

Synthetische Biologie - Ideale Modellsysteme für die Biophysik

Wie komplex darf ein biologisches System sein, um es mit physikalischen Methoden zu erfassen? Und wie biologisch sind Modellsysteme noch, wenn ihre Komplexität auf ein beschreibbares Maß reduziert wird? Durch die modernen Lebenswissenschaften wird unser Wissen über das Zusammenwirken verschiedenster Moleküle in lebenden Systemen immer reichhaltiger, aber auch immer unübersichtlicher. Die Biophysik ist dadurch vor die Aufgabe gestellt, fundamentale Prinzipien in und hinter dieser Komplexität zu erkennen und sie dadurch quantifizierbar zu machen. Einer der vielversprechendsten Ansätze hierfür besteht in der sogenannten "synthetischen Biologie", d.h. darin, biologische Systeme Schritt für Schritt neu aufzubauen, getreu der Feynman'schen Bemerkung "what I cannot create, I do not understand". Mit unseren eigenen Arbeiten versuchen wir, zelluläre Phänomene und Prozesse in zellfreien Umgebungen mit einem minimalen Satz an Schlüsselmolekülen, also gegenüber dem ursprünglichen biologischen System deutlich vereinfacht, nachzustellen und auf Einzelmolekülebene zu charakterisieren. Dabei interessieren uns vor allem Prozesse, die in und an Membranen ablaufen. Hier ist es uns kürzlich gelungen, zelluläre Selbstorganisationsphänomene als Vorstufe der bakteriellen Zellteilung mit nur zwei Proteinsorten und einer Energiequelle (ATP) zu rekonstruieren.

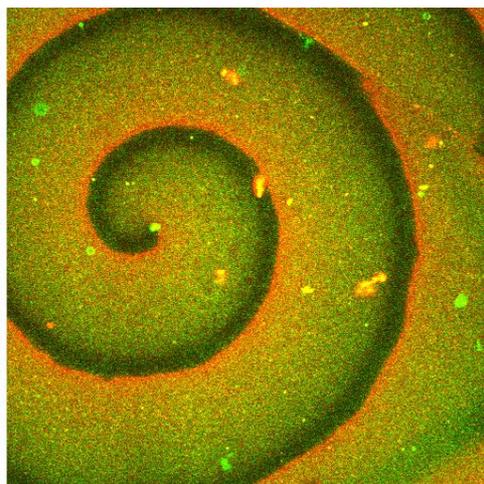


Abb: Selbstorganisation von Min-Proteinen auf künstlichen Membranoberflächen, Loose et al., Science 320, 789-792 (2008)