

Prof. Dr. Markus Reiher, Theoretische Chemie, LPC, ETH Zürich

„Mit quantenchemischen Verfahren molekulare Systeme besser verstehen“

„Das aktive Zentrum der bakteriellen Nitrogenase ist eines der kompliziertesten Systeme, das quantenchemisch berechnet werden kann. Wir würden gerne wissen, wie dort die Bruttoreaktion von N_2 zu $2 NH_3$ Schritt für Schritt abläuft und ob sich die dabei analysierten Prinzipien in synthetischen Katalysatoren nutzen lassen“, erklärt Prof. Markus Reiher. Der 37-Jährige studierte Chemie und schloss seine Doktorarbeit in Theoretischer Chemie 1998 an der Uni Bielefeld ab. Danach habilitierte er im Jahr 2002 an der Universität Erlangen-Nürnberg über Systemchemie. Bevor er 2006 nach Zürich wechselte, war er an den Universitäten Bonn und Erlangen als Privatdozent und in Jena als Professor für Physikalische Chemie tätig.

Zu seinen Arbeitsgebieten gehören quantenchemische Berechnungen von Schwingungsspektren grosser Moleküle, insbesondere zur quantenchemischen Beschreibung aktiver Zentren von Metalloenzymen und Modellkomplexen, die relativistische Vielelektronentheorie sowie die Berechnung hochkorrelierter Wellenfunktionen. Ausserdem hat er das Schwingungsprogrammpaket SNF entwickelt und möchte dies weiter optimieren.

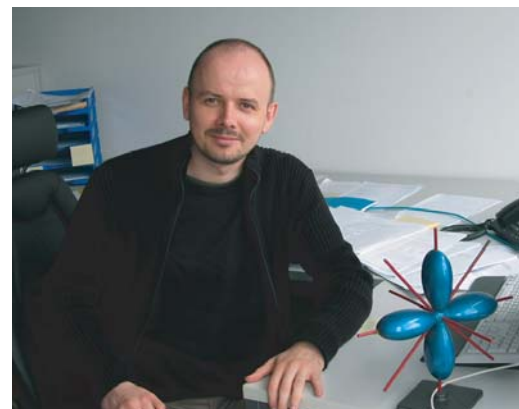
Die Nitrogenase mit den Proteinmolekülen Dinitrogenase (MoFe-Protein) und Dinitrogenase-Reduktase (FeProtein) spaltet die Dreifachbindung zwischen den beiden Stickstoff-Atomen und bildet biologisch verfügbares NH_3 . Das Haber-Bosch-Verfahren benötigt dafür eine Temperatur von fast $500^\circ C$, einen Druck von über 300 Bar und Katalysatoren.

„Es ist experimentell sehr schwierig, diesen Enzymkomplex mit hinreichender Zeit- und Ortsauflösung zu untersuchen, um der Aktivierung und Umwandlung des N_2 auf molekularer Ebene in den erforderlichen kurzen Zeiten zuzusehen. Quantenchemische Berechnungen erlauben es prinzipiell, diesen Prozess im Detail vorherzusagen und unabhängig vom Experiment zu studieren“, begründet er sein Interesse. „Mit quantenchemischen Verfahren wird die Beschreibung und Vorhersage des Verhaltens von Molekülen und molekularen Aggregaten möglich, die im Wesentlichen unabhängig von ex-

perimentellen Eingabedaten sind. Ziel der theoretischen Chemie ist es dabei, Näherungen so geschickt wie möglich zu wählen, um methodeninhärente Fehler zu minimieren“, betont er. „Wenn sich zwei Moleküle in einer Reaktion nähern, erklären wir dies üblicherweise mithilfe ihrer Ladungen, möchten aber die verwendeten Begriffe richtig anwenden. Schon beim Stickstoff, der in verschiedenen Molekülen ganz unterschiedlich reagiert, kann die Elektronegativität von Atomen unterschiedlich interpretiert werden. In der Quantenchemie bedingt die elektrostatische Wechselwirkung der sich abstossenden Elektronen komplizierte Näherungen für die quantenmechanischen Wellenfunktionen zur Berechnung der Energetik chemischer Reaktionen.“ Der Energieoperator in der stationären Schrödinger-Gleichung enthält mathematische Ausdrücke für die Wechselwirkung der Elektronen untereinander im Molekül. Die Terme sorgen dafür, dass die Wellenfunktion auf komplizierte Art und Weise angenähert werden muss. Wegen des entstehenden Elektronenkorrelationsproblems wird auch eine alternative Formulierung im Rahmen der Dichtefunktionaltheorie verwendet und dabei ein Ersatz für das System der miteinander wechselwirkenden Elektronen gewählt. Dies führt zu einer vergleichsweise einfachen Wellenfunktion und liefert dieselbe Elektronendichte und Energie wie das richtige elektronische System.

Schwer zu berechnen: Metallkatalysatoren
 Bei Molekülen, deren elektronische Zustände energetisch sehr dicht beieinander liegen und die vorzugsweise Übergangsmetalle wie Chrom, Mangan, Eisen, Kobalt oder Nickel enthalten, können die Fehler so gross werden, dass sichere theoretische Aussagen nicht mehr möglich sind.

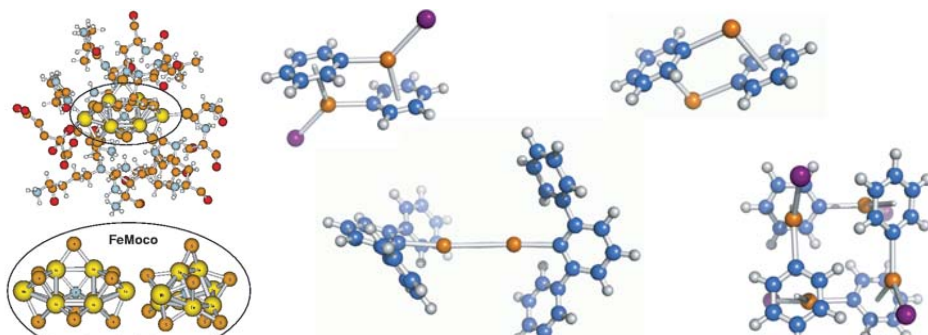
„Eine Vorhersage der Distickstoffaktivierung kann beitragen, allgemeingültige Ansätze zu finden, die für die gesamte Komplexchemie von Bedeutung sind“, meint der Chemiker. „Um sich der Stickstoff-Fixierung mit quantenchemischen Methoden zu nähern, wird zunächst



ein kleines, aber hinreichendes Strukturmodell definiert. Da grössere molekulare Fragmente unverhältnismässig viel Rechenzeit selbst auf modernen Computerarchitekturen erfordern, lässt sich nur das aktive Zentrum mit dem Fe-Moco-Übergangsmetallcluster erfassen.“

Dieter Sellmann aus Erlangen konnte zwar mit kleinen Eisen- und Ruthenium-Komplexen in Schwefel-Ligandensphäre wichtige Schritte der Nitrogenase nachvollziehen, doch keinen vollständigen Formelumsatz von N_2 zu Ammoniak erzielen. Erst 2003 gelang es dem Nobelpreisträger Richard Schrock, ein funktionales Modell für die katalytische Reduktion von N_2 unter milden Bedingungen zu schaffen.

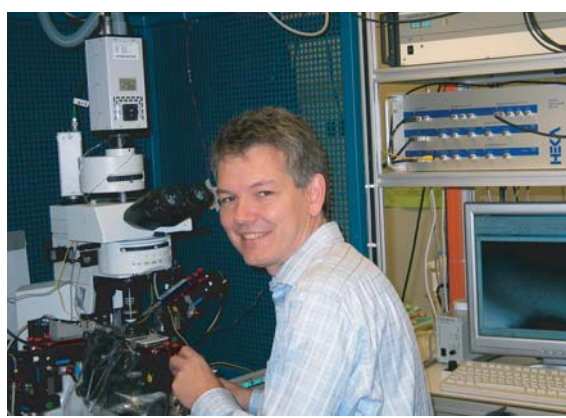
„Erste Rechnungen am vollständigen Schrock-Katalysator ohne Schwefelatome und mit nur einem zentralen Metallatom zeigten, dass dieser Komplex Ammoniak um so schlechter bindet, je negativer er geladen ist. Die Anbindung von N_2 zeigt allerdings einen genau umgekehrten Trend. Diese nur auf theoretischem Wege erzielbare Erkenntnis ist entscheidend für die Austauschreaktion zwischen Endprodukt Ammoniak und Startmolekül N_2 , um einen Katalysezyklus in Gang zu halten. Wir konnten mit unseren Dichtefunktionaltheorie-Rechnungen die von Schrock experimentell ermittelten Daten ergänzen und prognostizieren, welcher Weg beim Übergang vom Distickstoff-Komplex zum Ammoniak-Komplex beschritten wird.“



Texte: Dr. Barbara Brauckmann // Layout: Lisa Mark //
 Fotos: Brauckmann // Abbildungen auf den Seiten 1-4:
 Professoren Reiher, Quitterer, Zeilhofer / Naucum GmbH
 Molekül: Publikation der Öffentlichkeitsarbeit D-CHAB
www.chab.ethz.ch/publicrelations
 für eine bessere Lesbarkeit wurde häufig nur die männliche Form verwendet.

Prof. Dr. med. Hanns Ulrich Zeilhofer, Pharmakologie, IPW, Universität Zürich

Strategien zur effektiven Hemmung molekularer Schmerz-Signalkaskaden



„Nach neueren Untersuchungen leiden europaweit fast 20 Prozent der erwachsenen Bevölkerung unter chronischen Schmerzen. Wir wissen heute, dass es sich dabei um ein neurobiologisches Problem handelt. Chronische Entzündungen, Nervenschädigungen und akute starke Schmerzen führen zu plastischen Veränderungen der Signalverarbeitung im Rückenmark und im Gehirn, die auch dann noch bestehen bleiben können, wenn die auslösende Verletzung oder Entzündung bereits abgeheilt ist. Es kommt zur Ausbildung eines so genannten Schmerzgedächtnisses“, erklärt Hanns Ulrich Zeilhofer.

Der aus Erlangen stammende Mediziner leitet seit September 2005 das Institut für Pharmakologie und Toxikologie an der Uni Zürich und ist seit 2006 auch ordentlicher Professor für Pharmakologie an der ETH Zürich. Nach dem Studium der Medizin in Erlangen und an der Harvard Medical School in Boston faszinierten ihn insbesondere neurowissenschaftliche und pharmakologische Fragestellungen. Sein Hauptinteresse gilt der Aufklärung von plastischen Veränderungen im Rückenmark bei chronischen Schmerzen. Dazu etablierte er eine entsprechende Arbeitsgruppe am Erlanger Sonderforschungsbereich für Schmerzforschung. Als Facharzt für Pharmakologie und Toxikologie habilitierte er sich für dieses Fach und leitete dann als C3-Professor die Arbeitsgruppe Molekulare Neuropharmakologie am Erlanger Pharmakologischen Institut.

„Der physiologische Schmerz übt eine wichtige Schutzfunktion aus. Er wird durch die Erregung von spezialisierten Nervenzellen, so genannten Nociceptoren ausgelöst, die mit

ihren feinen Endigungen im Gewebe schädigende Reize in elektrische Erregung umsetzen. Diese Nociceptoren leiten die Erregung dann an das Rückenmark weiter, wo ein neuronales Netzwerk die Schmerzsignale filtert“, verdeutlicht Zeilhofer. „Projektionsneurone im Rückenmark stehen am Ende dieser spinalen Schmerzverarbeitung. Sie leiten die Schmerzsignale über mehrere Schaltstellen in höhere Areale des Zentralen Nervensystems weiter, wo der Schmerz schliesslich bewusst wahrgenommen wird. Hemmende Neuronen, die im Rückenmark die synaptischen Botenstoffe γ -Aminobuttersäure (GABA) und Glycin freisetzen, bilden das zelluläre Substrat des spinalen Schmerzfilters. Es wurde in den letzten Jahren immer deutlicher, dass die Beeinträchtigung der Filterfunktion des Rückenmarks einen kritischen Schritt während der Entstehung chronischer Schmerzen darstellt.“

Der Entschlüsselung dieser Prozesse ist ein Schwerpunkt der Forschungsgruppe. Die Wissenschaftler kombinieren dafür verschiedene experimentelle Methoden. Mit elektrophysiologischen Techniken untersuchen sie die Kommunikation von Nervenzellen in Schnittpräparaten des Rückenmarks und in Verhaltensexperimenten am Tier die Auswirkungen genetischer Manipulationen auf den Schmerz. Individuelle Unterschiede in der Schmerzempfindlichkeit werden in human-genetischen Studien erarbeitet.

Verlust an synaptischer Hemmung ist kritisch
Mit Hilfe dieses multimodalen Ansatzes konnte beispielsweise gezeigt werden, dass die Prostaglandine als wichtige Entzündungs- und Schmerzmediatoren, bei entzündlichen Erkrankungen nicht nur am Ort der Entzündung, sondern auch im ZNS vor allem im Rückenmark gebildet werden. Dort blockieren sie Glycinrezeptor-gekoppelte Ionenkanäle, die einen wesentlichen Beitrag zur Filterfunktion des Rückenmarks leisten. Aus dem daraus resultierenden Ungleichgewicht erregender pronociceptiver und hemmender antinociceptiver Mechanismen kann sich letztendlich eine chronische Schmerzkrankheit entwickeln.

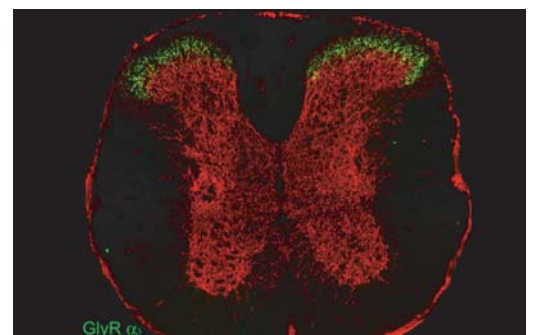
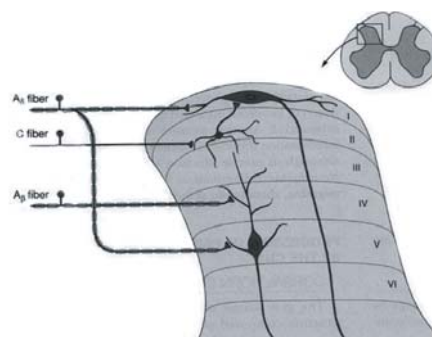
„Mit Hilfe genetisch manipulierter Mäuse konnten wir nachweisen, welche Prostaglandine, welche Prostaglandin-Rezeptoren und

welche Glycinrezeptor-Isoformen für diese Form der Schmerzsensibilisierung verantwortlich sind. Vermutlich ist die Hemmung dieses Signaltransduktionsweges ein wichtiger Mechanismus für die analgetischen Wirkung von Cyclooxygenase-Hemmstoffen wie Acetylsalicylsäure, Ibuprofen oder der so genannten Coxibe, die die Prostaglandinbildung hemmen. Diese Pharmaka sind bei entzündlichen Schmerzen zwar gut wirksam, verursachen aber auch schwere, unerwünschte Wirkungen in Bereich des Magendarmtrakts und im kardiovaskulären System. Die Identifikation der für den Schmerz relevanten Prostaglandinrezeptoren könnte die Grundlage bilden für die Entwicklung besser verträglicher Analgetika auf Basis von Prostaglandinrezeptorantagonisten“, berichtet der Mediziner.

Prostaglandine spielen bei neuropathischen Schmerzen, beispielsweise nach Nervenverletzungen, nur eine untergeordnete Rolle. Andere Prozesse führen aber auch bei diesen Patienten zu einer Enthemmung der spinalen Schmerzleitung. „Ein Verlust an synaptischer Hemmung im Rückenmark scheint eine gemeinsame Endstrecke chronischer Schmerzen zu sein. Wir fragten uns daher, ob sich dieser Verlust pharmakologisch korrigieren lässt.“

Die Gruppe publizierte kürzlich, dass eine Verstärkung der GABA-vermittelten neuronalen Hemmung im Rückenmark eine pathologisch gesteigerte Schmerzempfindlichkeit nach Entzündung oder Neuropathie normalisieren kann. Zudem gelang es in dieser Studie wiederum mit genetisch modifizierten Mäusen die relevanten GABA-Rezeptor-Isoformen zu identifizieren.

„Pharmaka, die spezifisch diese GABA Rezeptor-Isoformen beeinflussten, linderten in Tierexperimenten entzündliche und neuropathische Schmerzen, ohne jedoch die sonst häufig mit nicht-selektiven GABAergen Wirkstoffen beobachteten Nebenwirkungen wie Sedation oder Gewöhnung auszulösen. In den Tiermodellen hat sich diese Strategie damit als viel versprechend erwiesen, für den Menschen stehen jedoch noch keine entsprechenden Wirkstoffe zur Verfügung. Hier ist die pharmazeutisch-medizinische Chemie gefordert, Wirkstoffe mit dem erforderlichen Profil zu entwickeln.“



Prof. Dr. Ursula Maria Quitterer, Molekulare Pharmakologie, IPW, ETH Zürich

Gefährliche Rezeptorvernetzungen bei kardiovaskulären Erkrankungen

„Das Fortschreiten vaskulärer Erkrankungen ähnelt einer «Todes-Spirale», die mit Stress, Bluthochdruck, Rauchen, ungesunder Ernährung, zu wenig Bewegung und zu viel Cholesterin ihren Anfang nimmt. Am Ende dieser Spirale steht die irreversible Schädigung lebenswichtiger Organe wie Herz, Niere und Gehirn. Gefässerkrankungen werden auf diese Weise zu einem «schleichenden Killer». Daher ist die Suche nach neuen pharmakologischen Zielproteinen so bedeutend. Ein wichtiger Schritt dabei ist die Aufklärung der zugrunde liegenden Pathomechanismen“, erklärt Prof. Ursula Quitterer. Sie ist seit Februar 2006 ordentliche Professorin für Molekulare Pharmakologie am Institut für Pharmazeutische Wissenschaften. Die 42jährige Wissenschaftlerin studierte Pharmazie an der Universität Regensburg, approbierte 1990 zur Apothekerin und promovierte 1994 am Institut für Pathobiochemie der Universität Mainz. Nach verschiedenen Forschungstätigkeiten habilitierte sie sich im Jahr 2001 für das Fach Pharmakologie und Toxikologie an der Medizinischen Fakultät der Universität Würzburg. Dort hatte sie bis Januar 2006 auch eine C2-Professur inne.

Kardiovaskuläre Erkrankungen wie Herzinfarkt oder Herzschwäche sind Todesursache Nummer 1 in den Industrieländern. „Selbst heute noch hat ein Patient mit fortgeschrittener Herzschwäche prinzipiell eine schlechtere Überlebenschance als viele Krebspatienten. Es mehren sich die Befunde, dass eine Schädigung der Blutgefässe nicht nur Herz und Nieren krank macht, sondern auch die Funktionsweise von Gehirnzellen und Neuronen beeinträchtigt.“ Der mögliche Kausalzusammenhang zwischen vaskulären Erkrankungen und der Entwicklung und dem Fortschreiten von neurodegenerativen Erkrankungen wird deshalb im Rahmen einer Forschungskoooperation analysiert.

Quitterers Arbeitsgruppe verwendet für die Untersuchungen Zellkulturen, Blutzellen und Gewebeproben von Patienten. Viele Tests werden an transgenen Mäusen durchgeführt, die genetische Veränderungen tragen, die auch bei Patienten als ursächlich für die Auslösung einer kardiovaskulären Erkrankung wie der Atherosklerose identifiziert wurden. Das Fortschreiten der Krank-

heit in diesen Tiermodellen ähnelt dadurch sehr der Pathogenese von kardiovaskulären Erkrankungen beim Menschen.

Um die komplexen Veränderungen des Krankheitsprozesses zu erfassen, wird derzeit eine ausführliche Gen-Expressionsanalyse mittels «Gen-chip-Microarray» von atherosklerotischen Blutgefässen durchgeführt und mit dem Gen-Expressionsmuster von gesunden, nicht geschädigten Gefässen verglichen. Ziel ist die Identifizierung von Proteinen, die das Fortschreiten der Erkrankung markieren. Sind diese bekannt, wird im nächsten Schritt analysiert, inwieweit sie sich als Zielproteine für neue Wirkstoffe eignen. „Hier liegt die grosse Chance der neuen Professur für Pharmakologie am D-CHAB. Die Fachgebiete für Wirkstoffsynthese und Wirkungsanalyse liegen in einem Departement“, stellt die Wissenschaftlerin fest.

Vergleichbar mit fehlerhaften Datenflüssen

„Oft jedoch sind es nicht nur Änderungen der Genexpression, die krank machen, sondern Modifikationen von wichtigen Proteinen nach ihrer Translation in den Ribosomen. Eine derartige Veränderung scheint auch eine wichtige Rolle bei der Atherosklerose zu spielen. Man stelle sich vor, dass in einer Computersteuerung die Daten von zwei unterschiedlichen Datenspuren durch eine falsche Vernetzung plötzlich vermischt werden. Es resultiert ein fehlerhafter Informationsfluss, der langfristig die gesamte Steuerung lahm legen kann. Etwas Ähnliches ereignet sich auch im menschlichen Körper, wenn die Blutgefässe durch zu hohen Blutdruck steif werden oder durch zu viel Cholesterin geschädigt sind: Die Rezeptoren für ein lebensnotwendiges Hormon, das blutdrucksteigernde Angiotensin II, vollziehen eine krankmachende Vernetzung. Dieses irreversible «Crosslinking» führt dazu, dass die Kontrolle der Angiotensin-Signale entgleist. Unkontrollierte und gesteigerte Signaltransduktion über die falsch vernetzten Rezeptoren führen dazu, dass bestimmte Blutzellen sich an die vorgeschädigten Wände der Gefässe anheften und diese über die Bildung von Plaques verengen. Die Entwicklung einer derartigen Engstelle beispielweise an einem Herzkranzgefäss ist eine «Zeitbombe». Gefäss-Verengungen bis zu

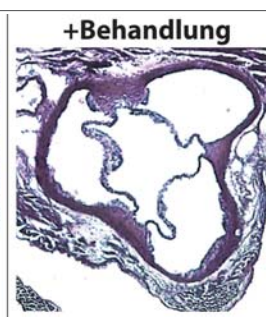
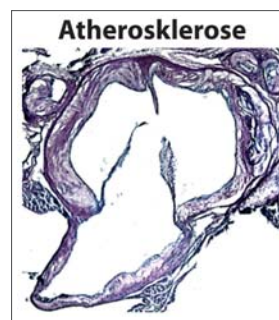
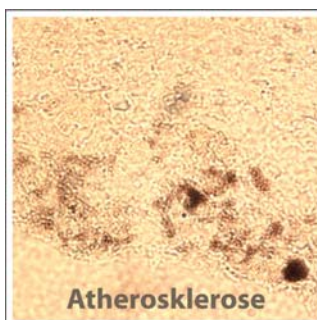


80% werden zwar vom Körper längere Zeit fast symptomlos toleriert. Ein geringfügiger Auslöser kann jedoch innerhalb von Sekunden die Engstelle verschliessen und zur lebensbedrohlichen Situation des Herzinfarkts führen.

„Angesichts dieses Szenarios sind diagnostische Markerproteine zur Früherkennung der Atherosklerose so wichtig“, erklärt Quitterer. In ihrer Forschungsgruppe werden deshalb Genexpressionsanalysen mit Gewebs- und Blutbiopsien von Tiermodellen und Patienten zur Identifizierung möglicher Markerproteine durchgeführt.

Weitere in verschiedene Veröffentlichungen eingegangene Befunde aus ihrer Arbeitsgruppe bestätigen, dass die fehlerhafte Kontrolle der Signalübermittlung ein generelles Charakteristikum kardiovaskulärer Erkrankungen ist. Die Dysregulation äussert sich nicht nur in gesteigerter Signalerzeugung, sondern auch in einer fehlerhaften Signalabschaltung durch Fehlfunktion der hierfür notwendigen G-Protein-Rezeptor-Kinasen oder deren Inhibitorproteine. Dies sind deswegen weitere Untersuchungsschwerpunkte.

„Der Forschungsansatz jedoch wandelt sich und wird komplexer. Um das Zusammenspiel der verschiedenen Organe im Gesamtorganismus zu erfassen, bestimmen wir zurzeit die Protein-Expression und -Lokalisation in allen wichtigen Organsystemen eines Organismus im Verlauf einer kardiovaskulären Erkrankung. Ziel dieses «systembiologischen» Ansatzes ist das bessere Verständnis der Pathomechanismen bei der Suche nach dringend benötigten neuen Medikamenten für Prävention, Diagnostik und Therapie kardiovaskulärer Erkrankungen.“



Web 2.0-basierte Internet-Plattform www.myChemunity.com für Chemie- und Biologiestudenten

„Soziale Plattform mit «Learning» als grosser Markt für Millionen von Nutzern“



„Wir haben es uns zur Aufgabe gemacht, mit entsprechenden Plattformen den Wissensaustausch zwischen Wirtschaft und Forschung zu beleben und in diesen Prozess Auszubildende und Privatpersonen einzubinden. Dafür stellen wir Instrumente zur Verfügung, die die Suche nach relevanten Informationen sowie deren Erschliessung erleichtern sollen“, erklärt Geschäftsführer der Naucum GmbH, Peter Rüesch. „Zu unseren Kunden gehören Schüler, Auszubildende, Studenten, Berufstätige, Lehrbeauftragte genauso wie Bildungsinstitutionen oder Unternehmen.“

Zusammen mit den anderen Mitgliedern der Geschäftsleitung, Michael Haase und Alain Tanner, möchte die Firma in den Bereichen Informations- und Webtechnologie Programme vermarkten und Dienstleistungen erbringen. Diese stammen ursprünglich aus dem vom Fachinformationszentrum Chemie (FIZ Chemie) Berlin im Jahr 2004 abgeschlossenen Projekt «Vernetztes Studium Chemie (VS-C)». Hier wurden auf über 15.000 XML-basierten Internetseiten beispielsweise Molekülstrukturen dreidimensional dargestellt oder Prozessanimationen, Reaktionssimulationen und virtuelle Gerätepraktika multimedial aufbereitet angeboten. Zudem diente die Lernplattform des VS-C durch ihre Verknüpfung mit dem Internet «weltweites Wissen» auch als Werkzeug für die berufliche Weiterbildung «lebenslanges Lernen».

„Wir stellten uns damals die Frage, was man nach Projektende mit diesen riesigen Datenmengen tun könnte und kamen auf die Idee, diese einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen. Nach langen Gesprächen entwickelten wir [myChemunity.com](http://www.myChemunity.com), eine zielgruppenspezifische Online-Plattform für die Bereiche

Chemie, Biologie, Pharmazie, Physik und Mathematik auf der Basis von Web 2.0. Aber wir wollen den Benutzern auch eine sogenannte Soziale Software zur Kontaktaufnahme mit anderen Mitgliedern anbieten“, berichtet Tanner, der jedoch fachspezifische Inhalte und solche, dem Netzwerk «studiVZ» ähnliche Angebote, klar trennt. Dort können die Nutzer auch «gruscheln», um sich etwas näher zu kommen. Dieser Begriff entstand vermutlich aus den Wörtern grüssen und kuscheln. „Bei der Kommunikation bestimmt jeder Teilnehmer selbst, wie viel von seinem Profil gesehen wird. Solche sozialen Netzwerke sind sogar interessant für Firmen, die auf diese Weise die Bedürfnisse von Nutzern kennenlernen und daraus Markt-Trends kreieren können.“

www.myChemunity.com verbindet wissenschaftliche Inhalte mit «social software» Im Auftrag des FIZ bietet die Naucum GmbH neben der Datenbank Infotherm seit Mai 2008 auch die eLearning-Plattform CHEMGAROO sowie die retrodigitalisierte Version des „Chemischen Zentralblattes“ an.

Um die fachliche Qualität nicht nur durch den Quellennachweis und die bisherigen Möglichkeiten des FIZ zu sichern, verfügt [myChemunity.com](http://www.myChemunity.com) mit Prof. Dr. René Deplanque vom FIZ Chemie und Dr. Martin Brändle vom Infocentrum über einen Wissenschaftlichen Beirat. Der Chemiker und Informationsspezialist weiss, welche Datenbanken sich am ehesten für die gewünschten Plattformsynergien eignen und ob sie eine leichte Suchbarkeit ermöglichen bzw. gut handhabbar sind. Er verfolgt die Idee, das neue Datennetz auf der Basis von Web 2.0 mit dem Konzept «Bibliothek 2.0» zu verknüpfen. „Wir können zielgerichtet Gruppen ansprechen und über Umfragen Validierungen erbitten. Der Benutzer kann auf diese Weise mithelfen, die Qualität der Systeme zu verbessern.“ Das Infocentrum beabsichtigt auch, eigene Inhalte wie beispielsweise den Eigenschaften-Quellen-Index oder den CLICAPS-Katalog in die Plattform einzuspeisen (www.eigenschaften.ethz.ch).

„Die Etablierung unserer Plattform ist ein dynamischer Prozess“, meint Tanner. „Wir konzentrieren uns zunächst auf den deutschsprachigen Raum, später denken wir an Mehrsprachigkeit. Ausser mit der ETH sind wir auch mit den Universitäten von Zürich, Bern, Paderborn und Kiel im Gespräch.“

Rüesch ergänzt: „Natürlich ist der Konkurrenzkampf gross, aber im Gegensatz zu vielen Portalen bieten wir mit nur einem Usernamen alles innerhalb einer Plattform an. Für Studenten und Privatpersonen ist die Benutzung kostenlos. Die Einnahmen möchten wir aus unseren Dienstleistungen für Firmen beziehen. Wir haben festgestellt, dass viele Unternehmen Interesse daran haben, mit den Universitäten in Kontakt zu treten, auch für die Veröffentlichung von Job-Inseraten und die Darstellung ihrer Dienstleistungen.“

Glossar

FIZ CHEMIE Berlin: deutsches Fachinformationszentrum für die Chemie, mit dem Ziel, der Wissenschaft, Lehre und Industrie qualitativ hochwertige Informationsdienstleistungen im Bereich der allgemeinen Chemie, chemischen Technik und Biologie, Pharmazie, Mathematik und Physik zur Verfügung zu stellen. Der Qualitätsstandard ist nach der Qualitätsnorm DIN EN ISO 9001:2000 zertifiziert.

Die über 2 Terabyte umfassende digitale Bibliothek des heutigen Chemischen Zentralblatts bietet mit Patentanmeldungen und chemischen Produktionsverfahren umfangreiche Anhaltspunkte und Nachschlagemöglichkeiten. Mit der fortschreitenden Vernetzung werden zur Erfüllung dieser Anforderungen zunehmend web-basierte computergestützte Schulungs- und Qualifizierungssysteme eingesetzt. Vor diesem Hintergrund wurde unter der Leitung des FIZ Chemie die Produktlinie CHEMGAROO Educational Systems entwickelt. Produktformen: ChemgaPedia, ChemgaCourse, ChemgaMedia, ChemgaNet
ChemgaCourse Plattform: vollständiges Lern-Management-System (LMS) mit Foren und Chaträumen und gebührenpflichtigen Kursen (wahlweise auf Festplatte in Inhouse- oder Online-Version)

ChemgaMedia: Datenbank mit ca. 25.000 Medienelementen, 19.000 Grafiken, 3.000 Animationen, 1.000 Videos, 3D-Molekülen, Audiodateien zur Gestaltung neuer Lerninhalte

ChemgaPedia: multimediales Lehrbuch zur Chemie mit Kursen, integrierten Übungen und Lernkontrollen zum Selbststudium (monatlich etwa 250.000 Besuche)

INFOTHERM: Datenbank für Stoffgemische
Chem.de: gemeinsames Projekt von: FIZ Chemie GmbH, Gesellschaft Deutscher Chemiker (GDCh) und Technischer Informationsbibliothek (TIB) Hannover

Facebook: 2004 an der Harvard University von Mark Zuckerberg entwickelt. Jeder Benutzer verfügt über eine Profseite mit öffentlich einsehbaren Nachrichten. Auch möglich: Versenden persönlicher Nachrichten, Chat und Publikation von Notizen/Blogs

studiVZ (Studentenverzeichnis): Online-Netzwerk der Holtzbrinck Networks, ähnlich der Web-2.0-Plattform Facebook / **schülerVZ:** Plattform für Schüler / **meinVZ:** für Benutzer mit absolviertem Studium: (8 Millionen registrierte Mitglieder)

