



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

Rundschreiben 2/2006

**Inhalt**

1. In eigener Sache
2. Grußwort des Vorsitzenden der DGfB, Prof. Dr. Eberhard Neumann  
Grußwort des neuen Vorsitzenden der DGfB, Prof. Dr. Klaus Peter Hofmann
3. Protokoll der Mitgliederversammlung 2006
4. Quo Vadis Biophysics in Germany
5. Eine Arbeitsgruppe stellt sich vor (Daniel Huster, Halle)
6. Tagungshinweise
7. Mitglieder

**Anschrift des DGfB-Sekretariats:**

Professor Dr. Hans-Joachim Galla  
Westfälische Wilhelms-Universität  
Institut für Biochemie  
Wilhelm-Klemm-Str. 2  
48149 Münster

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

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 Mitglieder der DGfB!

Wie Sie alle wissen, haben wir auf der letzten Mitgliederversammlung in Mainz den neuen Vorstand und somit nach vier Jahren satzungsgemäß auch einen neuen Sekretär bzw. jetzt eine Sekretärin gewählt. Ich möchte mich daher in meiner Funktion als Sekretär der DGfB verabschieden, werde aber natürlich weiter aktiv in unserer Gesellschaft tätig sein. Allen, die zum Gelingen der Rundschreiben beigetragen haben, möchte ich recht herzlich für ihre Beiträge danken. Den Kollegen/Kolleginnen im Vorstand und in den Sektionen sei an dieser Stelle ebenfalls gedankt, die Zusammenarbeit hat mir immer viel Spaß gemacht. Ich habe mich allerdings manchmal gefragt, ob ich die richtige Person als Sekretär bin. Bei solchen Überlegungen bin ich dann zu dem Schluss gekommen, bedingt ja, aber nur, weil hinter dem Sekretär eine engagierte Sekretärin stand. Deswegen gilt mein besonderer Dank meiner Sekretärin, Frau Antje Wiese. Ohne ihren steten Einsatz und die kontinuierliche Ermahnung hätte der Sekretär wohl kaum seine Aufgabe zur Zufriedenheit aller erledigen können.

Ich wünsche meiner Nachfolgerin im Amt, Ulrike Alexiev, eine erfolgreiche Arbeit und stehe gerne auch noch beratend zur Verfügung. Dem neuen Vorstand wünsche ich eine glückliche Hand bei der Führung der Geschäfte, was in der heutigen Zeit neben den unendlichen Evaluationen, der Pflicht zur Selbstdarstellung der Exzellenz auf allen Ebenen und im „Dschungel“ der sich ständig erneuernden und assemblierenden wissenschaftlichen Gesellschaften nicht einfach ist. Ich sehe aber die DGfB mit ihrer überschaubaren Zahl an hoch motivierten und engagierten Mitgliedern auf dem richtigen Weg.

Ich bin jetzt eines dieser Mitglieder und lehne mich ohne offizielles Amt etwas entspannter zurück.

Bleibt mir nur noch, allen ein geruhsames Weihnachtsfest zu wünschen. Für 2007 eine erfolgreiche Forschung, die Spaß macht und neue Erkenntnisse bringt, vielleicht auch ohne den ständigen Blick auf Impactfaktoren. Kreativität ist aus meiner Sicht im Wesentlichen eine Frage der gedanklichen Freiheit, die sollten wir uns an den Universitäten und Forschungsinstituten erhalten.

Zum Schluss noch ganz privat einen herzlichen Gruß von mir.

Hajo Galla

## **2. Grußwort des Vorsitzenden, Professor Dr. Eberhard Neumann**

Liebe DGfB'ler,

Zum Abschluss meiner fast vierjährigen Amtszeit (2003-2006) als Erster Vorsitzender der Deutschen Gesellschaft für Biophysik ein letztes offizielles Präsidialgrußwort. Zunächst ein Wort des Dankes an meine Vorstandskollegen für Ihre stets wohlwollend kritische und konstruktive Mitarbeit bei der Ausführung der Vorstandsfunktionen. Unsere steten Aufforderungen, sich persönlich um neue Mitglieder zu bemühen, haben vielfältig Früchte getragen, insbesondere bei den so beliebten Sektions-Tagungen in Hünfeld und Gomadingen und den DGfB-Jahres-Tagungen in Freiburg und Mainz.

Noch ein Wort zur Diskussion um den neuen biowissenschaftlichen Dachverband „Verbund biowissenschaftlicher und biomedizinischer Gesellschaften“ (vbbm), dem wir angehören und dessen sozio-politwissenschaftliche Rechtfertigung, Legimitation und Aktivitäten in Mainz lebhaft diskutiert worden waren.

Zum guten Schluss möchte ich noch sagen, dass ich meine Aufgaben als Präsident gern wahrgenommen habe und auch gern noch obligatorisch als Stellvertreter aktiv sein werde. Ich bedanke mich für das mir entgegengebrachte Vertrauen und bitte, auch den neuen ersten Vorsitzenden, Professor Klaus-Peter Hofmann, solidarisch zu begleiten.

Prof. em. Dr. Eberhard Neumann (Prof. h.c. Drs. h.c.)

## **Grußwort des neuen 1. Vorsitzenden**

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

zuerst möchte ich Eberhard Neumann und dem „alten“ Vorstand für die kompetente Führung des DGfB-Schiffchens danken. Wir werden uns bemühen, ihre gute Arbeit fortzusetzen.

Dank auch an die Organisatoren der gut besuchten Sektions-Tagungen in Hünfeld und Gomadingen und der DGfB-Jahres-Tagungen in Freiburg und Mainz. Wir hatten eine Reihe von erstklassigen Rednern und interessante Vorträge und Diskussionen.

Manche Sitzungen waren in ihrer ausgewogenen Mischung aus Übersicht und Vertiefung beispielhaft. Neue Formate wurden erprobt, die einer kompakten, überschaubaren Gesellschaft wie der unseren angemessen sind. Dazu gehört die „Quo vadis Biophysics“-Diskussion, die eine Idee der Organisatoren in Mainz war und die wir fortsetzen sollten.

Mein Diskussionsbeitrag dazu ist diesem Heft abgedruckt. Weil er vieles von dem enthält, was man auch in ein Grußwort schreiben könnte, kann ich es hier kurz machen. Ich wünsche uns allen, dass wir mit vernünftigen Randbedingungen ordentlich arbeiten können, und dass wir Zeit und Gelegenheit haben werden, uns bei interessanten Tagungen zu begegnen und besser kennen zu lernen.

In diesem Sinne  
Klaus Peter Hofmann



### **3. Protokoll der Mitgliederversammlung 2006**

#### **Protokoll der 36. Mitgliederversammlung**

**am Dienstag, 26.09.2006 in Mainz,  
MPI für Polymerforschung**

Teilnehmer gem. Anwesenheitsliste: 40

#### **TOP 1 Eröffnung und Begrüßung durch den 1.Vorsitzenden Feststellung der Tagesordnung**

Der Vorsitzende der Deutschen Gesellschaft für Biophysik, Herr Prof. Dr. Eberhard Neumann, eröffnet die Sitzung und begrüßt die anwesenden Mitglieder. Ferner dankt er den Organisatoren aus Mainz für die hervorragende Ausrichtung dieser Jahrestagung. Zur Tagesordnung gibt es keine Einwände oder Ergänzungen, so dass der Vorsitzende die Tagesordnung als genehmigt feststellt.

#### **TOP 2 Protokoll der 35. Ordentlichen Mitgliederversammlung**

Das Protokoll ist den Mitgliedern der Gesellschaft mit der Einladung zur Mitgliederversammlung zugegangen. Es gibt keine Einwände oder Ergänzungen, so dass das Protokoll einstimmig angenommen wird.

#### **TOP 3 Berichte des 1.Vorsitzenden, des Sekretärs und des Kassensführers**

##### Bericht des Vorsitzenden

##### Sektionstagungen:

Der 1. Vorsitzende hebt den Erfolg der Sektionstagungen in Hünfeld (5-7.05.2005) mit ca 80 Teilnehmern und des Gomadingen-Workshops (20.-22.03.2006) mit ca 100 Teilnehmern hervor und dankt den Organisatoren/innen Ulrike Alexiev (Hünfeld) und Claudia Steinem und Thomas Heimburg (Gomadingen) für ihr Engagement und gratuliert zu diesem Erfolg.

##### Studium der Biophysik

In einem der nächsten Rundschreiben sollen die Orte, an denen Biophysik studiert werden kann, vorgestellt werden. Die Sekretärin wird die einzelnen Arbeitsgruppen um kurze Studien-Curricula bitten.

### Ausführungsbestimmungen zur Satzung

Der 1. Vorsitzende teilt mit, dass der Vorstand die langjährig anfälligen Ausführungsbestimmungen (Bylaws) zur Satzung erneut diskutiert und dann mit (einfacher) Mehrheit am 24.09.2006 beschlossen hat.

### Verbund biowissenschaftlicher und biomedizinischer Gesellschaften (VBBM)

Die Vizepräsidentin des vbbm Frau Angelika Nögel, informierte uns kürzlich wie folgt über die laufenden Aktivitäten:

Am 11. Oktober hatte Herr Pofalla als Generalsekretär der CDU zu einem Gespräch über Forschungs- und Bildungspolitik mit Frau Minister Dr. Schavan in das Konrad-Adenauer-Haus eingeladen. Anwesend waren Rektoren und Präsidenten von Universitäten, Hochschulen und Fachhochschulen, Vertreter der MPG, der Helmholtz- und der Leibniz-Gemeinschaften und A. Noegel als Vertreterin von R. Balling für den vbbm.

Auslöser des Treffens war die Ausarbeitung eines neuen Grundsatzprogramms der CDU. Frau Dr. Schavan hat zunächst ihr Programm vorgestellt. Einige Punkte davon werden jetzt ja schon realisiert wie die Verstetigung der Exzellenzinitiative und die Einführung eines „Overheads“. Dann haben die Teilnehmer die Punkte genannt, bei denen sie Handlungsbedarf sehen. Das waren unter anderem: die Beschäftigungsregelungen für Wissenschaftler, der Wissenschaftstarif, die Forderung nach einer erhöhten Durchlässigkeit des Systems, „Tenure Track“- Modelle, mehr (Gestaltungs-) Freiheit für die Universitäten, eine verbesserte Integration der Forschungsinstitutionen in die Universitäten.

Der vbbm hatte zusätzlich auf seiner Liste ein besseres Zahlenverhältnis Lehrende: Lernende, eine veränderte Kapazitätsordnung für die medizinischen Fakultäten (das betrifft vor allem die Vorklinik), eine Stärkung der Grundlagenforschung durch verstärkte Förderung der DFG.

Frau Dr. Schavan hat wesentliche Punkte am Schluss der Diskussion zusammengefasst: Modernisierung der Kapazitätsverordnung, Abschaffung des HRG, Einführung des Globalhaushalts, Wissenschaftstarif, die Einführung von Forschungsprofessuren für emeritierte Professoren (Seniorenprofessur), Stärkung der klinischen Forschung. Ein weiteres Gespräch soll im nächsten Jahr stattfinden.

Der vbbm zeigt sich erfreut, dass er als die Vereinigung der biomedizinischen und biowissenschaftlichen Fachgesellschaften wahrgenommen werde und die spezifischen biowissenschaftlichen und biomedizinischen Sichtweisen seiner Mitglieder in den politischen Diskurs einbringen könne.

Der vbbm wird seine Aktivitäten verstärkt auch auf europäischer Ebene fortsetzen.

### **Bericht des Sekretärs**

#### Mitgliederzahlen:

Die Mitgliederzahl beträgt aktuell 461, darin enthalten sind 81 neue Mitglieder seit Dez. 2004, die zum größten Teil auf der Sektionstagung in Gomadingen der Gesellschaft beigetreten sind. Dagegen haben wir 36 Austritte und 35 satzungsgemäße Kündigungen zu

verzeichnen. Unter Einbeziehung von 10 Retouren beim letzten Rundschreiben ist die Mitgliederzahl in etwa konstant geblieben, evtl. leicht steigend.

Vier Mitglieder sind seit der letzten Mitgliederversammlung in Mainz verstorben:

*Theodor Ackermann, Freiburg	10/2004
*Günther Rathgen, Mainz	01/2005
*Hermann Schwan, Pennsylvania	03/2005
Wolfgang Polith, Görlitz	03/2005

\*Die Totenehrung fand bereits in Freiburg statt, die Nachrufe wurden im Rundschreiben 1/2005, S. 4-6 veröffentlicht.

Die Mitgliederversammlung erhebt sich und gedenkt der verstorbenen Mitglieder

### Tagungseinnahmen/Reisestipendien

Mitglieder des Vorstandes (Galla, Nienhaus, Neumann) haben an der EBSA Tagung in Montpellier teilgenommen. Der Sekretär berichtet kurz über die erfolgreiche Tagung und das ausgewogene und wissenschaftlich hochrangige Programm der Tagung. Die DGfB hat an sechs Nachwuchswissenschaftler Reisestipendien in Höhe von je 300 € zur Konferenzteilnahme vergeben:

**Matthias Janke**

*Institut für Physikalische Chemie der Johannes Gutenberg-Universität, Mainz*

**Alexander Spaar**

*Center for Bioinformatics, Universität Saarbrücken*

**Stephan Schäfer**

*BioInnovationsZentrum, Experimental Biophysics Group, TU Dresden*

**Lars Meinhold**

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

**Frank Sommerhage**

*Institut für Schichten und Grenzflächen, Forschungszentrum Jülich*

**Kerstin Wagner,**

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

Der Sekretär gratuliert und bittet, jüngere Wissenschaftler im Umfeld der Mitglieder zum Eintritt in die DGfB auch mit diesem Vorteil zu ermuntern.

Die nächste gemeinsame Tagung „6th European Biophysics Congress“ findet vom 15-19.07.2007 in London am Imperial College statt. Informationen finden sich unter

[www.ebsa.org](http://www.ebsa.org)

## Bericht des Kassenwartes

### **Einnahmen- und Ausgabenrechnung - 01.01.-31.12.2004**

Summarische Übersicht des Kontos  
Dresdner Bank AG, Kto. 9 156 847 00, BLZ 513 800  
40

#### **Einnahmen**

Rücküberweisung Jahrestagung	1.229,98 €
Rückzahlung, Hünfeld-Tagung 2003	425,48 €
Mitgliedsbeiträge durch Lastschrifteneinzug	7.408,00 €
Mitgliedsbeiträge durch Überweisung	576,90 €
<b>SUMME</b>	<b>9.640,36 €</b>

#### **Ausgaben**

Portokosten Mitteilungsblatt	540,84 €
Kosten Einzugsverfahren	39,37 €
Posterpreise	600,00 €
Webpage	60,00 €
Unterstützung Gomadingen	1.000,00 €
Unterstützung Jahrestagung	2.500,00 €
Berg Festkolloquium Zuschuss	800,00 €
VBBM Jahresbeitrag	600,00 €
EBSA-Beitrag	600,00 €
Retour Lastschrifteneinzug	147,24 €
monatliche Kontoabschlüsse	148,70 €
<b>SUMME</b>	<b>7.036,15 €</b>

<b>Kontostand 31.12.2003</b>	<b><u>23.006,02 €</u></b>
Einnahmen 2004	<u>9.640,36 €</u>
insgesamt	<u>32.646,38 €</u>
Ausgaben 2004	7.036,15 €
<b>Kontostand 31.12.2004</b>	<b><u>25.610,23 €</u></b>

<b>Termingeld</b> Kontostand 24.01.2005	Hypo-Bank Kto-Nr. 6702117400	<b><u>30.521,07 €</u></b>
<b>Girokonto</b> Kontostand 31.12.2004	Hypo-Bank Kto-Nr. 6700211744	<b><u>89,02 €</u></b>

*Einn.-Ausg.-Termingeld 2004 - 15.08.06-Veröff..xls*



## Einnahmen- und Ausgabenrechnung - 01.01.-31.12.2005

Summarische Übersicht des Kontos  
Dresdner Bank AG, Kto. 9 156 847 00, BLZ 513 800 40

### Einnahmen

Mitgliedsbeiträge durch Überweisungen	566,90 €
Mitgliedsbeiträge durch Lastschrifteneinzug	7.400,00 €
Firstgate Internet AG	0,01 €
<b>SUMME</b>	<b>7.966,91 €</b>

### Ausgaben

Büromaterial	27,04 €
Finanzsoftware	53,00 €
Unterstützung Hünfeld Tagung	2.000,00 €
Beglaubigung	53,36 €
Webpage	60,00 €
Kopierkosten Mitteilungsblatt	949,50 €
Portokosten Mitteilungsblatt	491,85 €
Frachtkosten Kassenunterlagen	91,45 €
Mitgliedsbeitrag VBBM	700,00 €
Reisekosten - Prof. Galla	615,61 €
Reisekosten - Prof. Neumann	726,00 €
Reisestipendium Montpell. - Sommerhage	300,00 €
Reisestipendium Montpell. - Spaar	300,00 €
Reisestipendium Montpell. - Janke	300,00 €
Reisestipendium Montpell. - Meinhold	300,00 €
Reisestipendium Montpell. - Wagner	300,00 €
Reisestipendium Montpell. - Schäfer	300,00 €
Retour Lastschrifteneinzug	257,92 €
Fehlbuchung (Erstattung in 2006)	202,27 €
monatliche Kontoabschlüsse	258,95 €
<b>SUMME</b>	<b>8.286,95 €</b>

<b>Kontostand 31.12.2004</b>	<b><u>25.610,23 €</u></b>
Einnahmen 2005	<b><u>7.966,91 €</u></b>
insgesamt	<b><u>33.577,14 €</u></b>
Ausgaben 2005	<b>8.286,95 €</b>
<b>Kontostand 31.12.2005</b>	<b><u>25.290,19 €</u></b>

<b>Termingeld</b> Kontostand 29.12.2005	Hypo-Bank Kto-Nr. 6702117400	<b><u>30.905,11 €</u></b>
<b>Girokonto</b> Kontostand 31.12.2005	Hypo-Bank Kto-Nr. 6700211744	<b><u>89,02 €</u></b>

*Einn.-Ausg.-Termingeld-2005 - 15.08.06-Veröff..xls*

Die Kassenprüfer haben die die Bilanz geprüft und keine Beanstandungen.

Der Kassenführer schlägt vor, den Betrag von Euro 30.905,11 als Rücklage zur Absicherung der finanziellen Risiken der kommenden Jahrestagung zu verwenden. Dieser Vorschlag wird ohne Gegenstimmen angenommen.

## TOP 4      **Berichte aus den Sektionen**

### *Sektion „Membranen & Netzwerke*

1. Die Gomadingen-Tagung fand vom 20.3.-22.3 2006 statt. Sie wurde von Thomas Heimburg (Kopenhagen) und Claudia Steinem (Göttingen) ausgerichtet. Der Titel der Tagung war "Dynamics of artificial and biological membranes". Die Tagung war, mit einer Teilnehmerzahl von ca. 100 Personen sehr erfolgreich. Insgesamt wurden 31 Vorträge gehalten, davon ca. 23 von Studenten und jungen Wissenschaftlern. Acht etablierte Wissenschaftler aus mehreren Ländern ergänzten das Programm. Diese Mischung trug sehr zur Beliebtheit der Tagung bei. Da die teilnehmenden Studierenden finanziell unterstützt werden, sind Beiträge aus Industrie und von Forschungsinstitutionen notwendig. Für diese Tagung sind Mittel von 9 verschiedenen Seiten zur Verfügung gestellt worden. Dies ist besonders anzuerkennen, da diese Mittel - trotz des gleichzeitig stattfindenden Umzugs nach Göttingen - größtenteils von Frau Steinem eingeworben wurden.
2. Turnusgemäß hat Frau Prof. Claudia Steinem aus Göttingen die Funktion der neuen Sprecherin der Sektion übernommen. Prof. Thomas Heimburg aus Kopenhagen war insgesamt 6 Jahre Sprecher der Sektion und tritt sein Amt hiermit ab.
3. Gleichzeitig mit der Übernahme des Vorsitzes der Membransektion wurde ein neuer stellvertretender Sprecher gewählt. Dies ist Dr. Matthias Schneider, der eine Nachwuchsgruppe an der Universität Augsburg leitet.
4. Der amtierende Sprecher und der Stellvertreter, also Frau Steinem und Herr Schneider, werden die nächste Tagung in Gomadingen im Mai 2008 organisieren.

Der scheidende Sprecher, Thomas Heimburg, bedankt sich für das große Interesse an den drei von ihm mitorganisierten Sektionstagungen. Im Nachhinein hat ihm dies viel Freude bereitet und die Mühen im Vorfeld mehr als kompensiert.

*Thomas Heimburg: „Ich wünsche auch der neuen Sprecherin, Frau Steinem, viel Erfolg und viel Spaß!“*

### Sektion „Molekulare Biophysik“

Die Sektionssprecherin gab einen kurzen Bericht über die Tagung der Sektion „Molekulare Biophysik“ in Hünfeld im Geistlichen Zentrum des Klosters St. Bonifatius, welche vom 5.-7. Mai 2005 stattfand. Ca. 80 Teilnehmer aus dem In- und Ausland trafen sich zum Thema „Molecular basis of signal information and energy transduction in biomolecules“.

Wie in den letzten Jahren beteiligten sich daran die Sektion Biophysikalische Chemie der GBM und die Biophysikalische Gesellschaft eines europäischen Nachbarlandes. Diesmal fand die Tagung zusammen mit den Biophysikern aus der Schweiz statt. Zahlreiche Teilnehmer der Tagung stellten einen Antrag auf Aufnahme in die Deutsche Gesellschaft für Biophysik. Die Tagungskosten konnten, neben der finanziellen Unterstützung durch die DGfB, auch durch die großzügigen Spenden externer Sponsoren (Becker&Hickl GmbH, APE GmbH) niedrig gehalten werden.

In der der Mitgliederversammlung vorangegangenen Sektionssitzung wurde Prof. P. Hellwig, (Strassburg) als zukünftige Sektionssprecherin bestätigt (einstimmig). Da laut Satzung der

DGfB der Sektionssprecher für 4 Jahre gewählt wird und gleichzeitig ein Stellvertreter zu benennen ist, wurde auf der Sektionsversammlung um Vorschläge für den Stellvertreter gebeten. Mit einer Stimme Enthaltung wurde PD Dr. N. Hellmann (Mainz) gewählt

## **TOP 5 Entlastung des Vorstandes**

Fritz Parak beantragt auf Grund der Berichte und der vorgelegten Bilanz den Vorstand zu entlasten. Der Antrag wird mit 43 Ja Stimmen bei einer Enthaltung angenommen. Der Vorstand ist somit entlastet.

## **TOP 6 Wahl des neuen Vorstandes (01.01.2007 -31.12.2008) und der Sektionssprecher**

Der derzeitige Vorsitzende erläutert, dass ein neuer Vorstand gewählt werden muss. Nach der Satzung ist der bisherige Vorsitzende automatisch Stellvertreter, so dass ein neuer 1. Vorsitzender, ein weiterer Stellvertreter und ein Kassenwart gewählt werden muss. Der Vorsitzende erläutert den Vorschlag des Vorstandes und bittet um weitere Vorschläge. Da diese nicht vorliegen, stehen nachfolgende Mitglieder zur Wahl:

- Vorsitzender: K.P. Hofmann (Berlin)
- Stellvertreter: U. Nienhaus (Ulm)
- Sekretärin: U. Alexiev (Berlin)
- Kassenführer: H.J. Steinhoff (Osnabrück)

Die schriftliche und geheime Wahl ergibt folgendes Ergebnis

- K.P. Hofmann 43 ja 1E
- U. Nienhaus 41 ja 3E
- U. Alexiev 42 ja 1E 1nein
- H.J. Steinhoff 42 ja 1E 1nein

Der neue Vorstand wird zum 01.01.2007 seine Aufgaben übernehmen. Der Vorsitzende gratuliert dem neuen Vorstand zu seiner Wahl und dankt den ausscheidenden Mitgliedern für ihre Arbeit.

Auf Vorschlag der Sektionen werden folgende Sprecherinnen/Sprecher einstimmig gewählt:

### **Sektion 1 - Molekulare Biophysik** (Bisherige Sprecherin: Ulrike Alexiev, Berlin)

Sprecherin: Petra Hellwig, Straßburg, für die Jahre 2007-2008  
stellvertr. Sprecherin: Nadja Hellmann, Mainz, für die Jahre 2007-2010

### **Sektion 2 - Membranen, Zellen, Netzwerke** (bisheriger Sprecher: Thomas Heimburg, Kopenhagen)

Sprecherin: Claudia Steinem, Göttingen, 2005-2008  
2.Sprecher: Matthias Schneider, Augsburg, 2007-2010

## TOP 7      Jahrestagung 2007

Es wird um Vorschläge für die Jahrestagung der DGfB 2008 gebeten. Genannt werden Halle (Prof. Blume) und Berlin. Prof. Blume erklärt sich grundsätzlich bereit, diese Aufgabe zu übernehmen, möchte aber den Berliner Kollegen den Vortritt lassen, da er in 2007 die Bunsentagung organisiert und da **Berlin einen starken Schwerpunkt im Bereich Biophysik bildet**. Der Vorstand wird beauftragt, mit den Kollegen in Berlin Kontakt aufzunehmen und Organisatoren zu benennen. Sollte in Berlin niemand zur Verfügung stehen, würde Prof Blume die nächste Jahrestagung ausrichten.

## TOP 8      Verschiedenes

1. Prof. Parak regt an, die bisherige dritte Sektion nach ihrer Schließung durch seinerzeitigen Vorschlag von Prof. Hase, Würzburg, zu ersetzen. Die neue Sektion sollte eine molekularbiologische und biomedizinische Thematik haben. Nach allgemeinen zustimmenden Diskussionsbeiträgen wird der designierte neue Vorstand beauftragt, bald einen konkreten Vorschlag für die nächste Vorstandssitzung zu erarbeiten, inklusive Sprecher/Stellvertreter der neuen dritten Sektion.
2. Der neue Sekretär/in wird vom 1. Vorsitzenden gebeten, schon bald den neuen Vorstand (mit Anschriften, etc.) dem vbbm und anderen befreundeten Gesellschaften wie der GBM zur Kenntnis zu bringen.
3. DFG-Wahlvorschläge.  
Der 1. Vorsitzende schlägt vor, den Vorstand zu verpflichten, Die angängige DFG-Aufforderung zur Einreichung von Wahlvorschlägen für die Wahl der Mitglieder der Fachkollegien der DFG“ in der nächsten obligatorischen Vorstandssitzung zu diskutieren und Vorschläge als Empfehlung zu erarbeiten. Die nächste DFG-Aufforderung ist für Herbst 2007 im November zu erwarten. Der 1. Vorsitzende wird diese dem designierten neuen DGfB-Präsidenten zuleiten.

Bielefeld, den

Münster, den 11. Dezember 2006

Prof. Dr. Eberhard Neumann  
1. Vorsitzender

Prof. Dr. Hans-Joachim Galla  
Sekretär

## 4. Quo vadis Biophysics in Germany

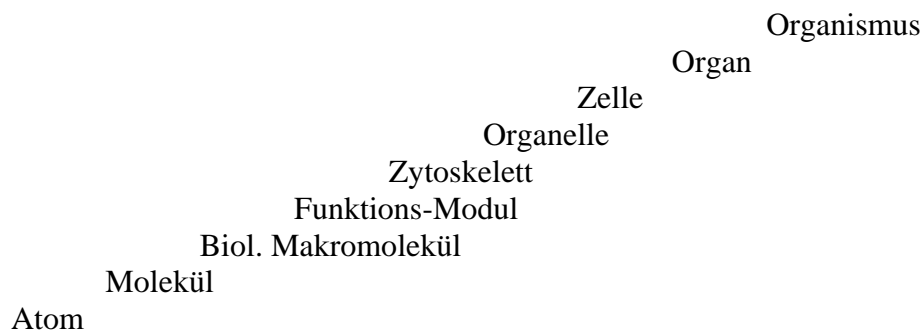
Zusammenfassung einer Diskussion während der Jahrestagung in Mainz von Klaus Peter Hofmann, Berlin ([kph@charite.de](mailto:kph@charite.de))

Die Organisatoren der Jahrestagung 2006 in Mainz hatten mich gebeten, Überlegungen zum Stand und zur Zukunft der Biophysik in Deutschland vorzutragen, und damit eine Diskussion zum Thema zu eröffnen. Aus diesem Vortrag und der nachfolgenden Diskussion werden nachfolgend einige Gedankensplitter mitgeteilt. Falls diese vor allem für die jüngeren Mitglieder der Gesellschaft nützlich sind, sollten wir diese Diskussion und den Austausch von Informationen kontinuierlich – z. B. auf der *homepage* - fortsetzen.

### 1. Was ist Biophysik?

Eine schöne Definition des Faches findet sich in den *Aims and Scope* des *European Biophysical Journal*: Zur Biophysik wird dort gesagt, sie sei “the study of biological phenomena using physical methods and concepts....the primary goal... is to advance the understanding of biological structure and function by application of the principles of physical science. Es heißt weiter, “...a distinctively biophysical approach at all levels of biological organisation will be considered, as will both experimental and theoretical studies”.

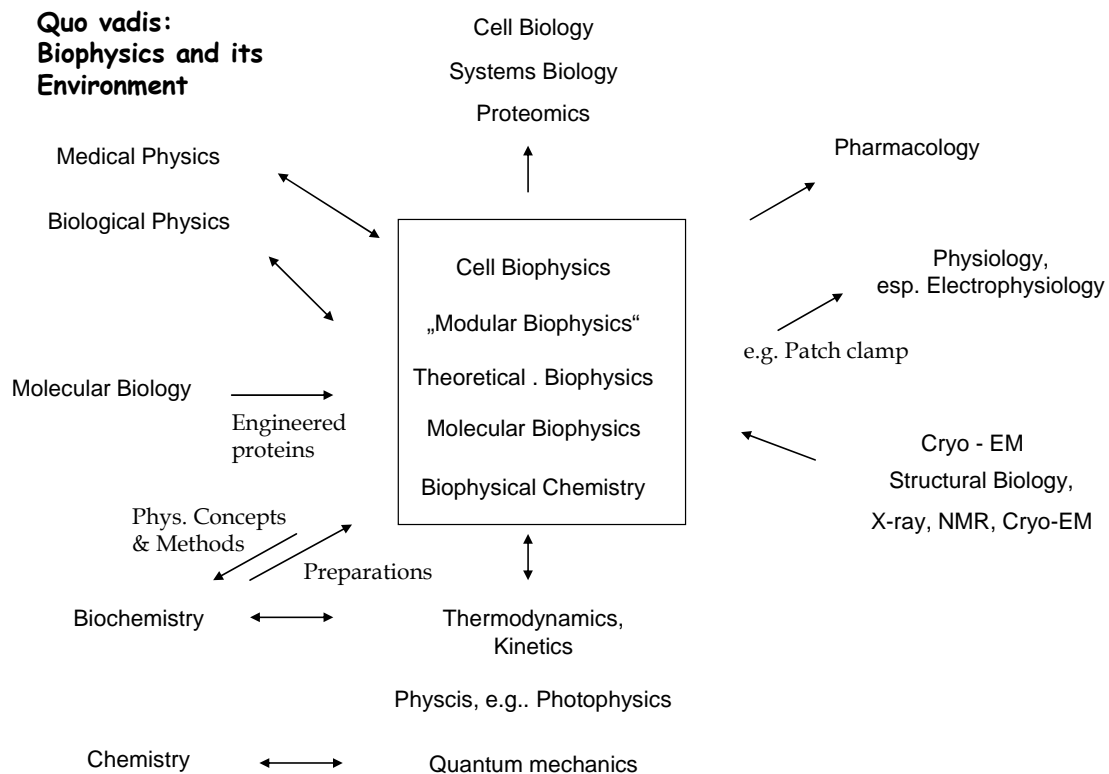
Typisch für die Biophysik dürfte der Begriff der “Funktion” sein. Obwohl alles Lebende die Gesetze der Physik und Chemie befolgt, ist der Begriff der Funktion der Biologie vorbehalten (siehe hierzu (1) und Anm. 1). In diesem Spannungsfeld bewegt sich die Biophysik. Konzepte der Physik werden auf biologische Systeme angewandt, von denen einige hier hierarchisch aufsteigend angeordnet sind:



Die Biophysik trägt zur Forschung in all diesen Bereichen bei. Daraus resultieren Disziplinen wie Zellbiophysik, Theoretische Biophysik, Molekulare Biophysik oder Biophysikalische Chemie. Zum hier verwendeten Begriff des Funktionsmoduls siehe (2) und Anm. 2).

### 2. In welchem Umfeld bewegen wir uns?

Die Biophysik wirkt in besonderer Weise befruchtend auf andere Disziplinen, sie bekommt aber auch viel von diesen zurück. Ein physiologisches Labor ohne *patch clamp* ist heute kaum noch denkbar, die Biochemie profitiert von ursprünglich biophysikalischen Techniken wie der *surface plasmon resonance*. Und umgekehrt: was wären wir ohne die Präparate aus der Biochemie oder Molekularbiologie? Dazu wurde in Mainz folgendes Bild gezeigt, das die obige Hierarchie wieder aufnimmt:



Durch die gegenseitige Durchdringung (vor allem der Methoden, aber auch der Konzepte) sind Unterscheidungen manchmal schwierig. Die meisten biophysikalischen Institute haben heute eine eigene Proteinexpression, in der allerdings eher die Routine benutzt wird, die aus den molekularbiologischen Labors kommt; die Innovation liegt hier in aller Regel in der Biophysik. Schwierig wird z.B. die Unterscheidung im Fall Biophysik vs. Biologische Physik. Ein besonderer Fall sind die strukturbioologischen Disziplinen mit ihrer starken Tradition z. B. aus der Kristallographie. Es kann keinen Zweifel geben, dass die Röntgenstrukturanalyse von Proteinen die obigen Kriterien der Biophysik erfüllt, und doch bezeichnen sich Forscher auf diesem Gebiet in aller Regel als „Strukturbioologen“. Andererseits sehen sich viele NMR-Spektroskopiker als Biophysiker.

### 3. Wo publizieren wir?

Die Durchdringung der Disziplinen äußert sich auch in den Organen, in denen wir publizieren. Es ist festzustellen, dass viele biophysikalische Arbeiten in Zeitschriften wie *J. Biol. Chem.* erscheinen. Gründe für diese Tendenz könnten neben den häufig interdisziplinären Inhalten der Publikationen auch in der manchmal besseren Sichtbarkeit und dem höheren *impact*-Faktor (Anm. 3) von Zeitschriften der Nachbardisziplinen liegen. Diese führen darüber hinaus die Biophysik zwar nicht im Titel, aber häufig in den Hinweisen für die Autoren auf: „Every issue of *Trends in Biochemical Sciences* contains succinct articles on the most exciting recent developments in the fields of biophysics, microbiology, plant sciences and medical science“. Die folgende Tabelle ist von Eberhard Neumann und Uli Nienhaus ergänzt worden.

## Quo vadis: Where do we publish?

General	Biophysical	Environment of Biophysics
Nature Science Cell Mol. Cell Proc. Natl. Acad. Soc. USA	Biophys. J. Eur. Biophys. J. Langmuir Biointerfaces Biochemistry Bioelectrochemistry Biophysical Chemistry Physical chemistry chemical physics (PCCP) J. Physical Chemistry (both have biophysical chemical sections). Phys. Rev. E Phys. Rev. Letters ChemPhysChem ChemBiochem J. Phys. Chem. B J. Biol. Phys. Eur. J. Biochem.	PLoS* Biology Nat. Struct. Mol. Biol. Nat. Biotechnology EMBO J. Angew. Chemie/ Intl. Ed. J. Biol. Chem. Biol. Chem. J. Mol. Biol. Biochemistry J. Am. Chem. Soc. FEBS Lett. J. Memb. Biol. FASEB J. J. Gen. Physiol. Mol. Pharmacol.
Nat. Reviews...(no Biophysics section so far!)	Ann. Rev. Biophys. Quart. Rev. Biophys.	Trends Biochem. Sci.

### 4. Wer finanziert unsere Forschung?

Wenn wir fragen, wie es weitergehen wird/ soll, können wir die Frage nach den Quellen für die Finanzierung unserer Forschung nicht aussparen. Hier ist z. B. von Interesse, wie die Biophysik in den Gutachtergremien vertreten ist, das über unsere Anträge im Normalverfahren der DFG entscheidet. Auf der DFG *homepage* (<http://www.dfg.de/antragstellung/panel/index.html>) findet man: „Anträge..werden..zunächst im schriftlichen Verfahren durch fachlich nahestehende Gutachter bewertet. Anschließend erfolgt im Rahmen von Panelsitzungen eine vergleichende Diskussion der vorbegutachteten Anträge durch die gewählten Fachkollegiaten.“

Die Biophysik ist in verschiedenen Fachkollegien vertreten:  
([http://www.dfg.de/dfg\\_im\\_profil/struktur/gremien/fachkollegien/liste/fk\\_detail\\_201.html](http://www.dfg.de/dfg_im_profil/struktur/gremien/fachkollegien/liste/fk_detail_201.html)).

Aus der Erfahrung mit der Mitarbeit im Fachkollegium "Grundlagen der Biologie und Medizin" habe ich in Mainz kurz berichtet. Das Kollegium gliedert sich in zwei Sektionen, nämlich:

1. Study Section "Biochemie, Biophysik, Strukturbiologie, Bioinformatik und Theoretische Biologie"
2. Study Section "Zellbiologie (Molekularbiologie), (neuerdings auch) Anatomie, Allgemeine Genetik, Entwicklungsbiologie".

Wie in Mainz an einigen - anonymisierten – Beispielen gezeigt, kommen biophysikalische Projekte sicher nicht schlechter weg als es dem Anteil der Fachgutachter entspricht (Biochemie/ Biophysik/ Strukturbiologie/ Bioinform.-Theor. Biologie = 8/ 4/ 4/ 2). Es ist auch nicht so, dass etwa „systemische“ oder „single molecule“ Projekte dominieren würden. Man stellt ein ausgewogenes Verhältnis zwischen systemischen, mechanistischen und methodologischen Projekten fest.

## 5. Quo vadis?

Es scheint, dass die DFG in ihrer Weisheit mit der Abgrenzung der *Study Section 1* in etwa den Bereich abgesteckt hat, in den heute biophysikalische Forschung mit fließenden Übergängen integriert ist. Trotz aller Interdisziplinarität wird es aber weiter darauf ankommen, ein Problem der biologischen Grundlagenforschung aus physikalischer Perspektive und mit all seinen quantitativen mechanistischen Details zu lösen. Mein (statistisch nicht belegter) Eindruck ist auch, dass mit biophysikalischen Themen Publikationserfolge zu erzielen sind, die wiederum die Chancen für entsprechende Bewerber erhöhen, sich mit ihrer Ausrichtung z. B. bei der Besetzung von Lehrstühlen durchzusetzen. Nur so läßt sich letztlich unser Fach auf eine breite Basis stellen.

### Ann. 1

In den Worten von Hartwell et al.: "Although living systems obey the laws of physics and chemistry, the notion of function or purpose differentiates biology from other natural sciences."

### Ann. 2

Der hier verwendete Begriff ist der einer zyklisch operierenden weitgehend autonomen Funktionseinheit der Zelle. Diese erfüllt eine bestimmte Aufgabe und erzeugt auf einen *input* hin einen definierten *output*, den die Zelle als solchen verwenden kann (2).

### Ann. 3

Relativ neu ist hier der „Hirsch-Faktor“. Man erfasst die zu bewertenden Publikationen eines Forschers und sortiert sie nach der Häufigkeit der Zitierungen. Der Hirsch-Faktor ist die Zahl, bei der die Rangnummer mit der Anzahl der Zitierungen übereinstimmt. Siehe auch: „Forscher, was ist dein Wert?“, Frankfurter Allgemeine Sonntagszeitung vom 01.10.2006.

1. Hartwell LH, Hopfield JJ, Leibler S, Murray AW. 1999. *Nature* 402: C47-C52
2. Hofmann KP, Spahn CM, Heinrich R, Heinemann U. 2006. *Trends Biochem Sci* 31: 497-508



## 5. Eine Arbeitsgruppe stellt sich vor

### Daniel Huster, MLU Halle Wittenberg

PD Dr. Daniel Huster ist seit Januar 2006 Leiter der Arbeitsgruppe „Strukturbiologie von Membranproteinen“ am Institut für Biotechnologie an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg. Die Gruppe benutzt vornehmlich Festkörper-NMR-Verfahren zur Bestimmung von Struktur und Dynamik von Membranproteinen mit atomarer Auflösung. Die Gruppe ist Teil des Exzellenznetzwerkes „Strukturen und Mechanismen der biologischen Signalverarbeitung“ an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, dessen Sprecher Prof. Dr. Rainer Rudolph ist. Daniel Huster eröffnete seine selbständige Arbeitsgruppe im Herbst 2001 als Leiter der Nachwuchsgruppe „Strukturaufklärung membranassoziierter Proteine mittels Festkörper-NMR“ am Biotechnologisch-Biomedizinischen Zentrum der Universität Leipzig. Neben dem Schwerpunkt Membranproteine werden in der Gruppe die biophysikalischen Eigenschaften von natürlichem Knorpel- und Knochengewebe sowie nanotechnologische Strukturen untersucht.

### Struktur und Dynamik von Membranproteinen mittels Festkörper-NMR-Spektroskopie

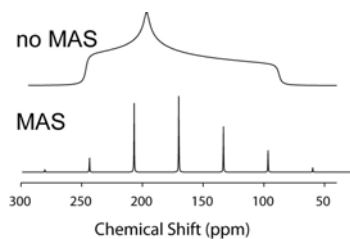
Etwa 30% der menschlichen Gene kodieren membrangebundene Proteine. Diese Moleküle spielen für nahezu alle Lebensfunktionen eine entscheidende Rolle. Durch Membranproteine kommunizieren die Zellen miteinander und mit ihrer Umgebung. Dabei nehmen sie insbesondere Rezeptor-, Kanal- und Transportfunktionen wahr. Membrangebundene Proteine sind in die Immunabwehr involviert und ermöglichen sehr komplexe Prozesse wie die Fusion von Membranen bei der Befruchtung sowie die Exo- und Endocytose. Aufgrund ihrer vielfältigen biologischen Funktionen sind membrangebundene Proteine nicht nur für die Grundlagenforschung, sondern auch für pharmazeutische Entwicklungen von großer Wichtigkeit. Es wird vermutet, dass es sich bei etwa 60% aller Zielmoleküle für neue Wirkstoffe um membrangebundene Proteine handelt.

Trotz der großen Bedeutung membrangebundener Proteine existieren gegenwärtig nur sehr wenige Strukturdaten dieser Biomoleküle. Momentan sind in der Proteindatenbank (PDB) die Strukturen von ca. 100 Membranproteinen abgelegt (im Vergleich zu über 35 000 Strukturen löslicher Proteine). Dies ist insbesondere darin begründet, dass gegenwärtig keine Standardmethode zur Strukturaufklärung von membrangebundenen Proteinen zur Verfügung steht. Die für wasserlösliche Proteine sehr erfolgreiche Röntgenstrukturanalyse benötigt hochgeordnete Kristalle. Membrangebundene Proteine lassen sich jedoch nur unter außerordentlichen Schwierigkeiten kristallisieren. Die Hochauflösungs-NMR ist zur Untersuchung von membrangebundenen Proteinen nicht geeignet, da sie nicht die schnelle Rotationsdiffusion durchführen, die bei gelösten Molekülen zur Ausmittlung der anisotropen NMR-Wechselwirkungen und somit zur hohen Auflösung der NMR-Spektren führt.

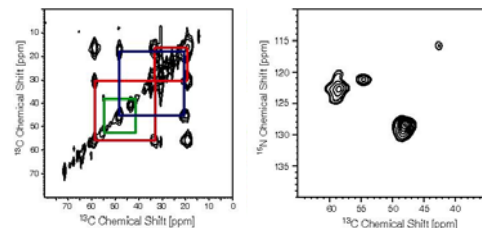
Eine mögliche Alternative zur Untersuchung membrangebundener Proteine besteht in der Anwendung der Festkörper-NMR-Spektroskopie. Diese Methodik bietet den Vorteil, dass Membranproteine in ihrer natürlichen Bilayerumgebung unter physiologischen Bedingungen, d.h. in einer Membran bei bestimmtem pH-Wert, definierter Salzkonzentration, biologischem Wassergehalt, physiologischer Temperatur etc., untersucht werden können. Neben der Fähigkeit, hochaufgelöste molekulare Strukturen zu bestimmen, besitzt die Festkörper-NMR-Spektroskopie einzigartige Möglichkeiten, die molekulare Dynamik von Membranproteinen mit Korrelationszeiten über viele Größenordnungen zu charakterisieren und damit einen wesentlichen Beitrag zum Verständnis der Funktion dieser Biomoleküle zu leisten.

Typischerweise sind die NMR-Spektren von Molekülen, die sich mit eingeschränkter Geometrie wie etwa in einer Membran bewegen, durch breite anisotrope Linien charakterisiert. Jedoch kann eine deutliche Verbesserung der Auflösung durch Probenrotation im magischen Winkel erreicht werden (engl. magic angle spinning, MAS). Durch diese Technik kann die Linienbreite auf etwa 1 ppm verringert werden. Dies stellt die Voraussetzung für die effiziente Zuordnung der NMR-Signale in mehrdimensionalen NMR-Experimenten dar, da viele Signale verschiedener Atome im Molekül gleichzeitig detektiert werden können. Im Gegensatz zur Lösungs-NMR-Spektroskopie werden in der Festkörper-NMR typischerweise selektiv isotope markierte Proteine eingesetzt. Damit vereinfachen sich die erhaltenen NMR-Spektren und die Zuordnung der Signale. Für die Isotopenmarkierung mit  $^{13}\text{C}$ ,  $^{15}\text{N}$  oder  $^2\text{H}$  werden sowohl Methoden der chemischen Synthese als auch biosynthetische Strategien verwendet, mit beiden Verfahren wird selektive Isotopenmarkierung erreicht. Die Proteine werden in multilamellare Lipidvesikel oder makroskopisch orientierte lamellare Membranstapel rekonstituiert und NMR-Spektren aufgenommen. Die Zuordnung der NMR-Signale gewinnt man über Korrelationsexperimente, bei denen zum einen die Signale innerhalb einer Aminosäure zugeordnet werden, zum anderen die sequenzielle Zuordnung erfolgt. In der Festkörper-NMR-Spektroskopie korreliert man typischerweise die  $^{13}\text{C}$ - und  $^{15}\text{N}$ -Atome über ihre dipolaren Kopplungen in mehrdimensionalen Experimenten. Selbstverständlich nimmt der Aufwand, der für die vollständige Zuordnung betrieben werden muss, mit der Größe des untersuchten Membranproteins und der Zahl der Isotopenmarkierungen deutlich zu (Abbildung 1).

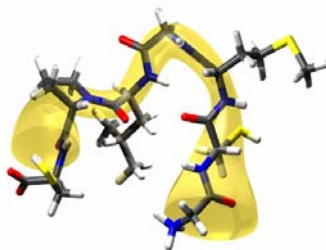
1. Verbesserung der spektralen Auflösung durch MAS



2. Signalzuordnung in mehrdimensionalen Experimenten



4. Strukturrechnung und Modellierung



3. Bestimmung von Strukturinformationen (Abstände, Torsionswinkel)

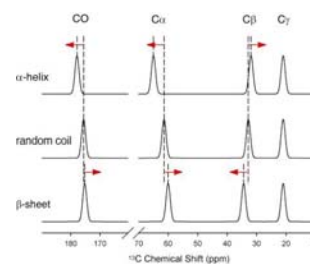


Abbildung 1: Prinzipielle Arbeitsschritte bei der Strukturbestimmung eines membrangebundenen Proteins mittels Festkörper-NMR-Spektroskopie

Besitzt man die Zuordnung der NMR-Signale im Spektrum, so besteht der nächste Arbeitsschritt in der Bestimmung von Strukturparametern wie atomaren Abständen, Torsionswinkeln und der relativen Orientierung zwischen Membran und membrangebundenen Protein. Einfachste Informationen über die Sekundärstruktur eines Proteins erhält man bereits aus den isotropen chemischen Verschiebungen, d.h. der Lage des NMR-Signals eines Rückgratatoms im Spektrum. So ist beispielsweise die NMR-Linie eines C $\alpha$ -Signals in einer  $\alpha$ -Helix im Vergleich zur zufälligen Struktur zu größeren ppm-Werten verschoben, wohingegen dieses Signal in einem  $\beta$ -Faltblatt bei niedrigeren ppm-Werten detektiert wird. Aus diesen sehr einfach zu bestimmenden Parametern können mittels Datenbankprogrammen bereits Torsionswinkel im Proteinerückgrat bestimmt und ein erstes Strukturmodell des Proteins berechnet werden. Für die Berechnung hochaufgelöster Strukturen werden jedoch weitere Parameter benötigt. Insbesondere Abstandsdaten, die über dipolare Kopplungen gemessen werden, die eine  $1/r^3$ -Abhängigkeit aufweisen, haben sich als nützliche Strukturdetails erwiesen, die in mehrdimensionalen Experimenten für selektiv markierte Moleküle bestimmt werden. Schließlich lassen sich in der Festkörper-NMR-Spektroskopie leicht anisotrope Wechselwirkungen wie dipolare Kopplungen oder die Anisotropie der chemischen Verschiebung in so genannten „*separated local field*“-Experimenten miteinander korrelieren. Da diese tensoriellen Parameter direkt auf die lokale Geometrie im Molekül zurückzuführen sind, können mit diesen Techniken die Torsionswinkel im Proteinerückgrat sehr genau bestimmt werden. Hat man genügend Strukturdetail gesammelt, so wird daraus die atomistische Struktur des Moleküls berechnet.

Neben der atomaren Struktur eines Proteins ist auch dessen molekulare Dynamik für das Verständnis seiner Funktion von essentieller Bedeutung. Auch für die Charakterisierung der Beweglichkeit eines Moleküls in Membranumgebung bietet die Festkörper-NMR-Spektroskopie verschiedene Möglichkeiten an. Typischerweise werden Membranproteine in der Festkörper-NMR-Spektroskopie in ihrer natürlichen Membranumgebung untersucht, damit besitzt das Molekül auch seine vollständige Beweglichkeit. Die Festkörper-NMR-Spektroskopie ist in der Lage, Bewegungen über viele Größenordnungen zu verfolgen. Prinzipiell existieren vier experimentelle Möglichkeiten, um durch NMR-Messungen dynamische Phänomene zu charakterisieren. Für schnelle molekulare Bewegungen bieten sich Relaxationszeitmessungen an, mittelschnelle Bewegungen werden insbesondere durch Linienformanalysen detektiert, und für langsame Bewegungen stehen die Methoden der Austausch-NMR zur Verfügung. Darüber hinaus können translatorische Bewegungen über Längenskalen  $> 500 \text{ \AA}$  mit gepulsten Feldgradienten erfasst werden. Im Allgemeinen erlauben die verschiedenen NMR-Experimente eine Beschreibung der molekularen Dynamik eines Membranproteins im Hinblick auf die Korrelationszeit und die Amplitude der Bewegung.

### **Struktur und Dynamik von membrangebundenem N-Ras**

Als ein Beispiel wurde von der Nachwuchsgruppe die Struktur und Dynamik von membrangebundenen N-Ras-Proteinen bestimmt. Ras besitzt bei der zellulären Signaltransduktion eine entscheidende Bedeutung als molekularer Schalter. Dabei regelt das Molekül Zellwachstum und Zellteilung, bei Fehlfunktion dieses Mechanismus entstehen unkontrolliertes Wachstum und Krebs. Die Membranbindung des Proteins erfolgt über den lipidmodifizierten C-Terminus. Unser besonderes Interesse lag in der Bestimmung der Struktur und Dynamik dieses Proteinteils, der zum einen für die Membranverankerung verantwortlich ist, zum anderen die Verteilung des Moleküls in flüssig-kristallinen Domänen bzw. Raft-Strukturen der Membran regelt.

Der erste Schritt bestand in der Herstellung von isotope-markierten Ras-Protein. Die Lipidmodifikationen des Moleküls stellen posttranslationale Modifikationen dar, die

nicht in der Biosynthese in *E. coli* durchgeführt werden. Von unseren Kooperationspartnern Prof. Dr. Herbert Waldmann und PD Dr. Jürgen Kuhlmann, Max-Planck-Institut für molekulare Physiologie, Dortmund, wurde vor einigen Jahren eine Hybridsynthese entwickelt, bei der ein chemisch synthetisiertes lipidmodifiziertes Ras-Peptid des C-Terminus an den biosynthetisch hergestellten N-Terminus des Proteins gekoppelt wird. Auf diese Weise lassen sich auch im für die Studie interessanten lipidmodifizierten Proteinteil gezielt Isotopenmarkierungen einbringen, ohne das gesamte Molekül zu markieren. Auf diese Weise wurden zwei Ras-Moleküle hergestellt, die drei bzw. vier isotopenmarkierte Aminosäuren besaßen, so dass Strukturinformationen für die sieben C-terminalen Aminosäuren von Ras bestimmt werden konnten.

Diese Proteine wurden in DMPC-Membranen rekonstituiert und hydratisiert. Dabei machten Phospholipide und Wasser den bei weitem größten Teil der Probe aus. Lediglich etwa 1% des Probenvolumens umfasste die  $^{13}\text{C}$ -markierten Aminosäuren. Demzufolge konnten auch nur relativ einfache Festkörper-NMR-Experimente durchgeführt werden, da jeder Puls einer Pulssequenz die Empfindlichkeit eines NMR-Experimentes verringert. In  $^1\text{H}$ - $^{13}\text{C}$ - und  $^{13}\text{C}$ - $^{13}\text{C}$ -Korrelationsexperimenten konnten alle Signale des C-terminalen lipidmodifizierten Proteinteils zugeordnet werden. Mithilfe des Datenbankprogrammes TALOS wurden aus den isotropen chemischen Verschiebungen die Torsionswinkel des Proteinrückgrates für den C-Terminus des Ras-Proteins bestimmt und in einer Energieminimierung Strukturmodelle berechnet. Mit Strukturdetails, die für deutlich kleinere Ras-Peptide bestimmt wurden, konnten diese Modelle noch verfeinert werden. Abbildung 2a zeigt das Modell der Rückgratstruktur von membrangebundenen Ras.

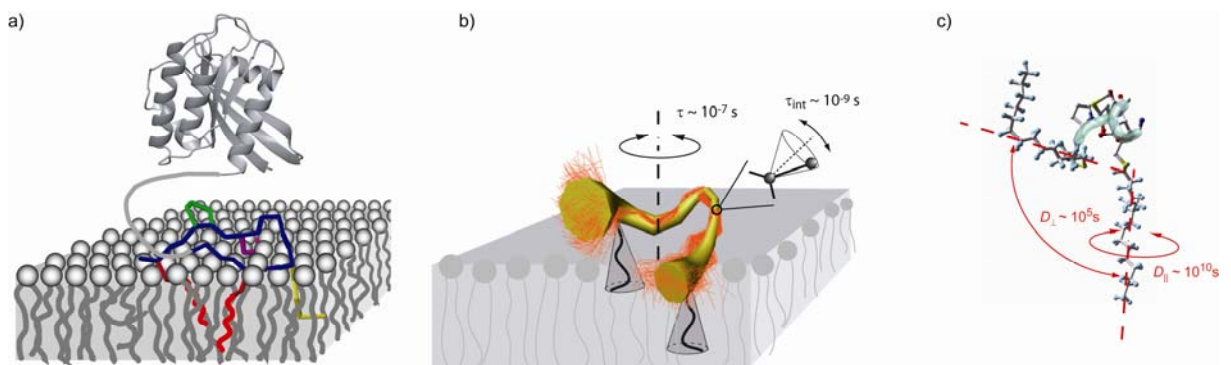


Abbildung 2: Strukturmodell des membrangebundenen N-Ras-Proteins. a) Der lösliche N-Terminus von Ras ist über eine flexible Linkerdomäne mit der Membranankerregion verbunden. Das Rückgratmodell der C-terminalen sieben Aminosäuren ist in blau gezeichnet. Die Lipidketten des Ras-Proteins (rot) und die hydrophoben Seitenketten (violett und gelb) inserieren in die Lipidmembran. Die Konformation des N-Terminus (Aminosäuren 1-166) basiert auf der Kristallstruktur. b) Die molekulare Dynamik des C-Terminus von Ras ist in Form des Schlauchmodells dargestellt, typische Korrelationszeiten für die Segmentbewegungen und die axialsymmetrischen Bewegungen des gesamten Proteins sind angegeben. c) Die hohe Dynamik des Proteins schließt auch Bewegungen der Lipidmodifikationen mit großer Amplituden ein, so dass kurzzeitige Kettenrückfaltungen möglich sind. (Reuther et al., *Angew. Chem. Int. Ed.* **45** (2006) 5387-5390 und *J. Am. Chem. Soc.* **128** (2006) 13840-13846)

Für die Untersuchung der molekularen Dynamik des membrangebundenen Proteins wurden Korrelationszeiten und Bewegungsamplituden für die sieben terminalen Aminosäuren von Ras über Relaxationsmessungen und aus bewegungsgemittelten dipolaren Kopplungen bestimmt. Membrangebundene Ras-Proteine zeigen eine

vielseitige Dynamik, die sich aus der schnellen Segmentbeweglichkeit und einer langsameren wahrscheinlich axialsymmetrischen Rotation des Moleküls auf der Membranoberfläche zusammensetzt (Abbildung 2b). Interessanterweise unterliegen auch die Lipidmodifikationen des Ras-Proteins einer hohen Beweglichkeit, was gelegentliche Rückfaltungen der Lipidketten aus der Membran mit einschließt (Abbildung 2c). Diese Informationen über die molekulare Dynamik der Lipidmodifikationen von Ras konnten in Experimenten mit  $^2\text{H}$ -markierten Kettsäureketten erhalten werden.

Biologische Studien haben gezeigt, dass alle Vertreter der Ras-Familie *in vitro* mit den gleichen Effektoren wechselwirken, aber *in vivo* unterschiedliche Informationen weiterleiten. Dies lässt vermuten, dass die biologischen Unterschiede durch die C-Termini vermittelt werden. Dabei finden die verschiedenen Ras-Isoformen ihre Targets durch zwei Strukturelemente: Erstens, die primäre Ankersequenz mit zwei oder drei hydrophoben Modifikationen (Isoprenylierung und S-Acetylierung) am N- bzw. H-Ras oder eine Kombination aus positiv geladenen Aminosäuren und Isoprenfunktion beim K-Ras<sup>B</sup>. Eine zweite „Linkerdomäne“ am N-terminalen Ende der Membranankersequenz bestimmt die Anlagerung an verschiedene Zellmembranbereiche durch Protein-Protein-Wechselwirkungen. In diesem Zusammenhang liefert das in dieser Arbeit bestimmte Strukturmodell für die C-terminale Membranbindungsdomäne von N-Ras die erste strukturelle Grundlage für ein vollständigeres Verständnis der biologischen Funktion von Ras in der zellulären Signaltransduktion.

### Struktur und Dynamik von G-Protein-gekoppelten Rezeptoren

Nach dem Umzug der Nachwuchsgruppe an die Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg wurde eine neue Klasse von Membranproteinen in die Untersuchungen einbezogen. Dabei handelt es sich um G-Protein-gekoppelte Rezeptoren (GPCR), die in nahezu allen Lebensfunktionen eine essenzielle Rolle spielen und Zielmoleküle für etwa 50% aller neu entwickelten Pharmaka darstellen. Diese sehr schwierig zu handhabenden Proteine werden in der Nachwuchsgruppe in NMR-relevanten Mengen rekombinant in *E. coli* in *inclusion bodies* exprimiert. Durch dieses Verfahren wird zwar die Tertiärstruktur der Moleküle zerstört, jedoch können Membranproteine in ausreichenden Quantitäten für Strukturuntersuchungen hergestellt werden. Der kritische Schritt in der Proteinherstellung ist die funktionale Rückfaltung der Moleküle in die aktive Tertiärstruktur, die über verschiedene Detergensysteme erreicht wird, aus denen anschließend die Proteine in planare Membranen rekonstituiert werden. Eine Übersicht über die Präparation der GPCR-Moleküle bietet Abbildung 3.

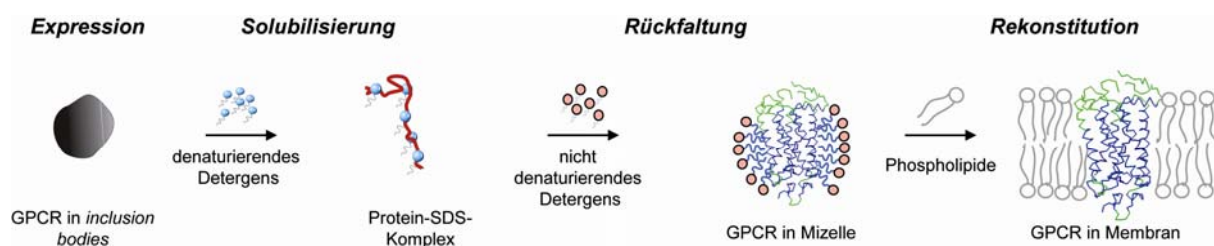


Abbildung 3: Prinzipielle Arbeitsschritte bei der rekombinanten Herstellung, Rückfaltung und Rekonstitution von GPCR in *E. coli* für Strukturuntersuchungen.

Gegenstand der Untersuchungen der Nachwuchsgruppe sind typische Vertreter von Klasse-A-GPCRs (Kooperation mit Prof. Dr. Rainer Rudolph, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg und Prof. Dr. Annette G. Beck-Sicking, Universität Leipzig). Dabei stehen zunächst die Struktur der Peptidliganden und die Untersuchung ihrer Bindungsstelle am

Rezeptor im Mittelpunkt des Interesses. In bisherigen Arbeiten der Nachwuchsgruppe konnte die Rückfaltung des Rezeptors in seine funktionsfähige Form mittels Radio- und Fluoreszenzsassays gezeigt werden. In der Literatur sind mehrere Beispiele beschrieben, dass die Festkörper-NMR-Spektroskopie in der Lage ist, wichtige Beiträge zur Struktur und Dynamik dieser interessanten Moleküle zu leisten. Damit ist ein Forschungsthema umrissen, das die Gruppe sicher auch über den Rahmen der derzeitigen Förderung hinaus beschäftigen wird.

PD Dr. Daniel Huster  
Nachwuchsgruppe „Strukturbiologie von Membranproteinen“  
Institut für Biotechnologie, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
Kurt-Mothes-Str. 3, D-06120 Halle

Tel: 0345-55-24942  
Fax: 0345-55-27013  
e-mail: [daniel.huster@biochemtech.uni-halle.de](mailto:daniel.huster@biochemtech.uni-halle.de)  
<http://www.biochemtech.uni-halle.de/biotechnologie/nmr/>

## **5. Tagungshinweise**

---

**March 28-31, 2007**  
International Discussion Meeting  
of the Bunsen Society for Physical Chemistry

### **Membrane Interacting Peptides and Proteins „MIPP 2007“ March 28-31, 2007 Halle (Saale) Germany**

Membrane Interacting Peptides and Proteins Halle (Saale), Germany (poster, flyer as pdf-file)  
Organizer: Prof. Dr. Alfred Blume Institute of Physical Chemistry, Department of Chemistry,  
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg

---

**Das Leibniz-Institut für Molekulare Pharmakologie veranstaltet:**

**2XX** WORKSHOP  
ON BIOPHYSICS OF MEMBRANE-ACTIVE PEPTIDES



**Lisbon, Science Museum, April 1st-4th, 2007**

**Nähere Hinweise unter: <http://www.biophysicsmap.com/>**

**October 10-12, 2007**

2nd International Symposium on "BRAIN, VISION and ARTIFICIAL INTELLIGENCE" (BVAI 2007) in Naples, Italy

Organizer: Dr. Carlo Musio (Istituto di Cibernetica "E. Caianiello" Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Pozzuoli (Napoli) - ITALY)