

Beilage zur Medienmitteilung, 15. April 2020

## Liste der Marie Skłodowska-Curie Fellows an der Universität Bern

Die Universität Bern heisst in diesem Jahr sechs Marie Skłodowska-Curie Fellows willkommen. Untenstehend finden Sie die Kurzbeschriebe der Projekte der sechs Forschenden.



**Dr. Lei Wang**

Institut für Pflanzenwissenschaften

Universität Bern

[lei.wang@ips.unibe.ch](mailto:lei.wang@ips.unibe.ch)

**Supervisor:** Prof. Dr. Matthias Erb

**Projekttitel:** Integration of volatile cues and plant peptide signals for enhanced herbivore resistance in tomato (InteCue)

*Bild: zvg*

Pflanzen sind oft von Schädlingen bedroht. Wie verteidigen sie sich? Es ist bereits bekannt, dass Pflanzen flüchtige organische Verbindungen einsetzen, um sich gegen Schädlinge zur Wehr zu setzen. Auch können Pflanzen kleine Signalpeptide zur Bekämpfung von Schädlingen erzeugen. Was wir nicht wissen, ist, ob Pflanzen flüchtige Verbindungen und Signalpeptide zur Verbesserung der Schädlingsresistenz kombinieren können. Im Rahmen des Projekts «InteCue» wird untersucht, ob und inwiefern Tomatenpflanzen flüchtige Verbindungen und Signalpeptide für eine stärkere Abwehr gegen Schädlinge kombiniert verwenden. Die Forschung wird dazu beitragen, Grundlagen für die Züchtung neuer schädlingsresistenter Nutzpflanzen und die Entwicklung effizienter Strategien zur Schädlingsbekämpfung zu schaffen.



**Dr. Agne Frismantiene**

Institut für Zellbiologie  
Universität Bern  
[agne.frismantiene@gmail.com](mailto:agne.frismantiene@gmail.com)

**Supervisor:** Prof. Dr. Olivier Pertz

**Projekttitel:** Deciphering oncogenic signalling patterns to break cancer drug resistance (NOSCAR)

*Bild: Gina Beinoraviciute*

Brustkrebs ist die häufigste Krebsart bei Frauen und die zweithäufigste krebsbedingte Todesursache in der weiblichen Bevölkerung. Um fortgeschrittene und aggressive Fälle von Brustkrebs zu heilen, werden moderne, gezielte Chemotherapien eingesetzt. Die Resistenz gegen Krebsmedikamente schränkt deren Erfolgchancen jedoch ein. Das Projekt «NOSCAR» will die Entwicklung solcher Resistenzen untersuchen. Zu diesem Zweck wird die Dynamik der Zellkommunikation in sogenannten Brustkrebsorganoiden, Brusttumor Zellkulturen, die sich zu organähnliche Strukturen selbstorganisieren, auf Ebene der einzelnen Zelle in Tausenden von Zellen und über einen längeren Zeitraum untersucht. Dies wird es ermöglichen, molekulare Schwachstellen in der Kommunikation von Krebszellen zu identifizieren und somit gezielt gegen die Krebsresistenz vorzugehen.



**Dr. Hugo Guillen Ramirez**

Department for BioMedical Research (DBMR)  
Universität Bern  
[hugo.guillenramirez@dbmr.unibe.ch](mailto:hugo.guillenramirez@dbmr.unibe.ch)

**Supervisor:** Prof. Dr. Rory Baldwin Johnson

**Projekttitel:** Computational genomics of long noncoding RNA domains across metazoans (RNADOMAIN)

*Bild: zvg*

Die bisher als «Junk-DNA» vernachlässigte, sogenannte «Dunkle Materie des Genoms» umfasst RNA-Moleküle, die nicht als Bauanleitung für Proteine dienen. Unter diesen werden insbesondere die langen, nicht-kodierenden RNAs (lncRNAs) mit der Entstehung von Krankheiten in Verbindung gebracht. Um die Rolle dieser lncRNAs bei Krankheiten besser zu verstehen, müssen Kenntnisse darüber erlangt werden, für welche Funktionen die lncRNA-Sequenzen stehen. Mit Hilfe von Algorithmen der künstlichen Intelligenz will das Projekt «RNADOMAIN» Licht auf diesen «Sequenz-Funktionscode» der lncRNAs werfen, um sie bei Krankheiten gezielt einsetzen zu können.



**Dr. Tina Uroda**

Department of BioMedical Research (DBMR)

Universität Bern

[tina.uroda@dbmr.unibe.ch](mailto:tina.uroda@dbmr.unibe.ch)

**Supervisor:** Prof. Dr. Rory Baldwin Johnson

**Projekttitel:** Linking sequence to function of long noncoding RNAs with CRISPR-Cas9 (CRISPR-Locate)

*Bild: zvg*

Eine grosse Überraschung im Zuge des Humangenomprojekts war die Entdeckung einer Vielzahl von RNAs, die nicht in Proteine übersetzt werden. Bisher konnte weniger als 1% dieser «langen nicht-kodierenden RNAs» (lncRNAs) beschrieben werden. Um die biologische Bedeutung der lncRNAs zu verstehen, muss die Frage geklärt werden, wie ihre Funktionen in ihrer Primärsequenz «angelegt» sind. Um ein besseres Verständnis davon zu erlangen, werden innerhalb des Projekts Hochdurchsatz-Techniken entwickelt und die lncRNA-Domänen und ihre Funktionen in einem natürlichen, biologischen Kontext identifiziert. Die daraus resultierenden Karten der funktionellen lncRNA-Domänen werden dazu beitragen, das Potenzial von 10<sup>4</sup> neuen Genen in Medizin und Biologie zu erschliessen.



**Dr. Andrew Ronald Friedman**

Geographisches Institut, Oeschger-Zentrum für Klimaforschung (OCCR)

Universität Bern

[andfried@gmail.com](mailto:andfried@gmail.com)

**Supervisor:** Prof. Dr. Stefan Brönnimann

**Projekttitel:** Assessing and QUantifying the ATlantic Instrumental hydroClimate (AQUATIC)

*Bild: zvg*

Die Klimaerwärmung hat voraussichtlich deutliche Auswirkungen auf das Hydroklima, einschliesslich Niederschlägen und Meeresströmungen, im tropischen Atlantikbecken. Dieses enthält die größten Flusssysteme und Regenwälder der Welt und dient als Lebensraum für eine wachsende Bevölkerung. Im Rahmen des Projekts «AQUATIC» werden historische Aufzeichnungen über das Hydroklima rund um den tropischen Atlantik genutzt, um Einblicke in Prozesse zu erhalten, die die Zukunft prägen werden. Kürzlich wiederentdeckte Messungen von Niederschlägen, Meeresströmungen sowie Oberflächensalzgehalten werden aus verschiedenen Archivquellen zusammengetragen, um daraus eine Aufzeichnung des regionalen Hydroklimas im tropischen Atlantik bis ins späte 19. Jahrhundert zu fertigen. Die historischen Daten werden gemeinsam mit den Ergebnissen von Klimamodellen untersucht, um die Mechanismen, die zu den Schwankungen des Hydroklimas führen, zu verstehen und verbesserte Klimaprojektionen zu liefern.



**Dr. Juliane Kämmmer**

Universitäres Notfallzentrum, Inselspital, Bern

Universität Bern

[julianeeva.kaemmer@extern.insel.ch](mailto:julianeeva.kaemmer@extern.insel.ch)

**Supervisor:** Prof. Dr. Wolf Hautz

**Projekttitle:** TeamUp: Understanding and improving team decision making in uncertain environments

*Bild: zvg*

(Bessere) Teamarbeit ist eines der Schlüsselemente, um das häufige Vorkommen von Diagnosefehlern weltweit zu minimieren. Das Ziel des Projekts «TeamUp» ist es, ein besseres Verständnis von Entscheidungsprozessen in Teams in unsicheren und fehleranfälligen Umgebungen wie der Notfallaufnahme zu erlangen, die Entwicklung von theoriebasierten Interventionen voranzutreiben um somit eine korrekte Diagnosestellung zu ermöglichen. Das Projekt wird somit dazu beitragen Diagnosefehler zu reduzieren, unnötige Behandlungen zu vermeiden, Kosten im Gesundheitswesen einzusparen und letztlich die Patientensicherheit zu verbessern.