Deswegen bin heute schon ganz früh ins Labor gekommen, um alles vorzubereiten, und kann dich nicht in Empfang nehmen. Die PCR, also die Polymerase-Kettenreaktion, kennst du ja bestimmt schon. Die ist ja gerade sprichwörtlich in aller Munde und auch wir hier am Institut nutzen dieses extrem wichtige Werkzeug der Molekularbiologie eigentlich täglich. Denn mit der PCR kann man DNA-Sequenzen bzw. RNA in unterschiedlichsten Proben detektieren. So kann ich prüfen, ob vorangegegangene Abschnitte meines Experiments gut funktioniert haben.

Für die PCR braucht man im Prinzip auch nur fünf Zutaten: die Ausgangs-DNA in einer Probe als Vorlage, die Polymerase (Enzym aus Bakterien, mit dem wir Teile der DNA vermehren können), zwei Primer (die bestimmen, welcher Teil der DNA vermehrt wird), Puffer (Lösung mit wichtigen Zusatz-

stoffen für die PCR) und freie Nukleotide (also Bausteine, um neue DNA zu produzieren). Das alles hinein ins „Tube“ und ab in die PCR-Maschine damit. Dabei ist die PCR-Maschine eigentlich ein sogenannter Thermocycler, der im Prinzip nur die Temperaturen nach einem vorgegebenen Schema verändert, sodass das Enzym optimal seine Kopierarbeit verrichten kann. Ich nutze heute ein Standard-PCR-Protokoll mit drei Schritten: Im I. Schritt wird die DNA-Vorlage auf 94°C erhitzt und die beiden Stränge der DNA trennen sich (Denaturierung). Im II. Schritt wird die Temperatur auf 55°C gesenkt, sodass sich die beiden Primer an die richtigen Stellen der DNA-Einzelstränge hängen können (Annealing). Der III. Schritt wird bei 72°C durchgeführt, wobei die Polymerase ihre Arbeit optimal verrichten kann. Sie beginnt ausgehend von den Primern passende Nukleotide anzulagern, bis wieder doppelsträngige DNA vorliegt (Elongation).

Ich habe noch sieben verschiedene Proben vor mir, bei denen ich die Reagenzien vorbereiten muss. Dann habe ich Zeit und kann dich in aller Ruhe begleiten. Komm doch schon mal zu mir ins Labor. Es hat die Raumnummer 7.282/5. Den Code zum Öffnen des Schlosses am Eingangstor findest du im Text.

Beeil' dich und bis gleich,

Deine Maxi«

[Wie lautet der Code für das Schloss am Eingangstor?](#)

ZUM VERTIEFEN

Was für Handgriffe macht Maxi und wie läuft eine PCR ab (Video, Ars Electronica Linz):



Was passiert auf molekularer Ebene im Tube ganz genau (Video, MPIIM Golm):



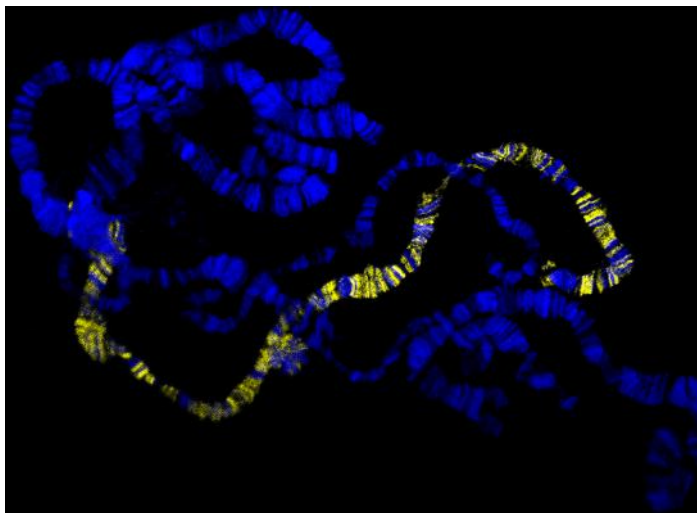


image: MPI-IE, Akhtar, Gaub

Erfahre mehr über dieses Bild im zweiten Teil dieses Quizphase oder auf unserem virtuellen Stand für den Freiburger Wissenschaftsmarkt in der Kategorie »Bilder aus der Wissenschaft«

www.ie-freiburg.mpg.de/wima2021

2

Spuren 1/2

Gut gemacht. Du bist jetzt im Gebäude und machst dich auf die Suche nach dem Labor, in dem Maxi gerade die PCRs durchführt. Die Raumnummer für das Labor deutet darauf, dass das Institut mit seinen über 300 Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern nicht nur ziemlich viele Räume hat, sondern auch einige Labore. Wo also anfangen? Wie hat sich Maxi gedacht, sollst du das Labor finden? Es ist ja auch gerade niemand in Sicht, den man Fragen könnte. Da fällt dein Blick auf ein riesiges Gemälde im Eingangsbereich des Instituts. Es zeigt ein Gewirr von fingerartigen tiefblauen Schnüren. Ein Teil der Schnüre sticht

leuchtend gelb hervor. In der Mitte kleben ein paar Post-its. Auf einem steht: „ULOT VWVMHK FIVMEL MWILHLKS ROZ“. Auf den anderen sind drei QR-Codes sind aufgedruckt – mit je einem Modellorganismus in der Mitte. Welcher QR-Code der richtige ist und dir wichtige Tipps für den zweiten Teil des Rätsels von Phase 2 gibt, erfährst du, wenn du die Geheimbotschaft knackst.

Hinweis: In der Code-App ist ein Hinweis für diesen Teil des Rätsels hinterlegt.

ULOT VWVMHK FIVMEL MWILHLKS ROZ



images: freepik.com

Spuren:



Auf unserem virtuellen Stand für den Freiburger Wissenschaftsmarkt haben wir eine interaktive Führung durch unser Fliegenlabor für dich vorbereitet. Erfahre mehr über die Forschung mit *Drosophila* am MPI. www.ie-freiburg.mpg.de/wima2021



images: MPI-IE

2

Spuren 2/2

Hier ist nun der zweite Teil des Rätsels für Phase 2. Es wird dich zum zweiten Code führen.

Bei dem Gewirr aus blauen Schnüren, auf dem die Zettel und QR-Codes klebten, handelt es sich um eine Mikroskopieaufnahme von Chromosomen einer männlichen Fruchtfliege. Der Teil, der leuchtend gelb hervorsteht, ist das X-Chromosom. Die Chromosomen wurden durch Anfärbungen sichtbar gemacht. Während der blaue Farbstoff das gesamte Chromatin kennzeichnet, markiert der gelbe Farbstoff eine epigenetische Veränderung des Chromosoms – ein wichtige Voraussetzung für die sogenannte Dosis-

kompensation. Mehr dazu findest du auf unsere Website.

Dieses Phänomen der Dosiskompensation wird am MPI durch die Forschungsgruppe von Asifa Akhtar mit Fruchtfliegen erforscht. Die Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* ist ein wichtiger Modellorganismus in der Genetik und Epigenetik. Eine hohe Nachkommenszahl mit bis zu 25 Generationen pro Jahr und eine einfache Haltung sind wichtige Voraussetzungen für die Forschung mit den Tieren.

In unserem Fliegenlabor haben die *Drosophila* des Akhtar Labors einige Spuren als Code für dich hinterlassen. Schaut doch mal im Fliegenlabor vorbei und löse jetzt den Code, um den nächste Station auf dem Weg in Maxis Labor zu finden. Die richtige Lösung im Rätsel zuvor wird dir ja den Schlüssel zum Lesen des Codes verraten haben. Und nun los!

Wie lautet der Code, den die Fruchtfliegen für dich hinterlassen haben?

Epigenetik?

Toll. Du bist schon in der dritten Phase und hast es bald geschafft. Bald hast du den richtigen Laborraum gefunden, wo du Maxi treffen wirst. Am MPI arbeitet nicht nur das Labor von Asifa Akhtar mit Fruchtfliegen. Auch die Forschungsgruppen von Nicola Iovino, Valérie Hilgers und Thomas Jenuwein setzen unter anderen auf diesen Modellorganismus. Der nächste Code kommt deswegen auch aus dem Labor von Thomas Jenuwein, der die Abteilung für Epigenetik leitet. Du erhältst den Code, indem du dieses

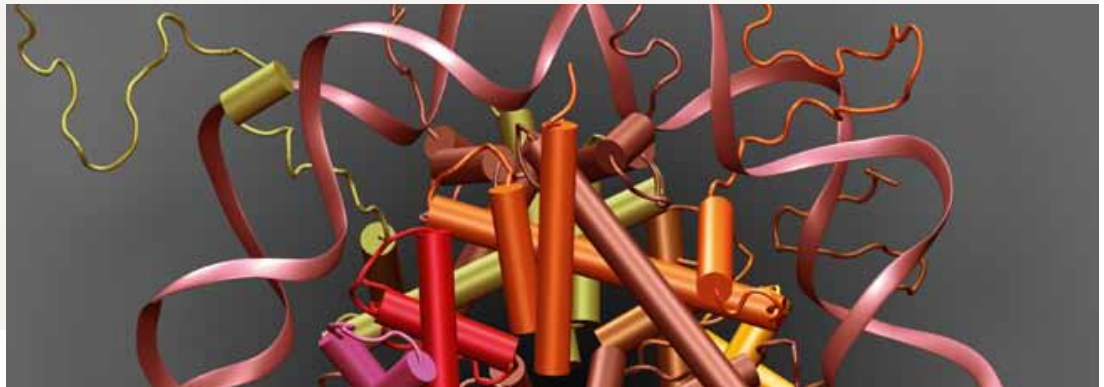
Worträtsel löst. Die Zahl am ersten Buchstaben eines jeden gefundenen Wortes gehört zum Code. Bei der Reihenfolge der Zahlen für den Code hilft dir der Text auf der nächste Seite, der dir zugleich ganz genau erklärt, was Epigenetik ist.

Wie lautet der Code der sich aus den gefundenen Wörtern ergibt?

N₁ V₄ N₈ G₂ V₇ W₀ B₉ E₂ V₅ W₇ D₉ K₈ W₁ K₃ B₄ Y₆ D₂ I₉ C₀ Y₅
 I₃ L₆ R₅ S₄ J₂ I₇ X₁ X₉ U₃ V₆ S₂ Q₇ Z₄ X₂ L₁ C₀ M₉ V₅ C₄ I₄
 U₈ S₁ R₂ U₇ R₅ Z₆ G₄ T₈ A₂ F₉ B₀ E₁ E₃ V₄ I₂ X₆ E₄ K₂ U₇ G₉
 W₂ R₅ H₃ Q₁ B₀ J₁ V₃ H₂ M₉ G₁ D₄ B₉ L₅ G₃ Z₈ J₅ O₁ F₄ M₉ I₈
 Q₄ A₇ U₇ X₃ K₉ Z₃ F₆ E₄ D₁ O₀ S₃ D₂ L₇ O₈ O₃ T₁ J₅ G₈ W₁ A₁
 D₇ Y₂ C₁ C₉ B₁ S₅ X₈ R₇ M₀ Z₈ G₅ I₀ T₂ H₁ K₇ A₄ F₀ S₁ E₂ D₃
 I₀ B₃ D₉ H₅ X₃ R₂ E₀ A₁ N₄ N₂ O₁ W₅ Y₆ L₇ R₅ S₉ Q₃ S₃ L₅ F₀
 E₅ I₇ H₄ R₀ J₀ Z₄ P₂ P₅ F₇ I₄ M₆ C₄ P₈ R₅ H₉ C₃ H₈ N₇ T₈ V₇
 N₆ U₄ T₆ O₆ O₄ E₉ I₅ I₃ D₈ W₃ G₈ J₃ E₀ P₇ Q₆ R₂ A₆ E₆ F₃ N₂
 L₁ S₂ T₃ M₄ D₅ A₆ G₇ E₈ D₉ I₀ Z₁ V₂ N₃ J₄ M₅ M₆ S₇ B₈ A₉ V₀
 Z₉ P₆ G₇ O₁ Q₇ L₂ E₃ A₀ M₁ P₅ O₃ I₉ O₇ D₂ K₈ Y₈ T₀ Z₅ K₁ R₈
 S₃ E₆ H₅ S₄ K₂ T₇ N₁ N₉ R₃ V₆ A₂ Z₇ N₄ C₂ B₁ Z₀ Q₉ Z₅ T₄ O₄
 V₂ N₅ C₃ O₁ L₀ Y₁ O₃ S₂ A₉ M₁ Y₄ L₉ L₅ K₃ I₈ X₅ U₁ E₄ O₉ N₈
 W₈ K₁ K₂ M₇ S₅ R₆ M₄ A₈ O₂ J₉ B₀ J₁ T₃ D₄ L₂ Q₆ Q₄ P₂ R₇ H₉
 P₇ Q₂ V₁ E₉ C₁ D₅ E₈ E₇ Q₀ P₈ W₅ V₀ U₂ F₁ O₇ V₄ D₀ T₁ E₂ L₃
 G₁ U₄ U₈ N₂ B₇ J₀ S₉ T₂ V₅ J₇ D₉ Z₈ O₁ U₃ U₄ N₆ D₂ R₉ N₀ E₅
 Q₄ K₇ C₇ V₃ T₉ I₃ D₆ Z₄ L₁ S₀ F₃ X₂ U₇ A₈ N₃ K₁ C₅ I₈ Q₁ J₁
 W₀ S₃ T₉ A₅ N₃ A₂ T₀ E₁ I₄ S₂ L₁ H₅ K₆ C₇ W₅ B₉ N₃ B₃ E₅ H₀
 X₆ I₄ D₆ Z₆ B₄ H₉ Y₅ N₃ C₈ Q₃ M₈ K₃ I₀ E₇ K₆ U₂ K₆ C₆ Y₃ W₂
 F₅ L₇ T₄ K₀ A₀ W₄ P₂ X₅ J₇ B₄ L₆ S₄ U₈ L₅ T₉ C₃ F₈ L₇ R₈ I₇

THOMAS JENUWEIN
MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR IMMUNBIOLOGIE UND EPIGENETIK, FREIBURG

Epigenetik – „Wir sind mehr als die Summe unserer Gene“



AUSZUG: JAHRESBERICHT DER MPG 2013

[Den gesamten Text online
im Jahresbericht lesen](#)



SCAN ME

SYNOPSIS

„Sind wir mehr als die Summe unserer Gene?“ Und: Wie können Umwelteinflüsse die Genexpression verändern? (Fast) alle rund 200 Zelltypen des Menschen besitzen zwar die gleiche genetische Information, verhalten sich jedoch sehr unterschiedlich in ihrer Umsetzung. Aus diesem Grund etwa lässt sich beispielsweise eine Stammzelle nicht allein aufgrund ihrer DNA-Sequenz von einer Nervenzelle unterscheiden. Andererseits ist in weiblichen Zellkernen nur eines der beiden X-Chromosomen aktiv. Genetisch identische Zwillinge können verschiedene Krankheitssymptome erleiden, vor allem wenn sie unterschiedlichen Umweltfaktoren ausgesetzt sind. Diese nicht in der DNA-Sequenz kodierten Ausprägungen sind durch chemische und strukturelle Veränderungen des Chromatins festgelegt und werden im Überbegriff „Epigenetik“ (‘zusätzlich zur DNA-Sequenz’) zusammengefasst. Über diese plastischen Chromatin-Zustände kann ein menschliches Genom mit seinen ca. 25.000 Genen eine Vielzahl epigenetischer Varianten, sogenannte Epigene, darstellen. Ihre funktionelle Analyse hat zu einem besseren Verständnis der Zelltyp-Identität, des molekularen Charakters von Stammzellen und zu neuen Therapieansätzen für menschliche Krankheiten geführt und erlaubt es, individuelle Anpassungen in Antwort auf unterschiedliche Umwelteinflüsse aufzudecken. Die Epigenetik untersucht auch die molekularen Mechanismen für die begrenzte Weitergabe erworbener Eigenschaften. Viele dieser zukunftsweisenden Fragen werden in einem Schwerpunkt am Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik erforscht und eröffnen neue Einsichten und ein besseres Verständnis der Chromatin-abhängigen Steuerung unsere Gene.

CHROMATIN IST DER NATÜRLICHE ZUSTAND DER ERBINFORMATION IN DER ZELLE

Die zwei Meter langen DNA-Fäden mit den insgesamt 3,2 Milliarden Basenpaaren unseres Genoms befinden sich in einem kleinen Zellkern von nur 10 Mikrometer Durchmesser. Sie müssen daher so verpackt werden, dass sich ihre Länge um einen Faktor von mehr als 1:200.000 verringert. Die DNA-Fäden liegen nicht nackt im Zellkern vor, sondern werden von Proteinkugeln, sogenannten Histonen eingewickelt und geschützt. Es gibt vier ihrer Art (H3, H4, H2A und H2B), die sich – einmal verdoppelt – zu einem Oktamer zusammenlagern. Ein solches Oktamer kann 147 Basenpaare der DNA-Doppelhelix aufspulen und bildet die Grundeinheit des Chromatins, das Nukleosom. Für die Verpackung des gesamten Genoms sind somit ca. 20 Millionen Nukleosomen nötig. Dieses DNA-Histon-Polymer mit all seinen chemischen Veränderungen (siehe unten) wird Chromatin genannt. Chromatin kann viele unterschiedliche Verpackungsgrade annehmen, die sich bis zu den Metaphase-Chromosomen verdichten, welche bei der Zellteilung sichtbar werden. Im geringsten Verpackungsgrad, in dem die Nukleosomenkette wie in einer Perlenschnur vorliegt (offenes Chromatin), ist eine Genaktivität ermöglicht, wohingegen ein hoher Verpackungsgrad (geschlossenes Chromatin) die Zugänglichkeit zu den DNA-Fäden verhindert und Gene stilllegt. Das Chromatin hat somit eine doppelte Aufgabe in der Organisation unserer Erbinformation: Es verpackt und schützt die DNA-Doppelhelix und es beeinflusst die Genaktivität, indem es die Zugänglichkeit zu den DNA-Fäden regelt.

Fester Liebesbiss

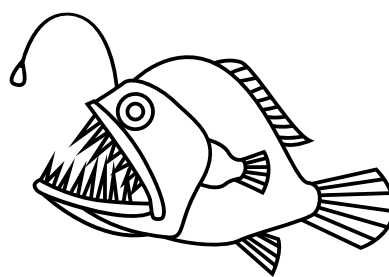
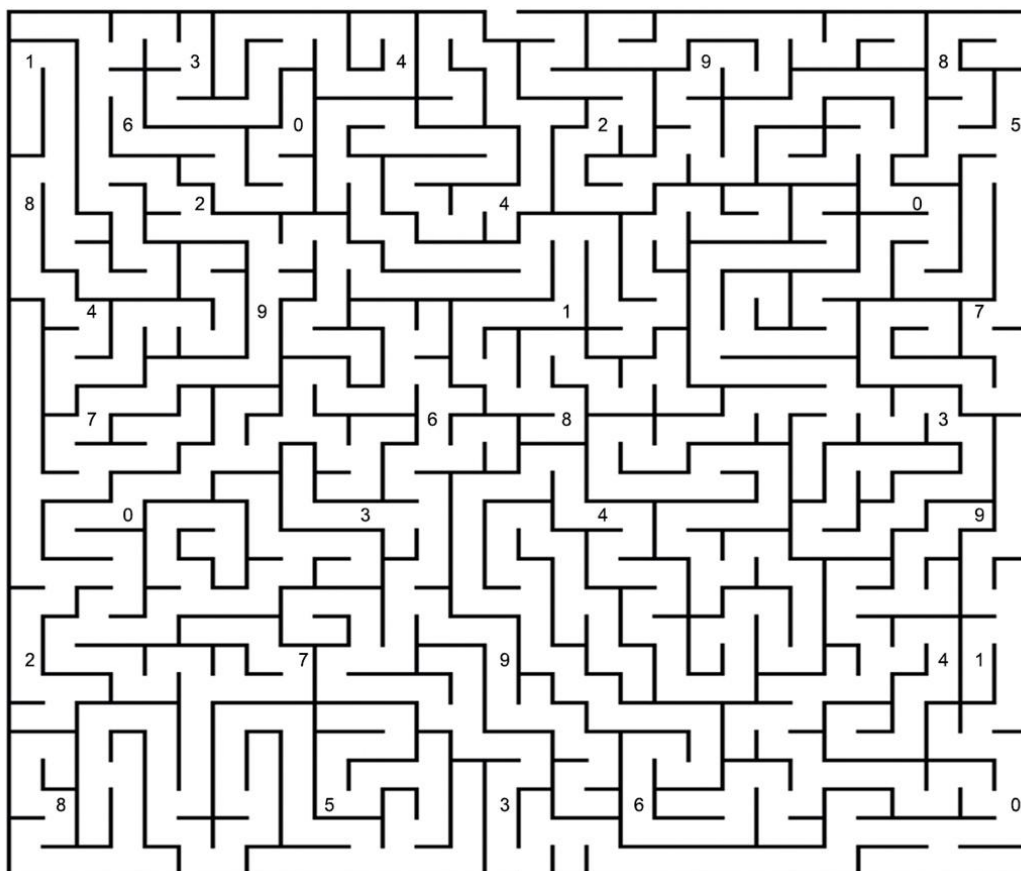
Unsere nächste Station ist das Labor von Direktor Thomas Boehm. Hier liegt der Fokus auf der Erforschung menschlicher Erkrankungen und auf der Entwicklung zielgerichteter Therapien, die fehlerhafte Immunfunktionen korrigieren könnten.

Wie geht das? Durch die Untersuchung unterschiedlichster Tierarten möchte das Labore die Mechanismen besser verstehen lernen, die bei der erworbenen Immunabwehr eine wirksame Qualitätskontrolle sicherstellen. Diese Kontrolle ist notwendig, um Zellen mit potentiell selbst-reaktiven Antigenrezeptoren in Schach zu halten und/oder zu zerstören. Antigenrezeptoren werden durch einen somatischen und in erster Linie zufälligen Entstehungsprozess erzeugt.

Eine bedeutende Entdeckung hierfür sind Tiefsee-Anglerfische (Seeteufel). Hast du schon mal einen Anglerfisch in freier Wildbahn gesehen? Sehr unwahr-

scheinlich! Sie leben in der Finsternis von bis zu 4000 Metern Tiefe und locken ihre Beute mit einer leuchtenden Angel in ihr riesiges Maul. Es ist sehr selten, dass sich Partner in diesen tiefen Weiten treffen. Wenn sie sich einmal getroffen haben, dann soll es möglichst für immer sein! Die Männchen stellen einen buchstäblich verbindlichen Kontakt mit den Weibchen her: Nach dem Andocken wachsen die Winzlinge an ihren viel größeren Damen fest. Dabei verbinden sich die Gewebe der Partner und es entsteht ein gemeinsamer Blutkreislauf, der das verkümmerte Männchen mit Nährstoffen versorgt. Deshalb wird diese Fortpflanzungsstrategie auch als sexueller Parasitismus bezeichnet. – Warum ist diese Verbindung aus biologischer und medizinischer Sicht so erstaunlich?

Helfe dem Anglerfisch den Weg zu seiner Partnerin zu finden – dann erhältst du nicht nur den nächsten Code, sondern kannst auch entdecken, warum das seltsame Paarungsverhalten von Tiefseefischen so erstaunlich für die Medizin ist.



images: Vecteezy.com

Riesiges Anglerfisch-Weibchen mit viel kleinerem Männchen. Mehr zum Anglerfisch auf am virtuellen Stand www.ie-freiburg.mpg.de/wima2021

Photo: Edith A Widder



GUT GEMACHT UND NUN DIE ANTWORT:

Normalerweise ist bei einem engen Kontakt von genetisch unterschiedlichen Geweben mit Abwehrreaktionen zu rechnen. Denn das Immunsystem von Wirbeltieren reagiert auf fremde Zellstrukturen normalerweise wie auf Krankheitserreger. Aus diesem Grund werden Abwehrreaktionen bei Organtransplantationen durch Medikamente unterdrückt und die Gewebeeigenschaften von Spender und Empfänger müssen bestmöglich abgestimmt werden.

Unser Forscher:innenteam ist der Frage nachgegangen, warum sich bei den Anglerfischen Individuen verbinden können, ohne dass es zu einer Gewebeabstoßung kommt.

Sie untersuchten dazu die Genome verschiedener Seeteufelarten. Im Fokus standen dabei Erbanlagen, die für die Bildung der sogenannten Haupthistokompatibilitäts-Antigene (MHC) verantwortlich sind. Sie sitzen auf der Oberfläche von Körperzellen und lösen im Immunsystem Alarm aus, wenn Krankheitserreger vorhanden sind. Diese Antigene haben auch eine wichtige Rolle in der Transplantationsmedizin: Es gilt,

ähnliche MHC-Formen bei Spendern und Empfängern zu finden, um nach der Organübertragung möglichst geringe Abstoßungsreaktionen zu gewährleisten.

Bei ihren genetischen Analysen stellten die Forscher:innen z.B. fest, dass die Seeteufel die Gene zur Herstellung der MHC-Moleküle ausgeschaltet haben. Es scheint, als hätten sie diesen Aspekt der körperlichen Abwehr zugunsten ihres Fortpflanzungssystems einfach abgeschafft. Ihr Immunsystem besitzt erstaunliche Merkmale!

Können vielleicht in der Zukunft diese skurrilen Fische Hinweise für die Entwicklung von Strategien geben, um die angeborene Immunität bei Patienten mit Immunschwäche zu verbessern?

Verrückt diese Fische, oder!? Nun nicht ungeduldig werden. Jetzt warst du schon bei den Fliegen, hast im Labor für Epigenetik nachgesehen und im Boehm Labor den Anglerfischen geholfen. Bald wirst du Maxi gefunden haben. Auf zur nächsten Phase und den nächsten Rätseln bei DeepSeq.

5

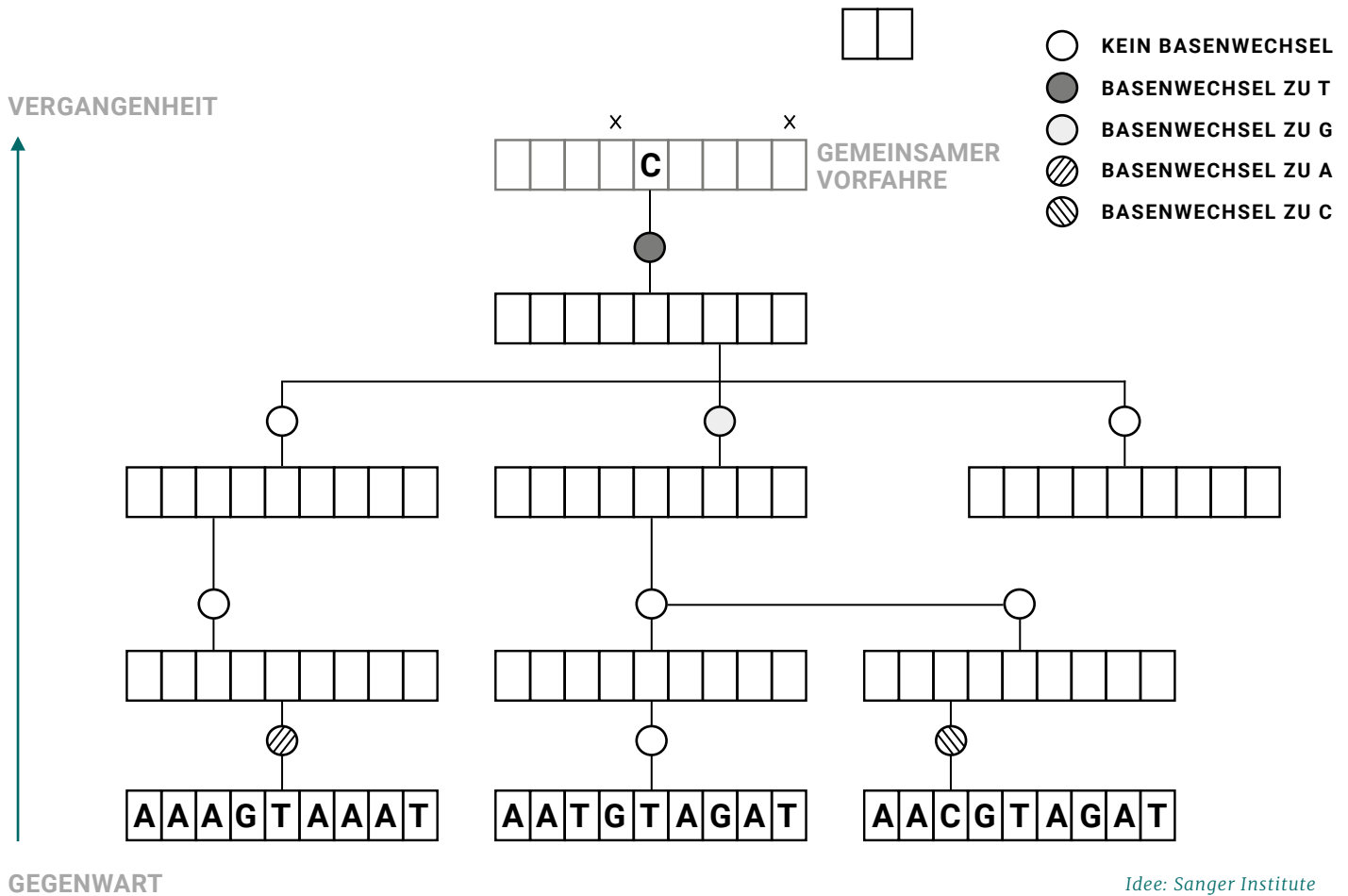
DeepSeq 1/3

In der DNA (deutsch: Desoxyribonukleinsäure, DNS) sind alle Eigenschaften des Menschen gespeichert. Sie besteht aus zwei parallel laufenden Strängen, die sich umeinander zwirbeln wie eine Helix. Beide Stränge bestehen unter anderem aus den so genannten Basen (Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin). Die Reihenfolge der Basen bestimmt die Eigenschaft der DNA. Die Basen, die sich gegenüberstehen, müssen immer zusammenpassen. Das A steht immer dem T gegenüber und das C dem G.

In der Sequenzier- und Tiefensequenzierabteilung (DeepSeq) des MPI werden tagtäglich viele DNAs sequenziert. Die Aufgabe der Wissenschaftler ist es dann, mithilfe von Programmen diese Sequenzen aneinanderzufügen und zu analysieren

Um den Code zu knacken, gilt es nun herauszufinden, wie diese beiden Einzelstränge zueinanderpassen. Bekommst du einen Hinweis auf den Code? Du brauchst von dieser Teilaufgabe zwei Basen für den Code. Welche könnten das sein?

--	--



Idee: Sanger Institute

5

Gemeinsame Vorfahren (2/3)

Im ersten Teil hast du schon zwei Basen für den letzten Code herausgefunden. In diesem Rätsel findest du die noch fehlenden zwei Basen.

Das Erbgut hat dich ja schon einige Male auf deiner Tour durch das Institut beschäftigt. Zuerst der Nachweis bestimmter DNA-Sequenzen mittels der PCR, dann das Auslesen der DNA Base für Base im vorhergehenden Rätsel. Nun bist du von der Sequenzierungsabteilung direkt in der Bioinformatik gelandet, die sich mit der Analyse der bei der Sequenzierung gewonnenen Daten beschäftigt.

Ein spannendes und wichtiges Phänomen ist dabei die Konservierung (von lat. conservare, bewahren). Konservierung bedeutet in der Biologie, dass beispielsweise Sequenz von DNA-Bausteinen (aber auch RNA oder Proteine) im Verlauf der Evolution weitgehend unverändert erhalten blieb.

Diese deutet oft auf einen gemeinsamen Vorfahren hin und kann helfen den Grad der Verwandtschaft zwischen Proteinen anderer Proteine oder einer anderen Nucleinsäure festzustellen. Je länger der letzte gemeinsame Vorfahr eines Proteins oder einer Nucleinsäure also zurückliegt, umso größer werden auch die Unterschiede zwischen diesen Molekülen sein.

Auf der Basis dieser konservierten Sequenzen werden Stammbäume erstellt und Gen- bzw. Proteinfamilien zusammengefasst. Das Wissen um konservierte Gen-, Genfunktionen und Proteine, das Vergleichen von Erbmaterial verschiedener Spezies sind wichtige Schritte, um auch mehr über die Funktionen und Herkunft unseres eigenen Erbmaterials und des Erbmaterials unserer Modellorganismen zu lernen.

Hilf bei diesem Rätsel die gemeinsame Vorfahren-Sequenz zu rekonstruieren und erhalte die noch fehlenden Basen (mit X markiert) für den Code.

Mikroskopie 3/3

Die kleine Punkt sind sogenannte Mastzellen, die sich im Gewebe, an Blutgefäßen positioniert haben, um als Netzwerk das Gewebe zu überwachen. Treffen Sie hier auf Eindringlinge, alarmieren sie so schnell wie möglich andere Immunzellen.

In groß und farbig gibt es das Bild auch auf:

www.ie-freiburg.mpg.de/wima2021

Den letzten Hinweis hat Maxi für dich in der Mikroskopieabteilung versteckt. Hier stehen nicht nur Lichtmikroskope, sondern auch sogenannte Konfokalmikroskope, mit denen es möglich ist, nicht nur auf Gewebe draufzuschauen, sondern sogar in das Gewebe und dessen unterschiedliche Schichten hineinzublicken. Möglich wird das durch einen Laser. Dabei wird der Laserstrahl auf einen Punkt des zu untersuchenden Objekts gerichtet und das von dort reflektierte Licht wird vom Detektor des Mikroskops eingefangen. Es wird also zunächst nur ein Bild-

punkt erzeugt. Durch ein bewegliches Spiegelsystem wird dann der Laser Stück für Stück über das Objekt gleitet und Punkt für Punkt gescannt, um das Objekt vollständig abzubilden. Das eigentliche Bild entsteht dann durch digitale Verarbeitung im Rechner. Maxi hat diese Aufnahme des Labors von Tim Lämmermann entsprechend manipuliert, um dir einen letzten Hinweis zu hinterlassen.

Findest du den Schlüssel, wie du von deiner kombinierten Basensequenz aus 1/3 und 2/3 zum Zahlencode kommst?

Basensequenz aus 1/3 Basensequenz aus 2/3

--	--	--	--



Zahlencode mit Hilfe des Schlüssels aus 3/3

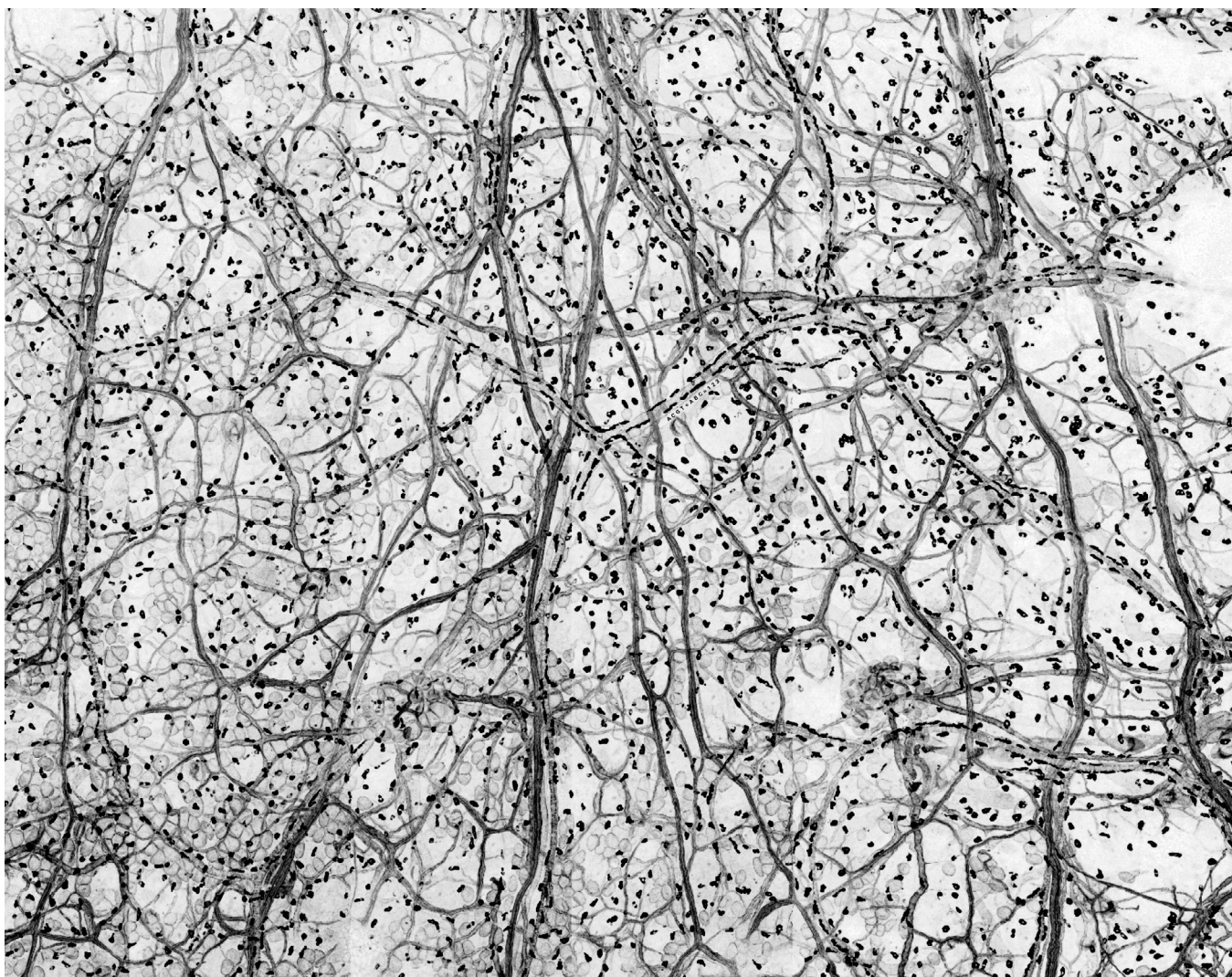


image: MPI-IE, Lämmermann