



**Deutsche Gesellschaft für Biophysik e. V.
- Der Sekretär -**

Rundschreiben 1/2006

Inhalt

1. In eigener Sache
2. Grußwort des Vorsitzenden der DGfB, Prof. Dr. Eberhard Neumann
3. Eine Arbeitsgruppe stellt sich vor
4. Tagungshinweise
5. Reiseberichte der Stipendiaten
6. Mitglieder

Anschrift des DGfB-Sekretariats:

Professor Dr. Hans-Joachim Galla
Westfälische Wilhelms-Universität
Institut für Biochemie
Wilhelm-Klemm-Str. 2

Fon: +49 (0251) 83 33201
Fax: +49 (0251) 83 33206
e-mail: gallah@uni-muenster.de
wiese@uni-muenster.de

48149 Münster

Konto der DGfB:

Dresdner Bank AG; (Filiale Frankfurter Strasse 4, 35332 Gießen)
Konto-Nr. 915 684 700 BLZ: 513 800 40

1. In eigener Sache

Liebe Biophysiker/innen,

durch die anhaltenden Turbulenzen an den Universitäten nicht nur im Bereich der sog. „Exzellenz“ ist es etwas spät mit dem Rundschreiben geworden. Es reicht aber gerade noch, um auf die Jahrestagung unserer Gesellschaft in Mainz hinzuweisen, die sich mit einem äußerst interessanten Vortragsprogramm ankündigt.

Ich möchte hier die Gelegenheit auch kurz nutzen, den Ausrichtern der Sektionstagungen „Gomadingen“ und „Hünfeldt“ zu danken. Beide Tagungen waren wieder sehr gut besucht, Gomadingen an der Grenze der Kapazität. Dort konnte ich mich selbst vom Erfolg unserer Veranstaltungen überzeugen.

Besonders stolz bin ich darauf, dass es uns gelungen ist, ca. 20 neue Mitglieder aus der Gruppe der jüngeren Wissenschaftler und der Doktorandinnen/Doktoranden zu werben. Biophysik ist offensichtlich ein anhaltend spannendes und attraktives Gebiet. Das freut nicht nur den Sekretär der Gesellschaft.

Mit den besten Grüßen
Hajo Galla
Sekretär



2. Grußwort des Vorsitzenden, Professor Dr. Eberhard Neumann

Liebe Kollegen und Mitstreiter,

unsere diesjährige Jahrestagung und Mitgliederversammlung in Mainz, 24.-27. September 2006, rückt näher. Die Tagung ist auf der homepage der DGfB angekündigt und dieses Rundschreiben enthält das vorläufige, mit dem Vorstand abgesprochene Programm. Natürlich möchten der Hauptorganisator Herr Professor Heinz Decker und sein Organisationsteam sowie auch der DGfB-Vorstand möglichst alle Mitglieder unserer Gesellschaft in Mainz begrüßen können.

Das Tagungsprogramm ist, entsprechend der breiten biophysikalischen, biochemischen und biologischen Ausrichtungen unserer wissenschaftlichen Zielsetzungen, inhaltlich reich gefächert und interessant gestaltet. Es ist geplant, diesmal während der Mitgliederversammlung einen Kurzvortrag des designierten neuen DGfB-Präsidenten, Herrn Professor Klaus Peter Hofmann, Berlin, über die Zukunftsperspektiven der Biophysik und Biophysikalischen Chemie einzuflechten.

Direktes Fachinteresse an der Mainzer Tagung kann also wiederum sehr gut mit Hinzulernen aus jeweils angrenzenden Disziplinen gepaart werden. Eine wissenschaftliche Gesellschaft lebt ja primär durch die Aktivitäten ihrer Mitglieder, wenn die Einzelinteressen in gemeinsame Strategien münden. Dabei ist auch unsere DGfB

auf Solidaritätsbekundungen ihrer Mitglieder bei Jahres- und Fachtagungen angewiesen.

Die kürzliche Sektionstagung in Gomadigen, 20.-22. März 2006, organisiert von unseren Kollegen Professor Thomas Heimburg, Kopenhagen, und Professor Claudia Steinem, Regensburg, zählt sicherlich wiederum beispielhaft als Ausdruck guter Wissenschaftsaktivität in unserer DGfB.

International:

Die nächste IUPAB-Tagung ist der 16th International Biophysics Congress, Long Beach, California (USA). Der Vorstand ist durch den IUPAB-Secretary General, Professor Fritz G. Parak aufgefordert, schon jetzt Themenkreise und potentielle Sprecher zu benennen.

Wissenschaftspolitisch ist die DGfB der Aufforderung der Vertreter der Politik und Gesellschaft nachgekommen und hat ihre biowissenschaftliche Forschungsdisziplinen formal als Gründungsmitglied des neuen Fachverbands „Verbund biowissenschaftlicher und biomedizinischer Gesellschaften“ (VBBM) gebündelt. Sie ist damit auch formal aktiv in den Aufgabenbereichen Forschungspolitik und Forschungsschwerpunkte sowie Hochschulpolitik des VBBM eingebunden.

Instruktiv sind sicherlich auch die kürzlichen Stellungnahmen des VBBM zu den Zeitverträgen für Nachwuchswissenschaftler und zum Tierschutzgesetz, wo eine Verbandsklage der Tierschutzvereine ansteht. Näheres ist zu erfahren unter “www.bio-bund.de“.

Mit herzlichen Grüßen,

Eberhard Neumann

1. Vorsitzender

3. Eine Arbeitsgruppe stellt sich vor

Prof. Dr. Christian M.T. Spahn ist seit Oktober 2002 Juniorprofessor am Institut für Medizinische Physik und Biophysik der Charité – Universitätsmedizin und Leiter einer Nachwuchsgruppe der Volkswagen Stiftung. Die Gruppe wendet die Methode der Kryoelektronenmikroskopie (Kryo-EM) in Verbindung mit digitaler Bildverarbeitung an, um die Struktur großer makromolekularer Maschinen und Komplexe bei mittlerer Auflösung (6-30 Å) aufzuklären. Ein biologischer Schwerpunkt der Arbeitsgruppe liegt dabei auf dem Verständnis des molekularen Mechanismus der Proteinbiosynthese und der Kontrolle der Translation durch regulatorische Sequenzen der mRNA. Darüber hinaus hat die Gruppe zusammen mit Prof. Dr. Hans Lehrach (MPI für Molekulare Genetik) und Dr. Roland Beckmann (Charité) das Ultra-Struktur-Netzwerkes (USN) initiiert. Ziel des USN ist die Schaffung einer Infrastruktur zur Untersuchung von supramolekularen Strukturen hinsichtlich ihrer Komposition und 3D-Struktur im hohen Durchsatz. Dies ermöglicht uns die Strukturuntersuchung einer Vielzahl von weiteren makromolekularen Komplexen in Kollaborationen mit anderen Arbeitsgruppen, wie z.B. Proteinkomplexe in der visuellen Signaltransduktion (mit Prof. Dr. Klaus-Peter Hofmann, Charité).

Kryo-Elektronenmikroskopie makromolekularer Komplexe und Maschinen

In den letzten Jahren ist es in der Molekularbiologie und Zellbiologie zu einem Paradigmenwechsel gekommen. Innerhalb einer Zelle agieren nicht, wie ursprünglich angenommen, zufällig miteinander kollidierende Proteine, sondern nahezu alle wichtigen Prozesse in der Zelle werden von makromolekularen Komplexen oder Maschinen mit 10 oder mehr Komponenten bewerkstelligt (Alberts B, 1998, Cell 92:291). Deren Funktionsweise folgt neuen, noch unverstandenen Prinzipien. Zu diesen Komplexen gehören bekanntere Maschinen wie das Ribosom oder das Proteasom aber auch eine Vielzahl noch unbekannter Komplexe. Die Untersuchung makromolekularer Komplexe ist daher unabdingbar zum Verständnis biologischer Prozesse und Krankheitsprozesse und integraler Bestandteil von Genomics und Proteomics Initiativen.

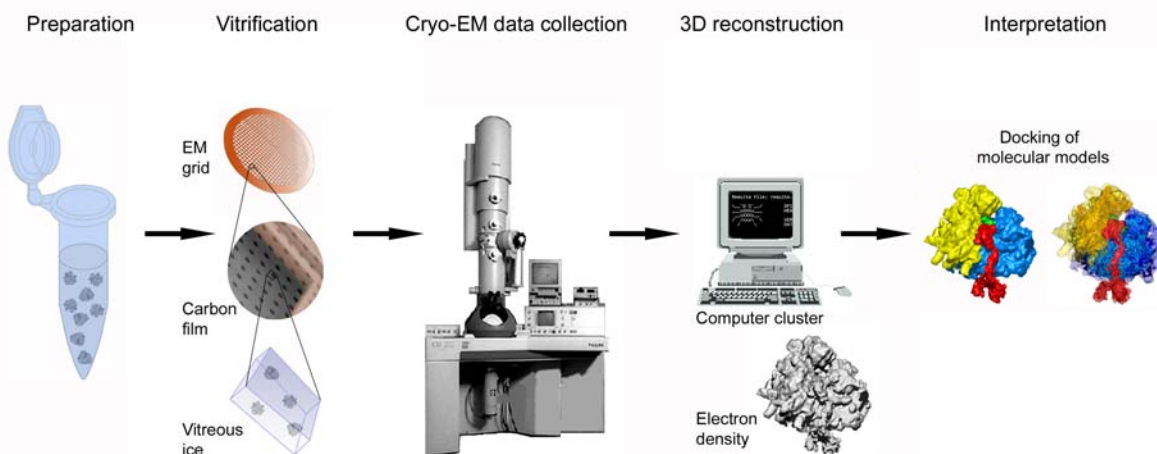


Abbildung 1: Arbeitsschritte bei der Strukturbestimmung eines makromolekularen Komplexes durch Kryo-EM

Die Bedeutung der Strukturbiologie in der biomedizinischen Grundlagenforschung ist unumstritten. Kenntnis der Struktur von Makromolekülen und makromolekularen Komplexen ist der Schlüssel, um ihre Funktion und Dynamik zu verstehen und damit eine der neuen Her-

ausforderungen der molekularen Zellbiologie und damit auch der molekularen Medizin. Viele der makromolekularen Maschinen und Komplexe entziehen sich jedoch den klassischen Methoden der Strukturbiologie. Als besonders effektiv bei der Strukturuntersuchung von makromolekularen Komplexen mit mittlerer Auflösung hat sich die Kryo-Elektronenmikroskopie (Kryo-EM) in Kombination mit digitaler Bildverarbeitung („single particle approach“) erwiesen und sich damit als dritte Hauptmethode in der Strukturbiologie neben den klassischen, atomar-auflösenden Methoden Röntgenstrukturanalyse und NMR Spektroskopie etabliert.

Kryo-Elektronenmikroskopie ist eine noch junge und hochgradig multidisziplinäre Technik. Die Strukturbestimmung eines makromolekularen Komplexes durch Kryo-EM erfolgt in mehreren Schritten (Abbildung 1). Nach der biochemische Präparation werden die makromolekularen Komplexe schockgefroren, so dass sie auf dem EM-Grid in einer dünnen Schicht von amorphen Eis vorliegen. Bilder des so gewonnenen Präparats werden mit einem modernen Kryo-Elektronenmikroskop aufgenommen. Dabei wird die Elektronendichte der makromolekularen Komplexe in die Bildebene projiziert. Aufgrund des Projektions-theorems lässt sich dieser Vorgang im Prinzip umkehren; aus den Projektionen eines Objektes kann seine dreidimensionale Struktur berechnet werden (Abbildung 2).

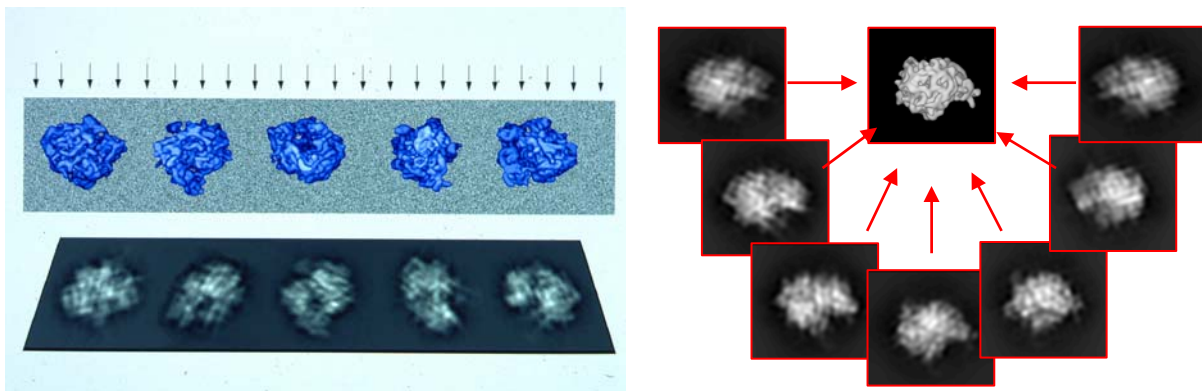


Abbildung 2: Projektion der Elektronendichte im EM (links) und Berechnung der Struktur durch Rückprojektion

Da die makromolekularen Komplexe auf dem EM-Grid zufällig angeordnet sind, müssen zuvor allerdings die Orientierungsparameter (Eulerwinkel, Verschiebung und Drehung in der Ebene) bestimmt werden. Bei der Einzelpartikel Methode („single Particle approach“) wird zudem angenommen, dass die Struktur aller Komplex identisch ist. Nur wenn diese Bedingung zumindest in erster Näherung erfüllt ist, kann eine sinnvolle, gemittelte Struktur aus tausenden bis hunderttausenden von Partikeln berechnet werden. Eine solche Mittelung ist notwendig, da bei der Kryo-EM von biologischen Präparaten nur mit einer sehr geringen Elektronendosis ($10 - 20$ Elektronen/Å²) gearbeitet werden kann, da ansonsten durch Strahlenschäden Artefakte bei der Bildaufnahme entstehen. Das daraus resultierende, schlechte Signal-zu-Rauschverhältnis in den Originalaufnahmen, kann dann durch die dreidimensionale Mittelung verbessert werden. Ist die Struktur des Komplexes gänzlich unbekannt, muss zunächst ein erste Struktur berechnet werden. Dies kann mit speziellen Verfahren geschehen, bei denen man die Probe im EM kippt und aus definierten, unterschiedlichen Richtungen Bilder der selben Stelle aufnimmt (Tomographie, „random conical Tilt“ Verfahren), aber auch durch statistische Klassifizierung von nicht-gekippten Bildern und der „common lines“ Methode, die darauf beruht, dass die Fouriertransformation der 2D Projektionen eines Objektes mindestens eine gemeinsame Linie haben müssen. Die Initiale Struktur kann sodann in einem iterativen 3D Projektionalignierungsverfahren verfeinert werden. Ist aus einem vorhergehenden Experiment bereits eine ähnliche Struktur vorhanden kann das 3D Projektionalignierungsverfahren direkt angewendet werden. Dabei werden Projektionen des Referenzvolumens mit dem Computer berechnet und in einer zweidimensionalen Suche mit den experimentellen Projektionen der Partikel verglichen (Abbildung 3). Aus dem

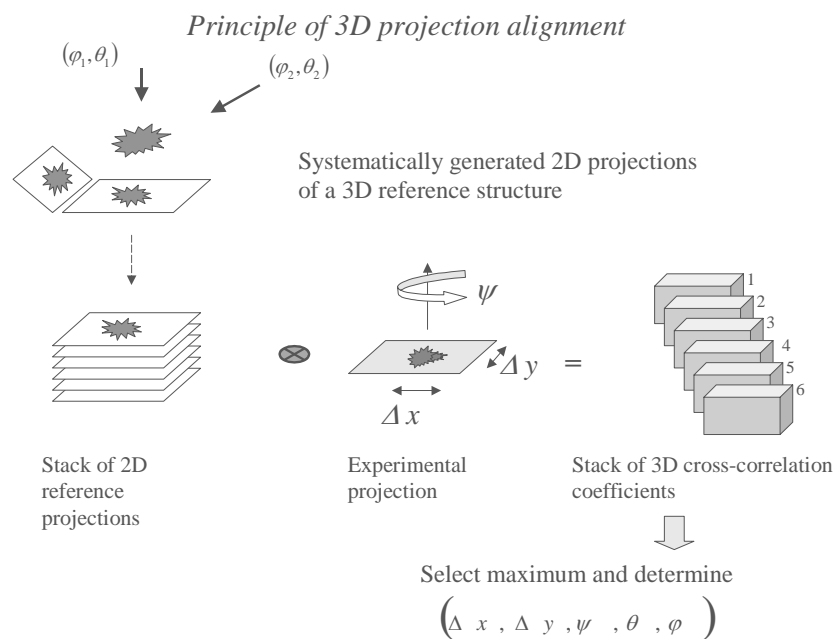


Abbildung 3: Prinzip der 3D Referenzprojektionsalignierung

Optimum der Korrelationsfunktion können die Orientierungsparameter berechnet werden. Durch Rückprojektion wird ein verbessertes Volumen berechnet, das sodann als Referenzstruktur für einen neue Runde des iterativen Verfahrens verwendet werden kann. Das iterative Projektionalignierungsverfahren bedarf einer großen Rechenleistung. Durch Parallelisierung (Computer Cluster) lassen sich aber selbst größere Datensätze ($>10^5$ Partikel) in akzeptabler Zeit (Wochen bis Monate) prozessieren.

Unter optimalen Bedingungen lassen sich zur Zeit Strukturen von makromolekularen Komplexen berechnen, die selbst im Falle von unsymmetrischen Komplexen eine die eine Auflösung deutlich im Subnanometerbereich (6-8 Å) haben können. Dies erlaubt die direkte Visualisierung von Sekundärstrukturelementen wie α -Helices von Proteinen. Aber auch bei schlechterer Auflösung kann durch das Anwenden von Hybridverfahren eine Kryo-EM Struktur molekular interpretiert werden. Ist die atomare Struktur einer Komponente oder eines Liganden des Komplexes durch hochauflösende Verfahren wie Röntgenstrukturanalyse oder NMR bekannt, kann die atomare Struktur in die Kryo-EM Dichtekarte eingepasst werden. Es wird geschätzt, dass die Genauigkeit Dockens 5-10 mal besser ist als die Auflösung der Kryo-EM Struktur. Bei einer Auflösung von z.B. 10 Å kann ein atomares Modell so mit einer Unsicherheit von nur 1-2 Å platziert werden, was die Bestimmung von Protein-Interaktionen im molekularen Maßstab erlaubt.

Die Strukturbestimmung eines makromolekularen Komplexes durch Kryo-EM ist sinnvoll ab einer Größe von ca. 200 kDa und kann auch für Komplexe mit einem Molekulargewicht von mehreren MDa angewendet werden. Vorteilhaft kommt hinzu kommt, dass keine Kristalle gebraucht werden, die benötigte Menge an Komplex im μg -Bereich liegt und die Komplexe unter physiologisch optimalen Bedingungen visualisiert werden können. Theoretisch liegt die erreichbare Auflösung der Kryo-EM im atomaren Bereich. Aber auch bei mittlerer Auflösung können biologisch sehr wertvolle Informationen über makromolekulare Komplexe, Ligandenbindestellen und große Konformationsänderungen erhalten werden.

Proteinbiosynthese und Translationskontrolle

Ziel meiner Arbeitsgruppe ist die Analyse von Struktur und Dynamik makromolekularer Komplexe und Maschinen. Ein biologischer Schwerpunkt liegt dabei auf dem Verständnis von Proteinbiosynthese und Regulation der Genexpression auf dem Niveau der Translation. Um Proteinbiosynthese auf molekularem Level zu verstehen, klären wir in unserer Arbeitsgruppe die Struktur von funktionell definierten Zuständen des Translationsapparates mit Kryoelektronenmikroskopie auf. Ein Hauptaugenmerk liegt dabei auf eukaryontischen Ribosomen, über die im Vergleich zu bakteriellen Ribosomen deutlich weniger Information vorhanden ist, sowie auf der strukturellen Analyse der Regulation der Proteinbiosynthese.

Die Proteinbiosynthese ist ein zentraler Schritt in der Genexpression und von essentieller Bedeutung in allen Lebewesen. Die Translation der genetischen Botschaft wird durch Ribosomen bewerkstelligt. Ribosomen (i) binden zur Initiation an das Startkodon, (ii) selektieren die kognaten tRNAs und katalysieren die Bildung der Peptidbindungen in der Elongationsphase und (iii) terminieren die Proteinbiosynthese am Stoppkodon. Die drei funktionellen Phasen der Translation werden durch Translationsfaktoren kontrolliert. Das Ribosom ist ein Paradebeispiel für eine molekulare Maschine und durchläuft mehrere Konformationsänderungen, die aktiv am Mechanismus der Teilschritte der Proteinbiosynthese beteiligt sind, z.B. bei der tRNA Translokation. Strukturuntersuchungen von Ribosomen und ribosomalen Komplexen tragen entscheidend zum Verständnis des molekularen Mechanismus der Proteinsynthese bei. Als Beispiele ist in Abbildung 4 die Kryo-EM Struktur des Elongationsfaktors eEF2 gebunden an das 80S Ribosoms aus Hefe gezeigt.

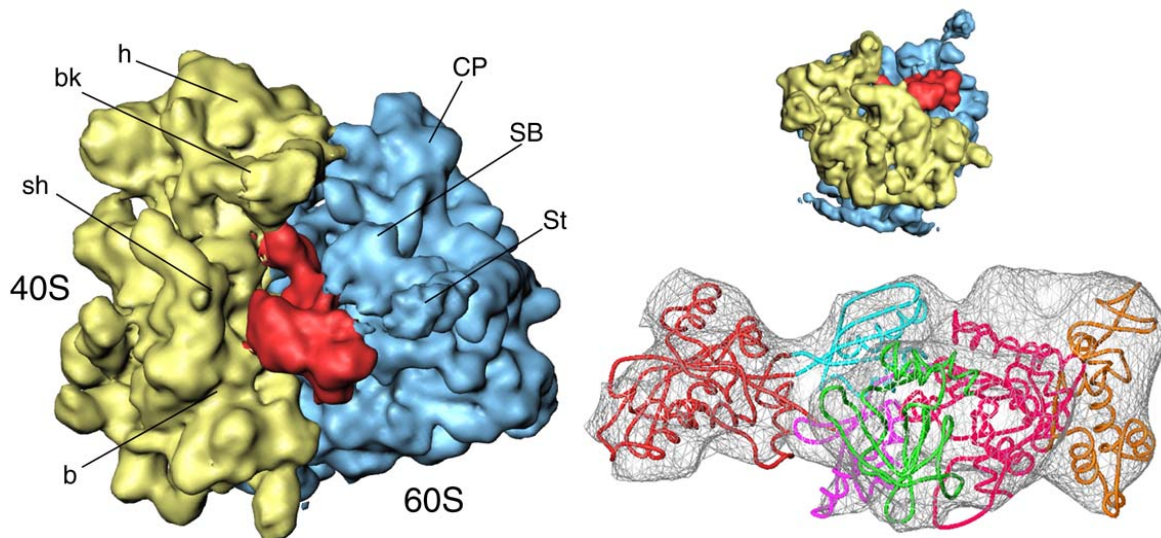


Abbildung 4: Der 80S-eEF2-Sordarin Komplex aus Hefe bei 12 Å Auflösung (Spahn et al., 2004, EMBO J 23:1008). Links ist die Gesamtstruktur zu sehen mit eEF2 in rot, der 40S Untereinheit in gelb und der 60S Untereinheit in blau. Rechts ist die isolierte Dichte für den Faktor eEF2 gezeigt, in die ein atomares Modell für die Struktur des Faktors gedockt wurde.

Es zeigt sich immer mehr, dass nicht nur die Regulierung der Genexpression auf dem Level der Transkription wichtig ist, sondern darüber hinaus auch die Translationskontrolle. Regulation der Genexpression auf dem Niveau der Translation ist von unmittelbarer medizinischer Relevanz bei der Krebsentstehung oder bei viralen Infektionen. Bei der Translationskontrolle können in *cis*-wirkende Sequenzabschnitte der mRNA das Verhalten des Ribosoms beeinflussen, z.B. bewirken IRESs („internal ribosomal entry sites“) die feindliche Übernahme der Translationsmaschinerie durch Viren in Eukaryonten. Auch in wichtigen zellulären

mRNAs sind IRESs gefunden worden, die die Genexpression auf dem Niveau der Translation regulieren. mRNA Sequenzabschnitte spielen auch eine Rolle bei der Translationskontrolle durch Translationsattenuation und Rekodierungs-Ereignissen (z.B. programmierte Leserasterverschiebungen oder Selenocystein-Inkorporation).

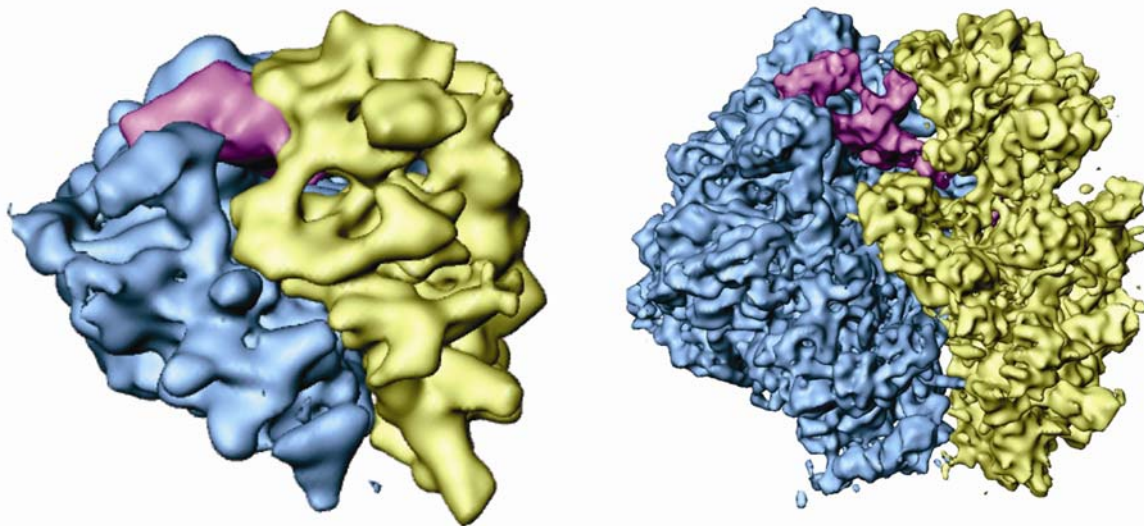


Abbildung 5: Kryo-EM Strukturen der ribosomen-gebunden IRES RNA aus dem „Cricket paralysis virus“. Links ist eine Struktur des humanen Ribosoms bei 17,5 Å Auflösung zu sehen (Spahn et al., 2004, Cell 118:465), recht eine deutlich verbesserte Struktur des 80S Ribosoms aus Hefe bei 7 Å Auflösung (Schüler, Connell, Spahn, unveröffentlicht). Das IRES ist violett gefärbt, die ribosomale 40S Untereinheit gelb und die 60S Untereinheit blau.

Der Mechanismus, durch den diese in *cis*-wirkenden Abschnitte der mRNA wirken, ist weitestgehend unbekannt. In vielen Fällen scheinen jedoch nicht die Primärsequenz, sondern die Sekundärstruktur und die dreidimensionale Faltung der RNA von ausschlaggebender Bedeutung zu sein. Der Schlüssel zu ihrem Verständnis liegt in ihrer Struktur und der spezifischen Interaktion mit dem Translationsapparat. Ein erstes Beispiel hat gezeigt, dass die IRES RNA des Hepatitis C Virus Konformationsänderungen in der ribosomalen 40S Untereinheit induziert (Spahn et al., 2001, Science 291:1959). Auch das zweite von uns untersuchte IRES, das aus einem Insektenvirus stammt, greift aktiv in die Konformation des Ribosoms ein (Abbildung 5). Auch andere Signalstrukturen der mRNA könnten daher aktiv den Translationsapparat manipulieren, um so ihre physiologischen und patho-physiologischen Funktionen auszuüben. Weitere Strukturuntersuchungen werden zum Verständnis der Proteinbiosynthese und der Translationskontrolle beitragen. Des weiteren können die Ergebnisse für Genomics- und Proteomics-Anwendungen relevant werden und sogar Bedeutung in der Medizin erlangen, indem neue Ziele für z.B. antivirale Medikamente vorgeschlagen werden.

Prof Dr. Christian M. T. Spahn
Institut für Medizinische Physik und Biophysik
Charite – Universitätsmedizin Berlin
Ziegelstr. 5-9
D-10117 Berlin

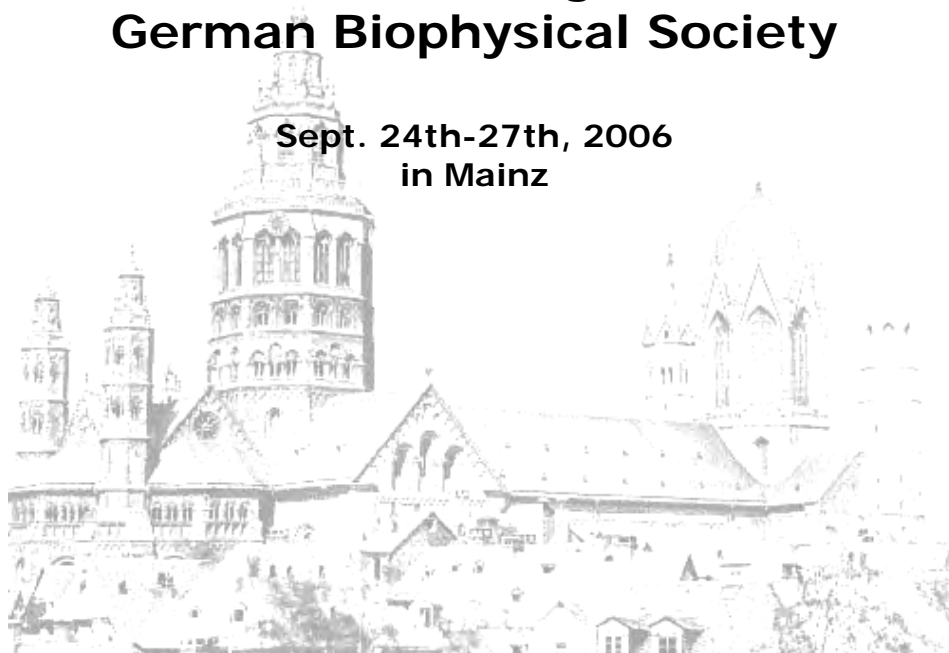
Phone: +49-30-450-524131
Fax: +49-30-450-524931
e-mail: christian.spahn@charite.de

4. Tagungshinweise



Annual Meeting of the German Biophysical Society

Sept. 24th-27th, 2006
in Mainz



Sessions:

Cell Biophysics
Membrane Biophysics
CryoTEM based structures
Spectroscopy and Microscopy
Protein function and regulation: cooperativity and allostery

Deadlines for registration and abstracts:

July 1st, 2006

Homepage: www.biophysiktagung2006.uni-mainz.de

Organization:

Heinz Decker, University of Mainz
Andreas Janshoff, University of Mainz
Wolfgang Knoll, Max-Planck-Institute for Polymer Research

Speakers:

Kensal E. van Holde
Fritz G. Parak
Nadja Hellmann
Jürgen Markl
Christian Spahn
Erich Sackmann
Helmut Grubmüller
Alfred Blume
Claudia Steinem
Thomas Heimburg
Günter Fuhr
Joachim Wegener
Eva Sinner
Dario Anselmetti
K.-P. Hofmann
Ulrich Kubitschek
Jörg Enderlein
Robert Gennis



9th International Summer School on Biophysics

SUPRAMOLECULAR STRUCTURE AND FUNCTION

[Rovinj](#) (Red Island), [Croatia](#)

16 - 28 September 2006

<http://www.irb.hr/biophysics>



Partial list of lecturers

Jens S. Andersen, University of Southern Denmark,
Odense, Denmark

Wilhem Ansorge, EMBL, Heidelberg, Germany*

Jose Luis Arrondo, University of Basque Country,
Bilbao, Spain*

Luis Bagatolli, University of Southern Denmark,
Odense, Denmark*

Nenad Ban, ETH, Zürich, Switzerland*

Steven G. Boxer, Stanford University, USA*

Roger Brent, The Molecular Sciences Institute, Berkeley, USA

Linda Buck, University of Washington, Seattle, USA

Jo P.G. Butler, MRC, Cambridge, UK*

Charles Cantor, Sequenom Inc. San Diego, USA*

Ivan Đikić, Göthe University, Frankfurt Am Main, Germany*

László Forró, The Institute of Physics of Complex Matter, ETH, Lausanne, Switzerland

Pierre Gilles de Gennes, Institut Curie, Pariz, France*

Astrid Graeslund, Stockholm University, Sweden*

Angela M. Gronenborn, National Institutes of Health, Bethesda, USA*

Michael Karas, University of Frankfurt, Germany

Gerhard Klebe, Marburg University, Germany*

Werner Kühlbrandt, MPI, Frankfurt Am Main, Germany*

John Ladbury, University College London, UK*

Jean-Marie Lehn, ISIS/ULP, Strasbourg Cedex, France

Cees Otto, University of Twente, The Netherlands*

Miroslav Radman, Paris University V, Paris, France*

Ian Smith, National Research Council Canada, Winnipeg, Canada*

Heinz-Jürgen Steinhoff, University of Osnabrück, Osnabrück, Germany*

Igor Štagljar, University of Zurich-Irchel, Zürich, Switzerland*

Shoshana J. Wodak, CBSB, Brussels, Belgium*

* confirmed

Structure of biological macromolecules

- proteins and their multidomain organizations
- nucleic acids: from DNA structure to human gene
- supramolecular assemblies
- lipoproteins
- membranes
- ribosomes

Supramolecular interactions

- with small ligands
- in biological / artificial membranes

- **in drug design**

Major techniques in biophysics

- **diffraction and scattering techniques**
- **magnetic resonance spectroscopies**
- **fluorescence spectroscopy**
- **mass spectroscopy**
- **microscopic techniques**
- **computational techniques in biophysics**

Bioinformatics

- **genomics and proteomics**
- **macromolecular modeling**

Applied biophysics

- **molecular mechanics**
- **single molecule biophysics**
- **nanotechnology and biophysics**



Welcome to Montpellier'2006 Home page



Scanning Probe Microscopy, Sensors and Nanostructures

June 3-6, 2006

Palais des Congrès, La Grande Motte, France

www.congres-lagrandemotte.com

On Friday June 2nd, from 19h : registration of the participants and dinner buffet.
End of the conference : Tuesday June 6th, after lunch.

5. Reiseberichte der Stipendiaten



Montpellier, August 27th - September 1st, 2005
15th IUPAB, 5th EBSA international
biOphysics
congresS

Matthias Janke

Institut für Physikalische Chemie der Johannes Gutenberg-Universität, Mainz

Sehr geehrter Herr Professor Galla,
nochmals vielen Dank für das Stipendium, der Aufenthalt war sehr schön und wird sicherlich zu den „Highlights“ meiner Promotion gehören.

Reisebericht

Aufgrund des Reisestipendiums von der DGfB konnte ich an dem internationalen Biophysik Kongress in Montpellier vom 27.08 bis zum 01.09 teilnehmen. Diese Tagung wurde zum ersten Mal gemeinsam von der International Union for Pure and Applied Biophysics (IUPAB) und der European Biophysical Societies Association (EBSA) veranstaltet. Dadurch entpuppte sich der Kongress mit über 1300 Teilnehmern von 59 Ländern zu einer der größten und wichtigsten Biophysik Veranstaltungen auf europäischem Boden. Für mich war dies die erste Teilnahme an einer internationalen Tagung, daher war ich vor der Anreise voller Erwartungen und Enthusiasmus. Durchaus imponierend war die Ankündigung, dass zwei Nobelpreisträger (Kurt Wüthrich und Pierre Gilles de Gennes) Vorträge halten würden, aber auch das Kongresszentrum selbst, unter normalen Umständen ein Theater („Le Corum“), war sehr beeindruckend.

Leider erwies sich die Opening Lecture als etwas enttäuschend, da sie zu langatmig und zu wenig engagiert vorgetragen wurde. Dies war aber sicherlich auch auf die vielleicht zu hohen Erwartungen zurückzuführen. Am nächsten Tag wurden diese jedoch gleich zu Anfang mit der plenary lecture von Jim Barber aus London über den wasserspaltenden Proteinkomplex PS II in vollem Umfang erfüllt. Der Vortrag vermittelte einen sehr interessanten Überblick über die komplizierte Struktur dieses Proteinkomplexes, mit seinen zahlreichen Protein-Untereinheiten und bemerkenswerten Details über deren Funktion. Abgerundet wurde das ganze durch ein schönes Zitat von Jules Vernes über die Bedeutung der Spaltung des Wassers für die Menschheit.

Der direkt folgende Vortrag von S. Hell aus Göttingen mit dem Titel „*fluorescence nanoscopy*“ war für mich der am meisten beeindruckende Vortrag der gesamten Tagung. Die Errungenschaft, Abbe'sches Auflösungslimit für optische Mikroskope durch STED- und GSD-Mikroskopie zu umgehen bzw. zu erweitern, das ist wirklich unglaublich!

Insgesamt gab es eine Vielzahl von Vorträgen, die zur besseren Übersichtlichkeit in 25 Kategorien unterteilt wurden. Für mich zählten *single molecule biophysics*, *from cell adhesion to organs*, *modelling molecules* und *protein folding* zu den interessantesten Themengebieten. Viele Vorträge waren sehr nützlich, nicht nur, weil mir so

mancher Vortrag einen kleinen Motivationsschub für meine eigene Arbeit gegeben hat, sondern auch den Blick über den Tellerrand erlaubte. Auch die über 900 Poster zeigten klare Einblicke in die Fragestellungen anderer Arbeitsgruppen, obwohl ihre große Anzahl fast ein wenig erdrückend erschien. Gespräche mit Forschern aus aller Welt waren sehr aufschlussreich und unterhaltsam, dabei konnten vielleicht auch Kontakte geknüpft werden, die evtl. zu einem kurzen Forschungsaufenthalt im Ausland führen werden.

Insgesamt bin ich sehr zufrieden mit dem Aufenthalt in Montpellier, die Atmosphäre war sehr angenehm und auch die wunderschöne Stadt Montpellier war ein perfekter Ort für solch eine Tagung. Weiter lobenswert ist die hervorragende Organisation der Veranstalter zu erwähnen (zu bemängeln war lediglich, dass die Nummerierung der Abstracts nicht im Programmheft auftauchte).

Ich möchte mich vielmals bei der DGfB für das Reisestipendium bedanken, vielleicht trifft man sich auf dem nächsten EBSA Kongress 2007 in London.

Alexander Spaar

Center for Bioinformatics Prof. Dr. Helms, Universität Saarbrücken

Report über den 15th IUPAB, 5th EBSA International Biophysics Congress, Montpellier 27. August – 1. September 2005.

Dieser Biophysik-Kongress wurde erstmals gemeinsam von der International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) und der European Biophysical Societies' Association (EBSA) veranstaltet mit der Absicht, ein möglichst großes Publikum anzusprechen. In der Tat kamen mehr als 1300 Wissenschaftler aus aller Welt, um sich über Fortschritte in den verschiedensten Bereichen der Biophysik zu informieren, zu diskutieren und natürlich auch um die eigenen Arbeiten in Form von Vorträgen oder Postern vorzustellen. Erfreulicherweise kamen sehr viele junge Wissenschaftler. Für die Plenarvorträge und die Symposia wurden hochkarätige Wissenschaftler eingeladen, unter ihnen auch Nobelpreisträger. Insgesamt wurden 25 Symposia veranstaltet, deren Schwerpunkte von Untersuchungen einzelner Moleküle, der Wechselwirkung zwischen Proteinen und Membranesysteme, bis hin zu Zellbiologie und Physiologie reichten.

In den letzten Jahren gab es sehr große Fortschritte im experimentellen, wie auch im theoretischen Bereich. So konnte Jim Barber mit Hilfe von Elektron-Mikroskopie und Röntgenkristallographie die Struktur des Photosystems II aufklären, um dadurch die Funktion dieses hochkomplexen Photosyntheseproteins zu verstehen. Mit sehr viel Aufwand wird auch die optische Mikroskopie weiterentwickelt. Stefan Hell fand eine Methode, um mit Hilfe von Lichtmikroskopen eine Auflösung von bis zu 16 nm zu erreichen, obwohl die klassische Auflösungsgrenze bei etwa 200 nm liegt. Dies ist dadurch möglich, dass die Probe in einem ringförmigen Bereich um den Fokus reversibel gebleicht und dadurch der Fokus verkleinert wird. Derzeit wird versucht, noch kleinere Auflösungen zu erreichen. Neben den Mikroskopie-Techniken ist auch die Kryoelektronen-Tomographie zu einem äußerst mächtigen Werkzeug für die Abbildung von zellulären Komplexen geworden. Die Arbeitsgruppe von Wolfgang Baumeister ist eine der führenden in diesem Gebiet, dort sind dreidimensionale Aufnahmen bis zu einer Auflösung von einigen Nanometern möglich. Auch er versucht,

in den nächsten Jahren die Auflösungsgrenze noch deutlich reduzieren zu können. Gerd Nienhaus stellte seine Arbeiten über Bindung von Liganden an Neuroglobin vor. Er benutzte Techniken wie die zeitaufgelöste optische und Infrarotspektroskopie und Röntgenkristallographie, um die Funktion dieses Proteins zu verstehen. Derzeit ist die genaue Funktion nicht bekannt, es wird eine Funktionsweise als Sauerstoffsensoren vermutet. Im theoretischen Bereich stellte Robert Russel Methoden vor, um mit Hilfe von statistischen Techniken Vorhersagen über die Wechselwirkung zwischen Proteinen zu machen. Durch die größere Leistungsfähigkeit der Computer ist nun auch die Simulation von sehr großen Molekülsystemen möglich. So präsentierte Helmut Grubmüller Molekulardynamik-Simulationen, die es ermöglichten, die Funktion der Titin-Kinase als Kraftsensor zu verstehen. Außerdem wurde erstmalig der Einfluss von Farbstoffen, wie sie zur Detektion von Molekülen benutzt werden, auf die Bewegung von Proteinen mit Hilfe von Simulationen untersucht. Erfreulicherweise wurde die Beweglichkeit des Proteins durch diesen Farbstoff nicht wesentlich eingeschränkt.

Dies sind einige Beispiele für die beeindruckenden Neuerungen und Weiterentwicklungen in dem stetig wachsenden Bereich der Biophysik, die auf diesem Kongress vorgestellt wurden. Neben den genannten Vorträgen waren für mich vor allem die Symposia über die Modellierung von Molekülen und von komplexen Molekülsystemen interessant, da ich selbst auf diesem Gebiet arbeite.

An den Ergebnissen, die ich auf dem Kongress auf meinem Poster vorstellte zeigte sich vor allem eine Privatdozentin von der FU Berlin, Dr. Ulrike Alexiev, interessiert. Sie untersucht die Dynamik und die Konformationsänderungen von Transmembranproteinen auf der Piko- bis Nanosekunden-Zeitskala mittels zeitaufgelöster Fluoreszenz-Depolarisation. Da das von mir benutzte und weiterentwickelte Programm für die Simulation der diffusiven Assoziation von Proteinen auch die Untersuchung von großen Systemen wie in Lipidmembranen eingebettete Proteine ermöglicht, haben wir eine Zusammenarbeit vereinbart, bei der ich von ihr untersuchte Systeme, wie GPCR (G-protein coupled receptor), mit Brownsche-Dynamik Simulationen untersuchen will.

Stephan Schäfer

BiInnovationsZentrum, Experimental Biophysics Group, TU Dresden

Ich möchte mich noch einmal sehr herzlich für das Reisestipendium zum Besuch des *International Biophysics Congress* in Montpellier bei Ihnen und der Deutschen Biophysikalischen Gesellschaft bedanken. Es ermöglichte mir den Besuch dieser sehr interessanten Tagung, die neben ihrer inhaltlichen Vielfalt gerade auch durch den hohen Anteil an außereuropäischen Wissenschaftlern beeindruckend für mich war.

Erstaunlich war die gezeigte Bandbreite an wissenschaftlichen Themen, von der Entwicklung u.a. optischer Untersuchungsmethoden über die Erforschung von einzelnen Biomolekülen und intrazellulären Strukturen bis hin zur Betrachtung der Physiologie ganzer Organismen.

Diese Vielzahl an Forschungsgebieten wurde von hochkarätigen Forschern, vorwiegend aus Europa, zu einem großen Teil auch aus Nordamerika und Asien vorgestellt. Dabei waren die Vorträge zum überwiegenden Teil gut verständlich und interessant.

Insbesondere durch die Plenarvorträge hat sich für mich die Teilnahme an der Konferenz schon gelohnt: Nennen möchte ich u.a. Jim Barbers Einführung in die Aufklärung der Struktur des PSII-Photosynthese-Reaktionszentrums, Stefan Hells Präsentation der optischen Nano-Mikroskopie und natürlich Petra Schwilles Vortrag über *in-situ*-Anwendungen der Einzelmolekülspektroskopie.

Die Gespräche mit Wissenschaftlern, die ich hauptsächlich mit befreundeten Doktoranden und Post-Docs aus verschiedenen Ländern führte, waren sehr ergiebig und brachten interessante Einblicke in den jeweiligen Forscher-Alltag. So erhöhte sich mein Respekt gegenüber (Jung)forschern in den Ländern Osteuropas erneut, die dort unter eigentlich unzumutbaren (materiellen) Bedingungen wissenschaftlich arbeiten. Der hohe Anteil an biophysikalisch arbeitenden Wissenschaftlern aus dem asiatischen Raum zeigte mir, welche Rolle dort die Biophysik beigemessen bekommt, aber auch, welche Konkurrenz zur „westlichen“ Forschungswelt dort heranwächst. Nicht vergessen möchte ich, dass während der Poster-Sessions und darüber hinaus auf sehr angenehme Weise für einen kulinarischen Rahmen gesorgt wurde, der nur bei Milchallergikern und Verächtern französischer Weine keinen Beifall gefunden haben dürfte.

Neben dem wissenschaftlichen Fachprogramm trug auch das für seine Historie bekannte Montpellier mit seiner Lage am Mittelmeer (und das hervorragende Wetter) dazu bei, dass die Konferenz allen Teilnehmenden sicherlich in bester Erinnerung bleiben wird.

Mit freundlichen Grüßen,
Stephan Schäfer

Lars Meinhold

Interdisziplinäres Zentrum für Wissenschaftliches Rechnen, Ruprecht-Karls-Universität, Heidelberg

Sehr geehrter Herr Galla,

ich möchte mich an dieser Stelle nochmals bei Ihnen sowie den Mitgliedern der Deutschen Gesellschaft für Biophysik für die Gewährung des Reisestipendiums zur Teilnahme am International Biophysics Congress in Montpellier bedanken. Die Teilnahme an dieser Tagung war für mich nicht nur aus fachlicher Sicht sehr interessant und nutzbringend, sondern hat auch eine Anzahl angenehmer persönlicher Eindrücke hinterlassen.

Die Auswahl an Themengebieten und Plenarvorträgen stellte an sich schon eine interessante Liste dar, welchen Gebieten (oder auch Personen) zur Zeit besondere Aufmerksamkeit gewidmet wird. Dies war für mich insofern von Bedeutung, da ich am Ende meiner Doktorarbeit angelangt und damit auch auf der Suche nach neuen Tätigkeitsfeldern bin. So war es auch eine günstige Gelegenheit, die zu mir bekannten Namen gehörenden Gesichter zu sehen und einen persönlichen Eindruck von den Akteuren zu bekommen.

Die Organisation der Vorträge in maximal drei parallele Symposia ermöglichte mir fast immer, die Vorträge zu besuchen, welche für mich von besonderem Interesse waren. Von den einzelnen Symposia waren aufgrund der Nähe zu meiner eigenen Arbeit *Protein Reactivity and Dynamics*, *Modelling Molecules* und *Protein Folding*

von besonderem Interesse. Aber auch die *Modelling Complex Systems* und *Single Molecule Biophysics* Symposia boten eine Reihe von sehr guten und lohnenswerten Vorträgen. Aus meiner Sicht sehr beeindruckende Vorträge boten Pal Ormos (Light generated and light driven micromachines for single particle manipulation) und Wolfgang Baumeister (Mapping molecular landscapes inside cells by cryoelectron tomography).

Überrascht war ich von der großen Resonanz, welche die drei Postersessions gefunden haben. Während ich auf allen Tagungen, welche ich bisher besuchte, stets ausreichend Zeit fand fremde Poster zu diskutieren, reichte diesmal auch die Zeit außerhalb der eigentlichen Postersessions nur dafür aus, einen Teil der vielen, vorher im European Biophysics Journal ausgewählten, Poster zu besuchen. Von den vielen Fragen und Kritiken zu meinen eigenen Postern war ich gleichermaßen überrascht wie erfreut, und werde einige der Anregungen aufnehmen. Nebenbei sei auch erwähnt, dass sich aus einigen der Gespräche Ideen und Vorhaben zu Kollaborationen entwickelten.

Bleibt mir noch anzuführen, dass Montpellier natürlich auch außerhalb des Tagungszentrums ein angenehmer Ort ist, um gemeinsam durch Gassen zu spazieren und in kleinen Cafes Kaffee oder Wein zu trinken und die französische Küche zu genießen; und dabei nicht nur über Wissenschaft zu reden sondern auch freundschaftliche Kontakte zu knüpfen und bereits existierende Bekanntschaften zu vertiefen. Meiner Meinung nach kommt diesem Networking ein ebenso hoher Stellenwert zu wie dem eigentlichen wissenschaftlichen Programm, da diese Gespräche vielseitiger und oft auch offener sind -- und ein Glas Wein bekanntlich die Fantasie und Kreativität beflügelt, welcher wir alle nicht nur für die Forschung bedürfen.

Ich möchte diesen Bericht, in Anlehnung an die Tagung, mit dem Hinweis auf den sechsten Biophysics Congress 2007 in London schließen und denke, dass viele Doktoranden sich über die Gewährung eines Reisestipendiums durch die DGfB sehr freuen würden und, so wie ich diesmal, in ihrer eigenen Arbeit davon profitieren werden.

Ich bedanke mich und verbleibe mit freundlichen Grüßen,

Lars Meinhold.

Frank Sommerhage

Institut für Schichten und Grenzflächen, Forschungszentrum Jülich

Sehr geehrter Herr Professor Dr. Galla,

noch einmal möchte ich mich herzlich bei Ihnen und der DGfB für das mir gewährte Reisestipendium zum 5th European Biophysics Kongress in Montpellier bedanken.

Die Tagung war für mich ein voller Erfolg. Die vielen aufschlussreichen Vorträge aus allen denkbaren Bereichen der Biophysik waren äußerst interessant und haben mich zum Teil auch in Bezug auf meine Arbeit weitergebracht.

Gleiches gilt auch für die unzähligen Poster. Leider war es mir in der kurzen Zeit nicht möglich alle 997 Poster eingehend zu studieren. Einige haben mir jedoch viel versprechende experimentelle Ansätze für meine zukünftige Arbeit ermöglicht, denen ich in nächster Zeit nachgehen werde.

Außerdem konnte ich unter den ca. 2000 Teilnehmern einige Kontakte zu Arbeitsgruppen und Firmen in Europa sowie der ganzen Welt zu knüpfen.

Die Planung des Kongresses schien mir rundum gelungen und abwechslungsreich. Montpellier selbst ist eine wunderschöne Stadt, die ich zusammen mit anderen Kongressteilnehmern besichtigt habe. Ich bin sehr froh, dass mir dank der finanziellen Unterstützung der DGfB die Teilnahme am 5th European Biophysics Kongress in Montpellier ermöglicht wurde.

Kerstin Wagner,

Max-Planck-Institut für Kolloid- und Grenzflächenforschung, Potsdam

Sehr geehrter Prof. Galla,

zunächst einmal möchte ich mich bei Ihnen und der gesamten Deutschen Gesellschaft für Biophysik recht herzlich bedanken für die finanzielle Unterstützung bei der Teilnahme am Internationalen Biophysik-Kongress, der dieses Jahr vom 27. August bis 01. September in Montpellier stattgefunden hat. Mit Ihrem Reisestipendium von € 300,00 konnten nicht nur die Fahrtkosten, sondern auch die Kosten für die Unterkunft im Studentenwohnheim beglichen werden. Ihrem Wunsch nach einem Bericht über meine Erfahrungen auf dieser Tagung komme ich nicht zuletzt deshalb gerne nach.

Mein Interesse für diese Tagung war zu Beginn dieses Jahres geweckt worden, als sich in meiner Arbeit mit Phospholipase D an Lipidmonoschichten die entscheidende Bedeutung von Phasenseparation in Membranen für die Enzymaktivität an der Grenzfläche andeutete. Infolgedessen richtete sich mein Augenmerk erneut auf das Thema der Domänenbildung in biologischen Membranen. Die Sitzung mit dem Thema „Mikrodomänen“ war deshalb der Ausgangspunkt für mein Interesse an dieser Konferenz. In der Tat waren die Vorträge zu diesem Thema sehr spannend. Gerrit van Meer hat mit seiner Präsentation über „Cellular Lipidomics“ die Verbindung zur Biochemie, dem Fach das ich studiert habe, hergestellt; und Ole G. Mouritsen hat mich vor allem mit der Darstellung der neusten Erkenntnisse über die Aktivität von Phospholipase A₂ im Zusammenhang mit Membranstruktur aufhorchen lassen und in meiner eigenen Arbeit bestätigt. Ich habe deshalb sehr bedauert, dass ich nicht die Möglichkeit hatte mit ihm zu sprechen, ebenso wie die Tatsache, dass die Diskussionen im Anschluss an zahlreiche Vorträge nie richtig in Gang kommen wollten. Aber dafür war diese Tagung vielleicht auch zu groß.

Andererseits hatte das den Vorteil, dass auch viele internationale Wissenschaftler zugegen waren. So habe ich zum Beispiel in der schon genannten Sitzung zum ersten Mal von Akihiro Kusumi und der „Hop Diffusion“ gehört. Ebenso neu wie interessant war für mich auch das Thema „Molecular Crowding“, zu dem Allen P. Minton eine tolle Einführung gegeben hat. Thomas Heimburg hat dazu dann in seinem Vortrag den unmittelbaren Zusammenhang mit Phänomenen an der Membranoberfläche hergestellt und dabei auch Monolagen-Experimente beschrieben. All diese Aspekte haben mich sehr zum Nachdenken und Nachlesen angeregt, weil sie für mich neue Sichtweisen auf Membranphänomene sind.

Da man auch als Doktorand häufig im Lehrbetrieb eingesetzt wird, hatte der Abschnitt „Teaching Biophysics“ mich neugierig gemacht. In der Tat war es ein Erlebnis, dabei zu sein, wie Richard D. Ludescher das Fachpublikum (auch mich) mit einer einfachen Fallstudie aus der Grundvorlesung „Physikalische Chemie“ zum Schwitzen gebracht hat. Bleibenden Eindruck haben außerdem zwei Vorträge zu biophysikalischen Methoden bei mir hinterlassen: der von Stefan Hell, der das Konzept der Fluoreszenz-Nanoskopie auch für Nicht-Physiker, wie ich finde, verständlich erklärte, und Petra Schwille, die in ihrem Plenarvortrag vor allem mit der Breite der Fragestellungen, die mit Fluoreszenz-Korrelationsspektroskopie bearbeitet werden können, beeindruckte.

Während der Poster-Session hatte ich auch die Gelegenheit, mit einer Postdoktorandin aus Petra Schwilles Arbeitsgruppe sehr ausführlich sowohl über mein als auch ihr Projekt zu diskutieren. Diese Gespräche haben mich nicht nur auf neue Ideen für zukünftige Experimente gebracht, sondern ich wurde auch eingeladen, ihr Labor in Dresden einmal zu besuchen, was ich bei nächster Gelegenheit tun werde. Durch mein Poster wurde es außerdem möglich, einen Doktoranden aus Halle/Saale kennen zu lernen, der seit kurzem mit Phospholipase D aus Pflanzen arbeitet. Ich hoffe sehr, dass dieser Kontakt auch in Zukunft zu einem regen Austausch führen wird. Insgesamt muss ich feststellen, dass mir das Zuhören und Diskutieren mit anderen Biophysikern eine bessere Vorstellung davon gegeben haben, in welche Richtung ich mein Projekt steuern sollte und welche meiner Ideen realisierbar sein könnten. Da ich derzeit im Umfeld der physikalischen Chemie arbeite, war es für mich besonders motivierend mein Thema im biochemisch-biophysikalischen Kontext zu sehen.

Leider war es teilweise sehr schwer, angesichts der großen Anzahl an Teilnehmern und Postern den Durchblick zu behalten und jeden interessanten Gesprächspartner anzutreffen. Deshalb hätte ich mir nicht nur ein Stichwortverzeichnis sondern auch mehr Zeit für Diskussionsrunden gewünscht. Außerdem hingen manche Poster buchstäblich im Dunkeln, obwohl das Kongresszentrum in Montpellier einen hervorragenden Rahmen für den Internationalen Biophysik-Kongress geboten hat. Die zentrale Lage des Veranstaltungsortes nahe der Altstadt bot außerdem die Gelegenheit für zahlreiche informelle Treffen mit anderen Konferenzteilnehmern an den Abenden nach den Vorträgen.

Auch wenn mir sicher während der Parallelsitzungen einige hochinteressante Vorträge aus weiteren Bereichen der Biophysik entgangen sind (Ihnen wird sicher aufgefallen sein, dass dieser Bericht sehr vom Thema Lipidmembranen dominiert wird), so war meine Teilnahme am Internationalen Biophysik-Kongress 2005 doch eine große Bereicherung für mich, und ich bedanke mich noch einmal vielmals bei der Deutschen Gesellschaft für Biophysik, dass sie diese unterstützt hat.

Herzliche Grüße,
Kerstin Wagner