Simultaner Baby-Boom am Himmel

Sternen-Forscher stoßen auf Überraschung

Galaxien, die mehr als eine Million Lichtjahre voneinander entfernt sind, sollten sich insbesondere in Hinblick auf die Entstehung neuer Sterne völlig unabhängig voneinander entwickeln. Doch drei Dutzend Zwerggalaxien, deren Abstände sogar bis zu 13 Millionen Lichtjahre betragen, haben zeitgleich einen Baby-Boom der Sternentstehung durchlaufen. Zu diesem überraschenden Befund kommt jetzt ein Team US-amerikanischer Forscher. Für eine derartige simultane Entwicklung gäbe es bislang keine Erklärung, schreiben die Wissenschaftler im Fachblatt Astrophysical Journal.

„Scheinbar reagieren diese Galaxien auf eine großräumige Veränderung ihrer Umgebung", sagt Charlotte Olsen von der Rutgers University im US-Bundesstaat New Jersey. Und ihr Kollege Eric Gawiser ergänzt: „Ganz unabhängig davon, ob die Galaxien zueinander benachbart sind oder nicht – die Entstehung neuer Sterne stoppte und startete jeweils nahezu gleichzeitig, als ob sie durch ein extragalaktisches soziales Netzwerk beeinflusst wurde." Gawiser, Olsen und ihre Kollegen verglichen insgesamt 36 Zwerggalaxien aus der Umgebung unserer Milchstraße miteinander.

Um die Entwicklung von Galaxien zu verstehen, müssen Astrophysiker eine Vielzahl von Prozessen berücksichtigen, die sich unter anderem in der Sternentstehungsrate widerspiegeln. Die Geburtsrate von Sternen kann beispielsweise durch nahe Vorübergänge von Galaxien oder gar durch Zusammenstöße und Verschmelzungen ansteigen. Und ein Verlust an Gas – etwa durch starke Strahlung – kann die Entstehung von Sternen zum Erliegen bringen. Zwerggalaxien eignen sich besonders gut zur Untersuchung solcher Vorgänge, da sie besonders empfindlich auf Einflüsse aus der Umgebung reagieren.

Bedeutung der Entdeckung unklar

Das Astronomen-Team leitete die zeitliche Entwicklung der Sternentstehungsrate mit zwei unabhängigen Verfahren aus spektralen Daten der Systeme ab. Beide Verfahren lieferten identische Ergebnisse: Alle untersuchten Zwerggalaxien zeigten vor drei bis sechs Milliarden Jahre eine ruhige Phase, in der nur wenig neue Sterne entstanden. Doch vor drei Milliarden Jahren setzte eine Ära mit hoher Sternentstehungsrate ein, die bis heute anhält. Dieses Ergebnis ist angesichts der Entfernungen zwischen den Zwerggalaxien und ihrer damit unterschiedlichen lokalen Einflüsse eine Überraschung.

„Bislang wissen wir nicht, was diese Entdeckung bedeutet", sagt Gawiser. „Wenn wir feststellen, dass sich unsere Entdeckung nicht im Rahmen des derzeitigen kosmologischen Standardmodells erklären lässt, hat das natürlich gewaltige Konsequenzen für die Forschung." Auf jeden Fall motiviere die Entdeckung der synchronen Sternentstehung dazu, die Geschichte der Galaxien in der Umgebung der Milchstraße mit weiteren Methoden noch einmal genau unter die Lupe zu nehmen. *(dpa/fwt.)*

Künstlerische Darstellung der Entstehung eines Sterns. NASA/JPL-CALTECH

Neue Medikamente, veganes Fleisch

Mit KI und viel Rechenpower befeuert das Programm AlphaFold die Lebenswissenschaften

LILO BERG

Früher glänzte die britische Firma DeepMind vor allem mit spielerischen Leistungen. Ihre Computerprogramme schlugen zuerst den weltbesten Go-Spieler, dann die Nummer eins im Schach. Doch jetzt kommt das in London ansässige Unternehmen, das ebenso wie Google zum US-Konzern Alphabet gehört, aus der Spiele-Ecke heraus – mit einer Nachricht, die weltweit Aufsehen erregt. Mit seinem Programm AlphaFold, das auf Künstlicher Intelligenz (KI) basiert, ist es DeepMind gelungen, aus der Aminosäuresequenz eines Proteins dessen Faltung in eine dreidimensionale Struktur vorherzusagen – und zwar sehr viel genauer und schneller als konkurrierende Programme in einem internationalen Wettbewerb.

Der Evolutionsbiologe Andrei Lupas – er ist Direktor am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Tübingen –, äußert sich begeistert: „Das wird die Medizin verändern, die Forschung, die Biotechnologie – alles." Das Team von Lupas hatte mehrere Proteine für den Wettbewerb eingereicht, darunter auch eines, an dessen vollständiger Strukturbestimmung die Gruppe jahrelang gescheitert war. „Mit AlphaFold als Such-Algorithmus konnten wir die Struktur jetzt in einer Stunde lösen", sagt der Max-Planck-Wissenschaftler.

Bausteine des Lebens

Anerkennend äußert sich auch der Strukturbiologe Hartmut Oschkinat vom Leibniz-Forschungsinstitut für Molekulare Pharmakologie (FMP) in Berlin: „AlphaFold gibt meinem Forschungsfeld einen echten Schub." Für Lars Linden, der bei Bayer Pharmaceuticals in Wuppertal den Bereich Biologics Research leitet, ist die neue KI-Lösung aus London mehr als ein akademischer Geniestreich: „AlphaFold ist ein großer Durchbruch für die Pharmaindustrie und könnte in der Arzneimittelforschung schon bald Arbeitsabläufe und Berufsbilder verändern."

Starke Sätze, die aber auch Fragen aufwerfen. Zum Beispiel diese: Warum ist es eigentlich so wichtig, die 3D-Gestalt von Proteinen – sie werden auch als Bausteine des Lebens bezeichnet – zu kennen? Aufschlussreich ist hier der Blick auf das Coronavirus Sars-CoV-2. Es trägt sogenannte Spike-Proteine auf seiner Oberfläche, mit denen es an menschliche Zellen andocken und sie infizieren kann. Zur Achillesferse für das Virus wurde das Protein jedoch, als es gelang, seine Struktur aufzuklären. Denn nun war klar, mit welchen Proteinfragmenten das Immunsystem zur Bildung passgenauer Antikörper angeregt werden kann. Die Impfstoffentwicklung konnte anlaufen und führte zum Glück schnell zum Ziel.

Bei der Aufklärung biologischer Strukturen – Sars-CoV-2 ist nur ein Beispiel von vielen – setzt die Forschung heute meist auf Röntgenkristallografie, Kernspinresonanz oder Kryo-Elektronenmikroskopie. Diese experimentellen Verfahren liefern zuverlässige Ergebnisse, sie sind jedoch aufwendig und teuer. Daher suchen Wissenschaftler schon seit rund fünfzig Jahren nach anderen Methoden.

Um den Forscherehrgeiz anzustacheln, wurde 1994 ein Wettbewerb namens CASP – die Kurzform für Critical Assessment of Protein Structure Prediction, deutsch: kritische Bewertung von Techniken zur Proteinstrukturvorhersage – ins Leben gerufen. Er findet seither alle zwei Jahre statt und zieht sich über mehrere Monate hin. Die Aufgabe besteht darin, aus der Abfolge von Proteinbausteinen, sogenannten Aminosäuresequenzen, die Faltung und damit die spätere räumliche Gestalt des Proteins mithilfe von Algorithmen vorherzusagen.

Darstellung der Struktur des Proteins T1307, vorhergesagt im Projekt AlphaFold mit Künstlicher Intelligenz. DEEPMIND

Protein T1064 ist Bestandteil des Coronavirus Sars-Cov-2. Die Struktur wurde ebenfalls per KI vorhergesagt. DEEPMIND

> „Wir haben es mit einem wilden Zusammenspiel von Kräften zu tun und erst wenn das verstanden ist, haben wir das Problem der Proteinfaltung wirklich gelöst."
>
> **Hartmut Oschkinat,** Strukturbiologe aus Berlin

Das ist alles andere als einfach, denn es gibt mehr Möglichkeiten der Proteinfaltung als Atome im Universum. Bei CASP erhält jedes teilnehmende Forscherteam ein Aufgabenpaket von rund hundert Aminosäuresequenzen, um seine Prognoseleistung unter Beweis zu stellen. Bisher konnten die Ergebnisse mit Röntgenkristallografie und Co. nicht mithalten. Bei CASP14 jedoch kam es anders.

AlphaFold, so vermeldeten die Veranstalter des Wettbewerbs, habe bei einem Großteil der Fälle zu Lösungen geführt, die von experimentell ermittelten Proteinstrukturen nicht mehr zu unterscheiden waren. Möglich wurde dieser Erfolg durch einen neuen, aufmerksamkeitsbasierten Ansatz. Er funktioniere ähnlich wie das menschliche Gehirn, das aus einer Fülle von Informationen schnell die aktuell wichtigsten auswählen könne, sagt US-Biophysiker John Jumper, der das AlphaFold-Team aus Biologen, Physikern und Informatikern leitet.

Methodisch setzen die Wissenschaftler dabei auf Deep Learning, eine Technologie, die mithilfe Künstlicher Intelligenz offenbar auch das Puzzle der Proteinfaltung zusammensetzen kann. „Die Aufgabe ist derart komplex, sie übersteigt den menschlichen Verstand", sagt Andrei Lupas, der schon bei den ersten CASP-Turnieren dabei war und als Jury-Mitglied fungiert. „Bei CASP14 hatte Deep Learning das Sagen und nicht der Mensch – und das war, glaube ich, der Schlüssel zum Erfolg."

Frei zugängliche Datenbank

Schlau gemacht wurde das Programm unter anderem in der internationalen Protein Data Bank, einer frei zugänglichen Datenbank für 3D-Strukturdaten von biologischen Molekülen. Hier trainierten die AlphaFold-Forscher ihre Algorithmen anhand von rund 180.000 Proteinstrukturen und verbesserten sie Schritt für Schritt. Wie das im Einzelnen gelang, interessiert die Forschergemeinde jetzt natürlich brennend.

Alle hoffen, dass die Ergebnisse zügig veröffentlicht werden, und zwar mindestens so schnell wie bei CASP13: Ein gutes Jahr nach dem Wettbewerb standen die Resultate im Fachblatt Nature. Auch wenn die nächste Publikation vielleicht nicht alle Details verrate, sei das nicht weiter schlimm, sagt Andrei Lupas: „Jetzt ist bewiesen, dass es funktioniert und nun werden sich Tausende von Nachwuchswissenschaftlern an die Arbeit machen und das Forschungsfeld vorantreiben."

Zu tun gibt es genug. Zum Beispiel mit Blick auf fehlgefaltete Proteine. Diese spielen bei vielen Erkrankungen eine Rolle, etwa bei der Demenz. Wenn man versteht, wie es zur Fehlfaltung kommt, sind gänzlich neue Therapien denkbar. Ein weiteres Beispiel: Bei Fieber über 40 Grad Celsius verlieren manche Proteine ihre Struktur. Was genau läuft da ab und welche Gegenmittel gibt es? Rätselhaft sind auch die Wechselwirkungen von Proteinen untereinander und mit anderen Molekülen im Körper. Könnte man sie vorhersagen, ließen sich viele Reaktionen, etwa auf Arzneimittel, weitaus besser abschätzen. Andrei Lupas und sein Team wollen sich dieser Aufgabe nun stellen und mithilfe von Künstlicher Intelligenz und anderen neuen Technologien das komplexe Wirkungsgeflecht erforschen.

Gute Voraussetzungen in Berlin

Dem Berliner Strukturbiologen Hartmut Oschkinat geht es um Grundsätzliches: Er möchte erkennen, was genau ein Protein zur Faltung bringt: „Wir haben es mit einem wilden Zusammenspiel von Kräften zu tun und erst wenn das verstanden ist, haben wir das Problem der Proteinfaltung wirklich gelöst." Berlin verfüge über besonders gute Voraussetzungen: „In der Stadt arbeiten viele hochkompetente Strukturbiologen, die Infrastruktur ist hervorragend und wird kontinuierlich modernisiert." AlphaFold mische das Forschungsfeld jetzt neu auf, sagt Oschkinat, der sich von der KI-Methode ein schnelleres Auffinden interessanter Strukturen verspricht. „Das Programm wird moderne experimentelle Verfahren aber nicht ersetzen können, denn nur mit deren Hilfe erkennen wir, was im Detail passiert."

Trotz offener Forschungsfragen: Dass Programme wie AlphaFold enormen praktischen Nutzen haben, zeichnet sich bereits ab. Bisher hätten sich zum Beispiel Membranproteine oder Proteine, die nicht kristallisieren, dem Zugriff der Strukturforscher entzogen, berichtet der Bayer-Wissenschaftler Lars Linden. KI-Programme könnten diese Bastion nun knacken und das Spektrum potenzieller Ansatzpunkte für Medikamente (Targets) immens erweitern.

Ein weiterer Vorteil: „Derzeit brauchen wir drei bis vier Jahre, um einen Wirkstoff reif für die klinische Prüfung zu machen. Nach Etablierung der neuen Technologie können wir das deutlich schneller schaffen", prognostiziert Linden. Andrei Lupas sieht noch einen ganz anderen Markt: die Nahrungsmittelindustrie. „Der Trend geht weg vom Rindersteak und hin zum Fleisch aus der Kulturschale", sagt der Max-Planck-Forscher. Die Proteinstruktur-Vorhersage durch clevere Algorithmen könne die Gewebezucht im Labor beschleunigen und verbessern. Überhaupt werden AlphaFold und Co., davon ist Lupas überzeugt, die Biotechnologie grundlegend verändern – etwa durch eine schnelle und kostengünstige Optimierung von Verfahren nach dem Vorbild der Natur.

Ausschöpfen lässt sich das neue Potenzial nur mit gewaltiger Rechenpower. Lars Linden: „Wir werden unsere Kapazität deutlich aufstocken müssen, um in der ersten Liga mitspielen zu können." Und Andrei Lupas weist auf die enormen Ressourcen von DeepMind hin: „Für AlphaFold war mehr Computerleistung erforderlich, als alle Tübinger Institute zusammen besitzen." Für die Forschung hierzulande komme es nun auf intelligente, kooperative Lösungen an.

Hitzewellen erhöhen Sterblichkeit

Forscher bringen Studie zu Korrelation heraus

Etwa ein Drittel aller hitzebedingten Todesfälle weltweit zwischen 1991 und 2018 lässt sich Modellrechnungen zufolge auf die Erderwärmung zurückführen. Das berichtet ein internationales Forscherteam im Fachmagazin Nature Climate Change. „Wir gehen davon aus, dass der Anteil der hitzebedingten Todesfälle weiter zunehmen wird, wenn wir nichts gegen den Klimawandel unternehmen und uns nicht anpassen", sagt Ana Maria Vicedo-Cabrera von der Universität Bern, die zum Zusammenhang von Klima und Gesundheit forscht. Es sei bekannt, dass ein Anstieg der Temperatur und vor allem verstärkt auftretende Hitzewellen die Gesundheit des Menschen beeinflussen und die Sterblichkeit erhöhen können, erläutern die Wissenschaftler.

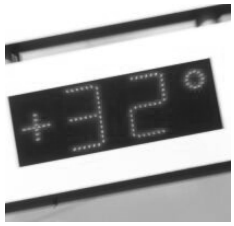
Die Forscher werteten Temperatur- und Sterbefall-Daten aus 732 Orten in 43 Ländern aus. Zuerst ermittelten sie, wie eine steigende Temperatur in einzelnen Städten oder Regionen die Sterberate verändert. Dann betrachteten sie, wie sich die Temperaturen seit 1991 tatsächlich entwickelt haben und wie sie sich ohne menschengemachten Klimawandel entwickelt hätten. Mithilfe von Modellen ermittelten sie die zusätzlich durch den Klimawandel verursachten Todesfälle.

Im globalen Schnitt waren demnach 37 Prozent aller hitzebedingten Todesfälle der vergangenen Jahrzehnte auf den Klimawandel zurückzuführen. Die Auswirkungen waren rund um den Globus sehr unterschiedlich, den größten Anteil klimawandelbedingter Hitze-Todesfälle errechneten die Wissenschaftler für Zentral- und Südamerika sowie für Südostasien. In Athen seien jährlich rund 190 Todesfälle auf die Klimaveränderungen zurückzuführen, berichten die Wissenschaftler. In Madrid seien es etwa 180, in Bangkok 150 und in London 80.

Nicht repräsentativ

Eine Schwäche ihrer Studie sei, dass viele Regionen der Welt nicht oder nicht ausreichend berücksichtigt werden konnten, erläutern die Forscher – etwa in Afrika und Südasien, weil von dort keine Daten vorlägen. Zudem sollten die Angaben aus einzelnen Städten nicht als repräsentativ für ein ganzes Land gesehen werden, da aus einigen Ländern nur wenige Städte berücksichtigt wurden. „Die Länder, aus denen wir nicht die notwendigen Gesundheitsdaten haben, gehören oft zu den ärmsten und anfälligsten für den Klimawandel, und darüber hinaus sind es auch die mit dem stärksten prognostizierten Bevölkerungswachstum in der Zukunft", schreibt der Klimaforscher Dann Mitchell von der University of Bristol.

In Deutschland sind nach Angaben des Robert-Koch-Instituts während der Hitzewelle im Sommer 2003 etwa 7600 Menschen infolge der hohen Temperaturen gestorben. In den Jahren 2006 und 2015 seien es jeweils mehr als 6000 gewesen. Besonders gefährdet seien ältere Menschen und solche mit chronischen Herz-Kreislauf- und Atemwegserkrankungen. *(dpa/fwt.)*



Hitzetag: Thermometer an einer Apotheke in München IMAGO/RALPH PETERS