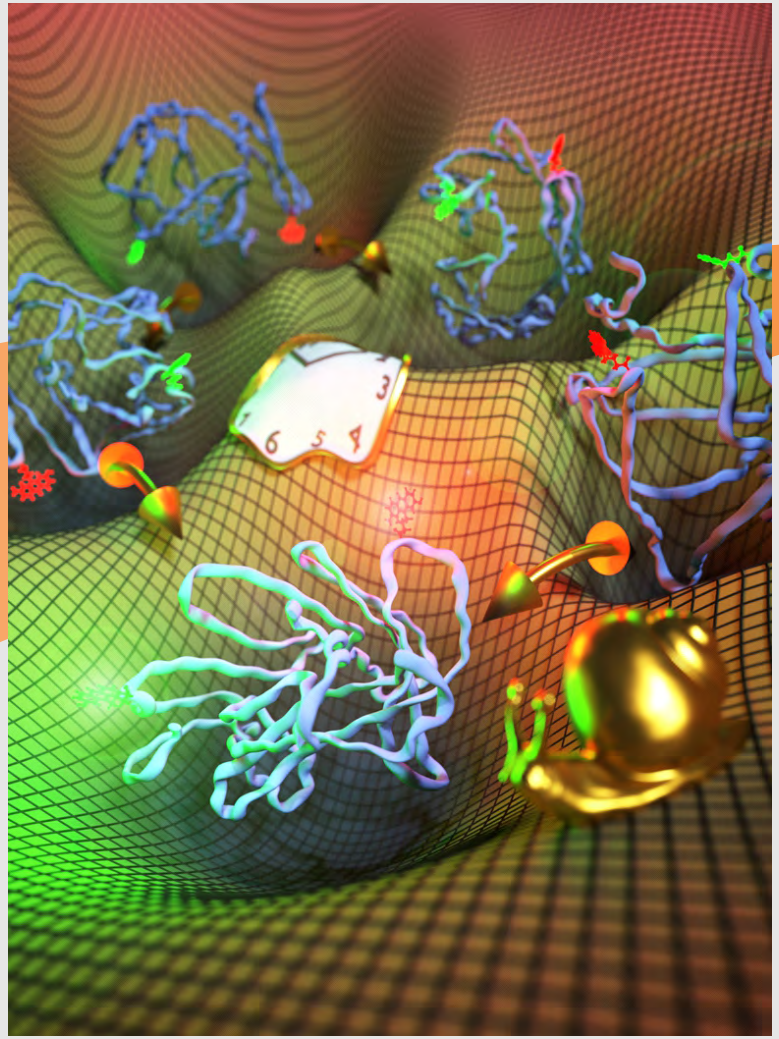
DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.



Rundschreiben 2017

Grußwort der 1. Vorsitzenden

Liebe Mitglieder der Deutschen Gesellschaft für Biophysik,

wie wir im letzten Jahren gesehen haben, sind Vereine wie die Deutsche Gesellschaft für Biophysik mehr als eine Ansammlung von begeisterten Wissenschaftlern, die in ihren Elfenbeintürmen sitzen. So haben wir, neben anderen wissenschaftlichen Vereinen eine Stimme, die in die Gesellschaft getragen werden kann. In diesem Sinne hat sich die DGfB in diesem Jahr an dem March for Science beteiligt. Auch in Zukunft sollten wir versuchen, unsere Stimme zu stärken und nach außen zu tragen. Um dies zu tun, haben wir im letzten Jahr einen intensiven Austausch mit der Gesellschaft für Biochemie und Molekularbiologie e.V. (GBM) gepflegt und stehen in Kontakt mit der Bunsen-Gesellschaft und der Deutschen Physikalischen Gesellschaft (DPG).
Um eine bessere Vernetzung im wahrsten Sinne des Wortes hat sich die DGfB in diesem Jahr auch im Hinblick auf ihren Web-Auftritt bemüht und eine neue Homepage (http://www.dgfb.org) aufgesetzt. Hier gilt mein besonderer Dank Thomas Gutsmann, der in kontinuierlicher Kleinarbeit die Inhalte zusammengestellt hat. Mein Appell geht nun an alle Mitglieder, die neue Webpage aktuell und lebendig zu halten. Sie erlaubt es uns nun auch, nicht nur alle Tagungs-Aktivitäten anzukündigen, sondern auch die Anmeldungen darüber zu verwalten.
Apropos Tagungs-Aktivitäten! Zu einem intensiven wissenschaftlichen Austausch haben sich in diesem Jahr die deutschen Biophysiker auf dem gemeinsamen 19. IUPAB und 11. EBSA Kongress in Edinburgh (16.-20. Juli 2017) getroffen. Viele Mitglieder der DGfB waren angereist, um nicht nur das wissenschaftlich hochrangige Programm zu genießen, sondern auch, um Deutschlands Bewerbung um den 21. IUPAB Kongress in Münster, getragen und koordiniert durch Klaus Gerwert und mit Hajo Galla als Münsteraner Kiepenkerl, mitzuerleben. An dieser Stelle möchte ich Klaus Gerwert und seinem Team für die viele Arbeit danken, die sie in die Vorbereitung der Präsentation in Edinburgh gesteckt haben, auch wenn die Bewerbung beim ersten Anlauf nicht erfolgreich war.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Grußwort der 1. Vorsitzenden

Auch war wieder die Tagung der Sektion „Molekulare Biophysik“ (23.-25. Februar 2017) ein voller Erfolg, die traditionell im Kloster Hünfeld abgehalten wurde, diesmal gemeinsam mit der Tschechischen Biophysik Gesellschaft. Hier gilt mein ganz besonderer Dank unserem Sektionssprecher Karim Fahmy und seinem Stellvertreter Michael Schlierf für die gelungene Organisation und das attraktive Wissenschaftsprogramm.

Die nächsten Tagungen stehen auch schon an. Für die DGfB-Jahrestagung (16.-19. September 2018) in Düsseldorf laufen bereits die Vorbereitungen unter der Schirmherrschaft von Claus Seidel. Die nächste Tagung der Sektion: „Membranen, Zellen, Netzwerke“ wird im nächsten Jahr vom 05.-07. März 2018 im Kloster Drübeck im Harz stattfinden. Unter dem Thema: „Membrane Models for Biophysics“ haben Annette Meister und Maria Hoernke internationale Gastsprecher gewinnen können. Ich bin mir sicher, dass Kloster Drübeck und die schöne Gaststube eine inspirierende Umgebung für alle Wissenschaftler, vor allem für die vielen Doktoranden und Postdocs sein wird.

Mit diesen Worten möchte ich allen eine geruhsame Weihnachtszeit und einen guten Start in das Jahr 2018 wünschen, und GERUHSAM sollte in unserer heutigen doch recht hektischen Zeit wirklich ernst genommen werden.

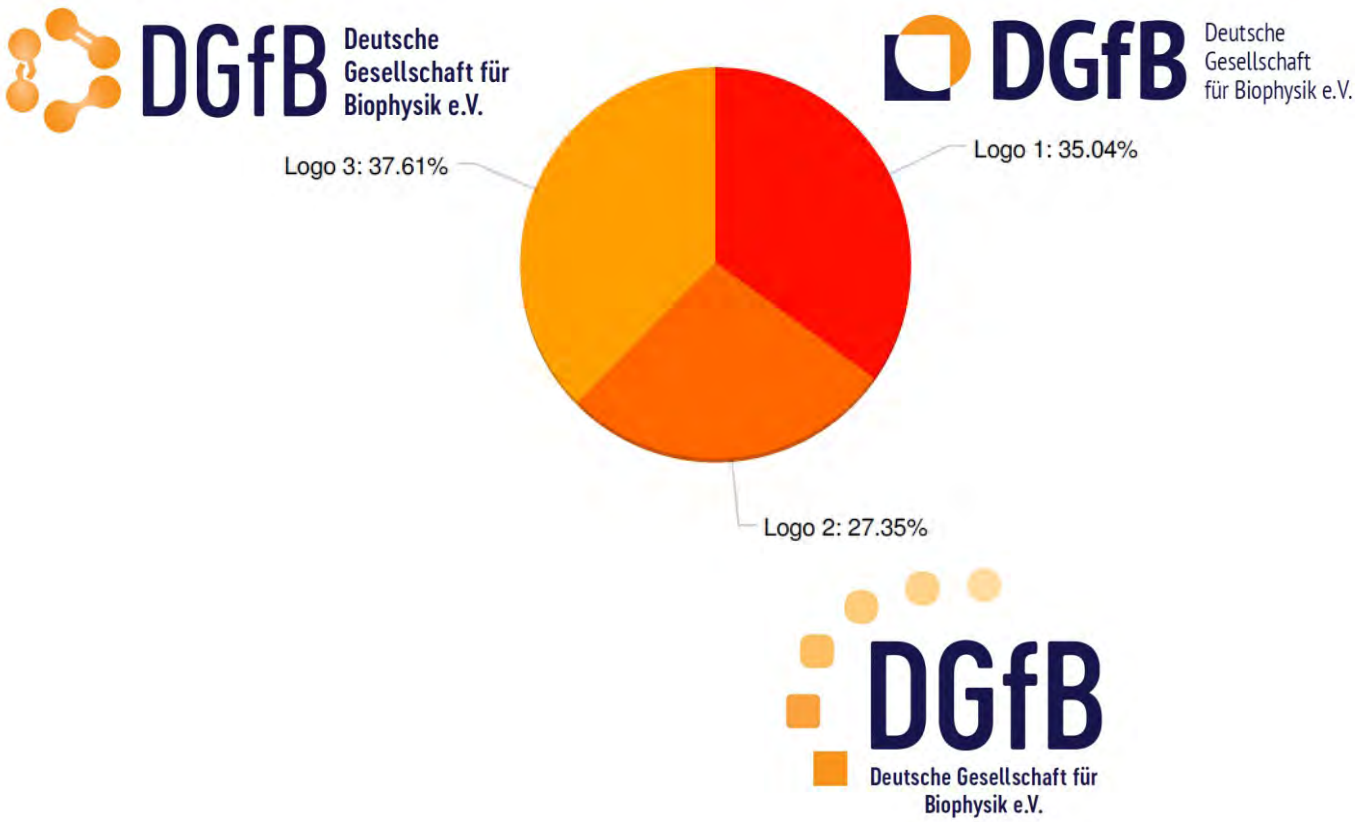
(Claudia Steinem)

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Das neue Gesicht der DGfB

In diesem Jahr haben wir das Gesicht der DGfB „etwas“ aufgefrischt und unserer Gesellschaft ein neues Logo und eine neue Web-page gegeben.

Wir möchten hier allen herzlich danken, die sich an der Auswahl des neuen Logos beteiligt haben. Das Ergebnis war denkbar knapp:



DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

IUPAB/EBSA congress 2017 in Edinburgh, UK

www.iupab2017.org

British Biophysical Society | IOP Institute of Physics

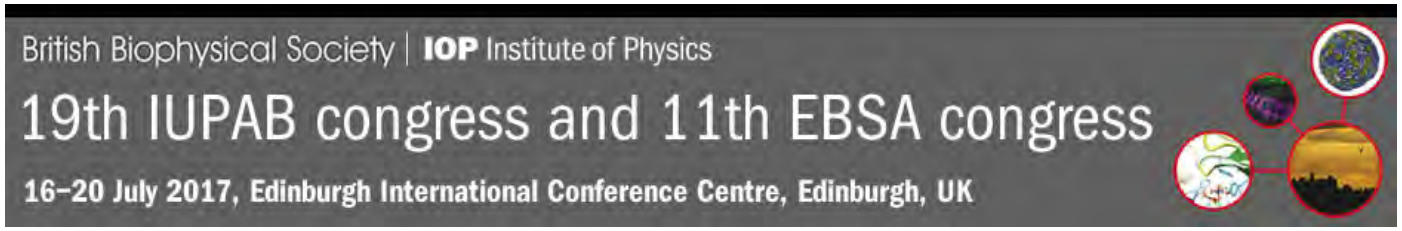
19th IUPAB congress and 11th EBSA congress

16–20 July 2017, Edinburgh International Conference Centre, Edinburgh, UK

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Reisestipendien für den IUPAB/EBSA congress 2017 in Edinburgh, UK

www.iupab2017.org



Hannes Witt, Universität Göttingen:
Ich möchte mich zuerst bei der DGfB für das Reisestipendium bedanken, das es mir ermöglicht hat an dem kombinierten IUPAB Kongress und EBSA Kongress in Edinburgh teilzunehmen. Es war wirklich eine außergewöhnliche Konferenz vor der beeindruckenden Kulisse Edinburghs. Das vielfältige und hochkarätige Programm hat interessante Einblicke über den Tellerrand in andere Bereiche der Biophysik erlaubt. Einen besonderen Eindruck hat bei mir der Vortrag von Prof. Dr. Hermann Gaub hinterlassen, der demonstriert hat wozu State-of-the-Art Kraftspektroskopie in der Lage ist. Die Postersessions waren gut besucht und haben zum wissenschaftlichen Austausch eingeladen.

Jeremias Sibold, Universität Göttingen:
Ich fühlte mich geehrt ein Reisestipendium von der Deutschen Gesellschaft für Biophysik für den 19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) und 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Kongress in Edinburgh zu erhalten und möchte mich recht herzlich dafür bedanken.
Ich war noch nie zuvor auf einem so großen Kongress mit mehr als 1000 Postern und mehr als 200 Vorträgen. Sowohl die Anzahl als auch die Vielfalt war sehr beeindruckend. Eine sehr gute Unterstützung um den thematischen Überblick zu behalten war die Einteilung der Postersessions sowie der parallelen Vortragssessions. An den unterschiedlichsten Postern hatte ich ausführliche Diskussionen mit anderen Wissenschaftlern über ihre und über mein Thema, sowie über die verschiedenen Messtechniken und ihre anschließende Aussagekraft. Zusätzlich waren namhafte Hersteller verschiedenster Messtechniken vertreten, welche ihre neusten Produkte präsentierten. Im Austausch mit den Herstellern konnte ich eine neue Beleuchtungseinheit kennen lernen, welche ich im Anschluss zur EBSA ausgiebig in meiner Forschung getestet habe.
Während des Kongresses wurden den Konferenzteilnehmer auch schottische Spezialitäten nähergebracht, so wurden am zweiten Abend ein Whisky und Craft Bier Verkostung angeboten und beim Konferenz Dinner wurden kleine Haggis Häppchen angereicht. Diese kulinarischen Köstlichkeiten wurden im Anschluss des Konferenz Dinners sowie in der Schlusszeremonie mit der landestypischen Musik untermahlt.
Im Nachhinein betrachtet haben sich die Diskussionen mit den anderen Forschern sowie den Herstellern sehr positiv auf meine Forschung ausgewirkt.
Zum Schluss möchte ich mich nochmals bedanken, dass die DGfB mir diese einmalige Möglichkeit ermöglicht hat an der EBSA sowie an der IUPAB teilzunehmen und verbleibe mit freundlichen Grüßen,
Jeremias Sibold

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Reisestipendien für den IUPAB/EBSA congress 2017 in Edinburgh, UK

www.iupab2017.org

British Biophysical Society | IOP Institute of Physics

19th IUPAB congress and 11th EBSA congress

16–20 July 2017, Edinburgh International Conference Centre, Edinburgh, UK

Sonja und Kristyna, FAU Erlangen-Nürnberg:
Wir danken der DGfB, dass sie uns für das Reisestipendium ausgewählt und uns die Teilnahme am IUPAB & EBSA Kongress in Edinburgh im Juli 2017 ermöglicht hat. Die Konferenz hat keine Wünsche offen gelassen. Wir konnten unseren wissenschaftlichen Hunger bei Vorträgen von exzellenten Wissenschaftlern stillen und die Vielfältigkeit des Gebiets auf hunderten von Postern bewundern. In den Postersessions, social Events und Pausen hatten wir dann noch mal ausreichend Zeit um über offene Fragen zu diskutieren oder auch lokale Spezialitäten zu verkosten. Und weil sogar das Wetter mitgespielt hat, konnten wir das Schloss und die Umgebung besuchen und den Flair der Stadt (der nicht nur aus Haggis und Belhaven Scottish Ale besteht) genießen. Danke! Immer wieder gerne ;)

Anne Grethen, University of Kaiserslautern:
Ich möchte mich als Erstes ganz herzlich bei der DGfB für das Reisestipendium zur EBSA&IUPAB 2017 in Edinburgh bedanken. Der Besuch dieser Konferenz hat mir erlaubt, meine aktuellen Forschungsergebnisse auf internationaler Ebene im Rahmen eines Posters vorzustellen und zu diskutieren. Durch konstruktive Gespräche mit international anerkannten Forschern wurde meine Arbeit auch aus anderen Blickwinkeln beleuchtet, was mich hinsichtlich der Fortführung meiner Forschung inspiriert hat. Darüber hinaus bot sich mir die Gelegenheit, auf einer Konferenz dieser Größenordnung einen Einblick in mir eher unbekannte Forschungsschwerpunkte der Biophysik zu erhalten. Aus diesen Gründen war die Teilnahme an der EBSA&IUPAB 2017 eine sehr lehrreiche und bereichernde Erfahrung für mich.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Reisestipendien für den IUPAB/EBSA congress 2017 in Edinburgh, UK

www.iupab2017.org

British Biophysical Society | IOP Institute of Physics

19th IUPAB congress and 11th EBSA congress

16–20 July 2017, Edinburgh International Conference Centre, Edinburgh, UK

Jonas Mücksch, Max-Planck-Insittut für Biochemie:
Ich nahm im Sommer diesen Jahren am EBSA Kongress in Edinburgh teil und danke der Deutschen Gesellschaft für Biophysik für die großzügige Unterstützung. Während es mir vor zwei Jahren leider nicht möglich war den EBSA Kongress in Dresden zu besuchen, freute ich mich diesmal umso mehr an dieser großen Konferenz teilnehmen zu können. Insbesondere die Breite der Themen die auf den EBSA Konferenzen abgedeckt werden spricht mich sehr an. Einerseits bildete der EBSA Kongress damit einen Teil der für mich relevanten Forschungslandschaft ab und half mir damit mir einen Gesamtüberblick zu verschaffen. Andererseits, gab mir die Konferenz die Möglichkeit meinen wissenschaftlichen Horizont in zahlreichen Vortägen zu erweitern. Vor allem die Themenbereiche Biomimetik und Biomedizinische Anwendungen haben mir sehr gefallen.
Noch wichtiger und gewinnbringender waren allerdings in meinen Augen die vielen Diskussionen, insbesondere während der Posterpräsentationen. Sowohl bei meinem eigenen, als auch beim Anschauen anderer Poster, hatte ich zahlreiche Gespräche, die mir neue Blickwinkel aufgezeigt und meine eigene Arbeit bereichert haben. Die EBSA Konferenz bleibt mir auch nicht zuletzt auch deshalb in guter Erinnerung, weil mein Poster mit dem Preis der Biophysical Society ausgezeichnet wurde. Ich danke der Deutschen Gesellschaft für Biophysik vielmals für die Unterstützung meiner Teilnahme.

Laura Paulowski, Research Center Borstel:
This was a truly great conference with very interesting talks. Thinking outside the box and to experience what topics are related to biophysics was very impressive. The conference really helped me in seeing my project from a different angle. By and large, this year's EBSA and IUPAB congress gave me new input and lots of ideas for my current research. A big thanks to the DGfB for giving me the opportunity for participation by awarding me with one of their travel grants.”

Gregory Bubnis, Max Planck Institute for Biophysical Chemistry:
With support from the DGfB, I attended the EBSA congress in Edinburgh, Scotland this past July to present a poster about my work using molecular dynamics simulations to study membrane pore formation. It was a memorable conference that included plenty of discussions at the posters, stimulating talks, and an entertaining social program. Among the many nice talks I found Petra Schwille's talk on dynamic protein/membrane pattern formation to be very interesting. Another surprise, far from my own research, was the talk by Stanislas Leibler on how closed microbial systems can have strongly deterministic time evolution on month timescales. My thanks to the DGfB for their support!

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

International Biophysics Congress in 2023

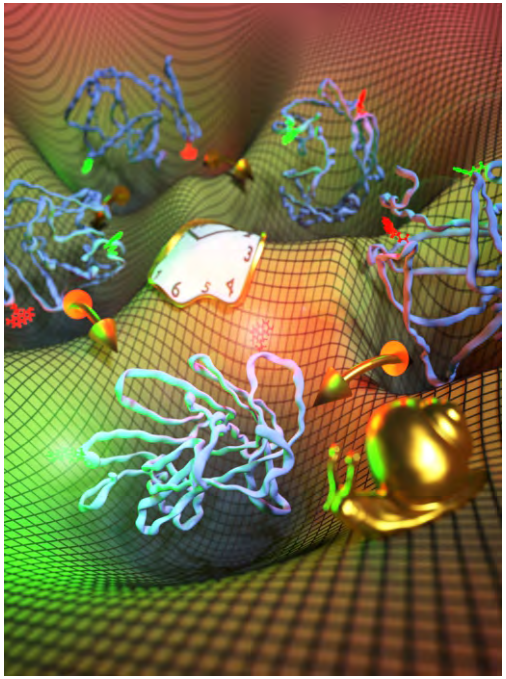
Bewerbung um die Ausrichtung des International Biophysics Congress in 2023

Auf dem International Biophysics Congress in Edingburgh im September haben wir uns um die Ausrichtung dieser Tagung im Jahre 2023 beworben. Damit sollte die Sichtbarkeit der Biophysik in Deutschland national und international erhöht werden. Bei dem Bewerbungsvortrag haben wir die starke Tradition der Biophysik in Deutschland mit mehreren Nobelpreisträgern und auch den aktuellen Forschungsrichtungen dargestellt. Als Tagungsort hatten wir Münster auserkoren und die Vorzüge dieser malerischen, ehemaligen Hansestadt, die durch Wissenschaft und Fahrradfahrer geprägt ist, in dem Vorstellungsvortrag ebenfalls herausgearbeitet. Mit der Halle Münsterland stand auch ein geeigneter Veranstaltungsort zur Verfügung. Zur Promotion haben wir eine Münsteraner Jazzband, die „Walking Blues Prophets“ und einen Münsteraner Kiepenkerl (H.-J- Galla) eingeflogen und sind durch die „Whiskey reception“ gezogen. Einige werden sich sicher an die gute Stimmung, die verbreitet wurde, noch erinnern. Damit wurden wir zwar die „Sieger der Herzen“, das Rennen hat aber dann am Ende Kyoto gemacht. Die japanische biophysikalische Gesellschaft hatte allerdings auch deutlich mehr aufgefahren und mit Kyoto einen sehr attraktiven Standort ausgewählt. Sie haben sich sogar einen extra Vorstellungsslot für Japan auf der regulären Tagung „organisiert“. Dazu hatten sie einen Raum traditionell eingerichtet und ausgiebig japanische Speisen angeboten. Da sie vor zwei Jahren gegen den nächsten Ausrichter in 2020, Brasilien, unterlegen waren, haben sie diesmal sehr viel investiert, um die Tagung tatsächlich nach Japan zu holen. Gegenüber den anderen insgesamt fünf Bewerbern wie z. B. Kopenhagen haben wir uns aber bei der geheimen Abstimmung der Delegierten sehr gut geschlagen, wie wir aus gut unterrichteten Kreisen inoffiziell erfahren haben. Reicher an Erfahrung werden wir es in Brasilien noch einmal für die Biophysik in Deutschland versuchen.

Klaus Gerwert
Lehrstuhl für Biophysik
Ruhr Universität Bochum

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

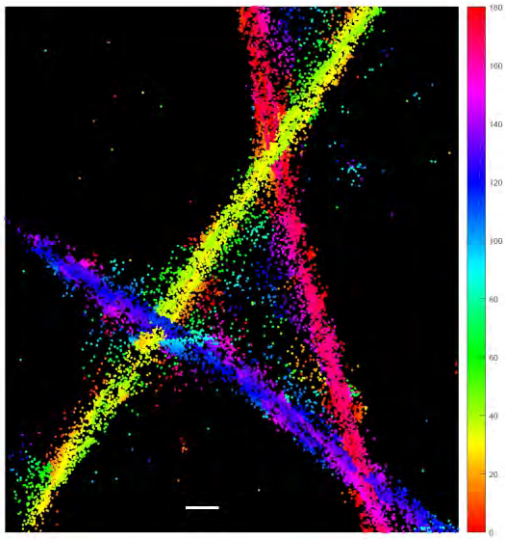
Fotowettbewerb



1. Preis: Philip Gröger, Andreas Hartmann, Georg Krainer

(Technische Universität Dresden)

Langsam-interkonvertierender entfalteter Zustand des Membranproteins OmpLA auf einer freien Energie-landschaft. Inspiriert durch die Ergebnisse der Veröffentlichung Krainer, Gracia, Frotscher et al. Biophys. J. 2017, 113, 1280 aus den Arbeitsgruppen von Prof. Sandro Keller (TU Kaiserslautern) und Prof. Michael Schlierf (TU Dresden).



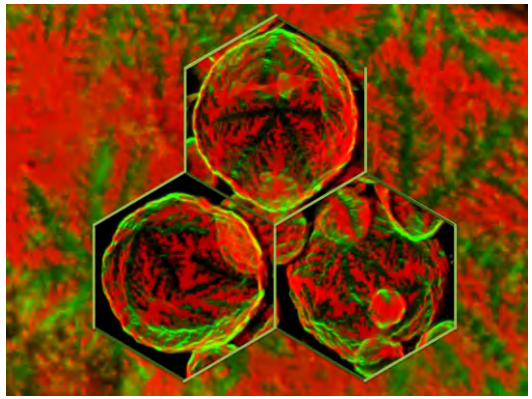
2. Preis: Philip Gröger

(Technische Universität Dresden)

Super-resolution image of microtubules. Each dot represents a labeled tubulin. A novel data processing algorithm reveals the microtubule orientation by assigning each tubulin localization a local filament orientation (color-coded, in degrees). Scalebar 100 nm.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

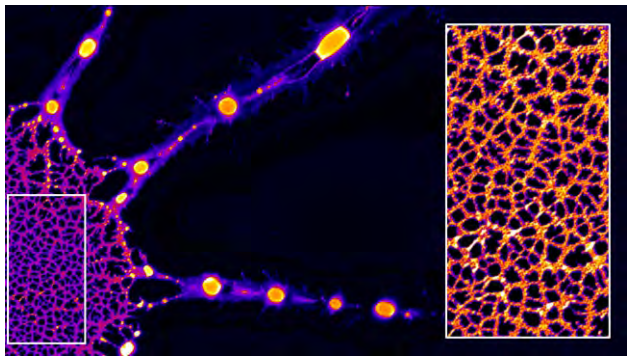
Fotowettbewerb



3. Preis: Kirsten Bacia

(Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, AK Prof. Bacia, Biophysikalische Chemie und AK Prof. Tschierske, Supramolekulare Chemie von Flüssigkristallen)

Konfokale Laser-Scanning-Mikroskopie-Projektions-darstellungen von riesigen Membranvesikeln (Giant Unilamellar Vesicles), hergestellt aus einer Mischung aus dem Phospholipid DPPC und einem synthetischen polyphilen Bolalipid. Zu beobachten ist die Ausbildung sternförmiger, dendritischer Membrandomänen mit 6-zähliger Symmetrie. Die Autofluoreszenz des Bolapolyphils ist grün dargestellt. Eine Gegenfärbung erfolgte mit einem rotfluoreszierenden lipidähnlichen Farbstoff.



3. Preis: Laura Paulowski

(Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum)

Asymmetric vesicles form a unique network while spreading is in progress. Fluorescence microscopy image of asymmetric vesicles generated from a double emulsion phase. The outer leaflet (OL) is composed of LPS R45 whereas the inner leaflet (IL) is reconstituted from PE/PG/CL in a lipid ratio of 81:17:2. The IL is labeled with 1mol% NBD-PE.

.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Michael Schlierf

http://www.tu-dresden.de/bcube/schlierf

Kurzprofil der AG Michael Schlierf, Dresden

1. **Arbeitsgruppe:** Molekulare Biophysik
2. **Gruppenleiter:** Prof. Dr. Michael Schlierf

Technische Universität Dresden
Center for Molecular and Cellular Bioengineering (CMCB), B CUBE
Arnoldstr. 18, 01307 Dresden, Germany
email: michael.schlierf@tu-dresden.de
web: www.tu-dresden.de/bcube/schlierf

3. **Kurzbeschreibung:**

We are interested in conformational dynamics and self-assembly of biomolecules.
As cells constantly react to environmental challenges by efficient and rapid adaptation, many molecules change their shape and conformation during this process. Our lab is interested in providing a mechanistic understanding of conformational changes during molecular structure formation and intermolecular interactions and competitions. Examples in this field of research are protein-DNA interactions during DNA replication and recombination, the structure and dynamics of membrane proteins and the self-assembly of silica forming proteins.
A prominent interface between physics and biology is the field of microscopy. Over the past centuries, advances in light microscopy have often enabled a closer look on biological questions, while at the same time questions arising from biology have inspired technical or conceptual improvements for microscopy. Challenges like synchronization or heterogeneity can now be mastered by a set of different single-molecule methods, which have raised new questions from biology and inspired further development of instrumentation and assays. Our lab works at the interface of biophysical method development and molecular biophysics, where the unique combination of expertise present in the team helps to realize our long-term vision: painting an experimentally-based, dynamic portrait of the living cell with maximum resolution - single molecule, single event, (sub)nanometer and pico-Newton accuracy (Figure 1).

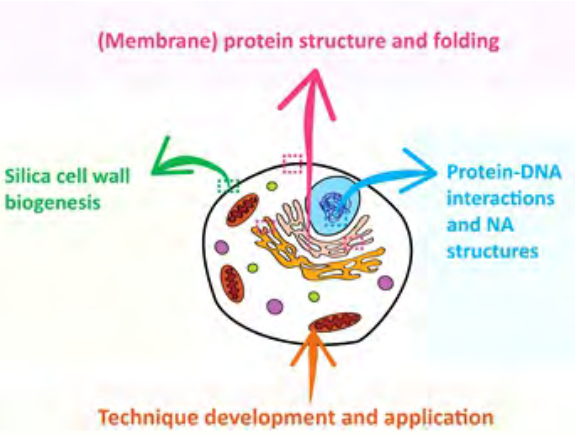


Figure 1: *Fields of research in the Schlierf-lab*

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Michael Schlierf

http://www.tu-dresden.de/bcube/schlierf

3.1 Protein-DNA interactions

Protein-DNA interactions are key for cell regulation, including DNA replication and adaptation. There are different levels of specificity for these interactions ranging from unspecific single-stranded DNA binding to specific DNA sequence recognition or secondary structure recognition. For example, we study the interaction of a DNA replication initiator with the origin of replication and find by using single-molecule FRET, that this protein forms a filament with a directionality on single-stranded DNA, most likely to stabilize the melted origin. A combination of FRET and FCS measurements allowed us to understand the competition between two proteins for the same DNA – SSB, which prevents DNA secondary structure formation and Integrase, which binds to specific DNA secondary structures. We found here, that an evolutionary optimized basepair distribution along the DNA secondary structure allows a tight – and smart – regulation of this competition (Figure 2).

References: a) Cheng, …, Schlierf, Nucleic Acids Research (2015); b) Grieb, …, Mazel, Schlierf, Nucleic Acids Research (2017);

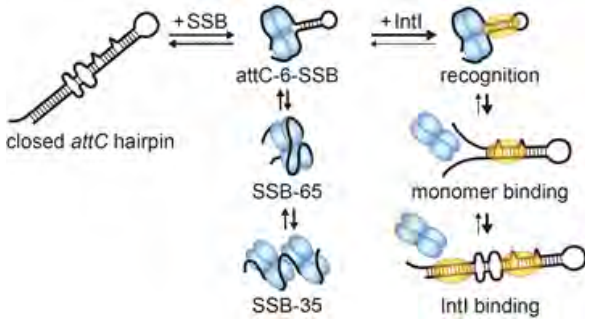


Figure 2: Reconstruction of the complex multi-state kinetic interactions of SSB and Integrase with the DNA hairpin *attC*. Adapted from Grieb *et al.*

3.2 Membrane protein folding

Protein folding is a process of molecular self-assembly during which a disordered polypeptide-chain collapses to form a compact and well-defined three-dimensional structure. This mechanism is particularly interesting when these proteins have to fold in a non-isotropic environment, e.g. into a lipid bilayer. Precise folding and occupation of the accurate tertiary structure within the membrane is crucial for their correct functioning. Supposedly, form and function of membrane proteins can be considerably influenced by the surrounding lipid composition. On top, already single point mutations in the amino acid chain can lead to severe structural changes and diseases, like cystic fibrosis. The hydrophobic nature of membrane proteins and the often complex lipidic environment creates technical challenges to study folding and insertion processes. We develop methods to study folding and unfolding of membrane proteins in lipidic environments using single-molecule FRET. Here, we use optical tweezers and a set of single-molecule fluorescence techniques including FRET to track conformations of fast folding and slow folding membrane proteins (Figure 3).

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Michael Schlierf

http://www.tu-dresden.de/bcube/schlierf

References: a) Hartmann, Krainer*, Keller, Schlierf, Analytical Chemistry (2015); b) Krainer, …, Keller, Schlierf, JMB (2017); c) Krainer*, Gracia*, Frotscher*, …, Keller, Schlierf, Biophys J (2017)*

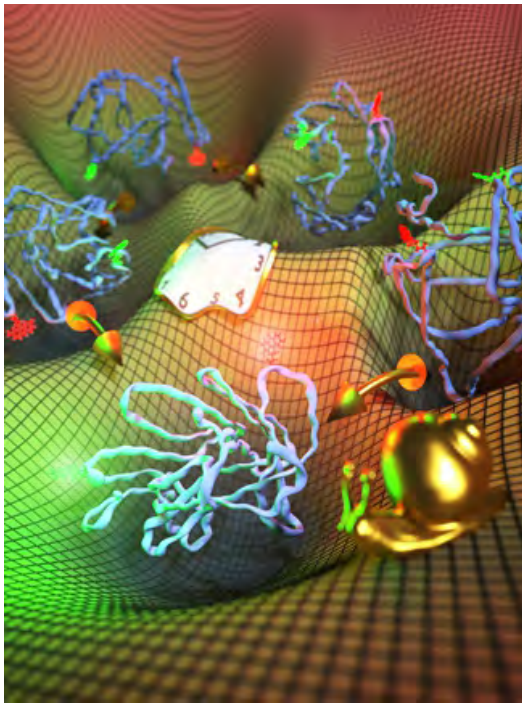


Figure 3: Artistic rendition of slow interconversion of unfolded outer membrane phospholipase A. Based on Krainer, Gracia, Frotscher *et al.*

3.3 Self-assembly of silica-forming proteins

Diatoms have evolved an intricate biosilica cell wall with a structural precision ranging from micrometers down to a few nanometers. Current models assume an underlying protein-based structure for subsequent biomineralization. We use single-molecule localisation microscopy (SMLM) to image the underlying protein patterns. SMLM offers now the possibility to shift fluorescence microscopy closer to the high-resolution EM regime while retaining *in vivo* like conditions. We fuse photo-controllable fluorescent proteins to silica-associated or silica-embedded proteins in *Thalassiosira pseudonana* and *Cyclotella cryptica*. The localization accuracy for the lateral resolution is typically in the range of ≈ 20 nm allowing now direct visual access to the intricate protein-based nanopatterning of the diatom cell wall (Figure 4).

References: a) Gröger, …, Schlierf, Scientific Reports (2016); b) Kotzsch, …, Kröger, BMC Biology (2017)

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Michael Schlierf

http://www.tu-dresden.de/bcube/schlierf

References: a) Hartmann, Krainer*, Keller, Schlierf, Analytical Chemistry (2015); b) Krainer, …, Keller, Schlierf, JMB (2017); c) Krainer*, Gracia*, Frotscher*, …, Keller, Schlierf, Biophys J (2017)*

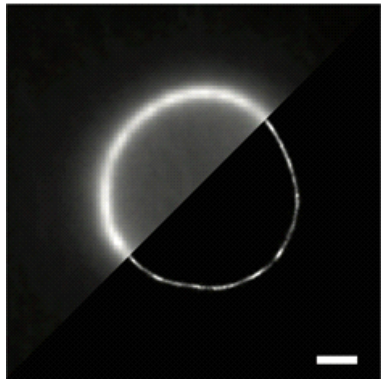


Figure 4: Resolving protein filaments with 20 nm resolution. Top left: epifluoresence, bottom right: single-molecule localization microscopy of Silaffin3-Dendra2 in a diatom cell wall. Adapted from Gröger *et al.* .

3.4 Development of new single-molecule techniques

Over the past decades a set of different single-molecule techniques has been pioneered. In our lab, we use fluorescence- and force-based single-molecule techniques to study a set of biological questions. We develop software, hardware, data analysis and chemical and biochemical protocols for single-molecule experiments. A recent development is also a technique termed farFRET, which allows us to probe conformational changes beyond 10 nm and the combination of two techniques, namely FRET and magnetic tweezers (Figure 5).

References: a) Swoboda, …, Plumeré, Schlierf, ACS Nano (2012); b) Krainer, Hartmann*, Schlierf, NanoLetters (2015); c) Kemmrich, Swoboda, …, Seidel, Schlierf, NanoLetters (2016); d) Mukhortava, Schlierf, Bioconjugate Chemistry (2016)*

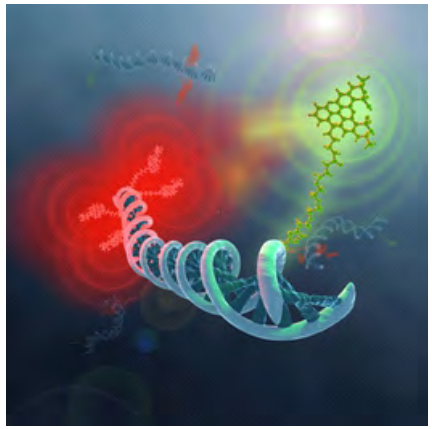


Figure 5: Artistic rendition of farFRET – one donor transfers energy to multiple acceptors. Adapted from Krainer *et al.*

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Viktor Stein

https://www.bio.tu-darmstadt.de/ag/professuren/stein/index_stein.en.jsp

1. Arbeitsgruppe:
Protein Engineering of Ion Conducting Nanopores

2. Gruppenleiter:
Prof. Dr. Viktor Stein
TU Darmstadt
Fachbereich Biologie
Schnittspahnstrasse 3
64287 Darmstadt

3. Kurzbeschreibung:

Overview
A key goal in synthetic biology is to devise systematic approaches to engineer biological functions. This has proven particularly challenging for proteins due to our insufficient understanding how the sequence of a protein relates to its detailed structure and function. Addressing this fundamental challenge, the group pursues an integrated approach focusing on the construction of protein nanopores, protein sensors and switches, and signal transduction circuits with tailored properties and functions using a combination of structure-guided protein engineering, high-throughput screening and detailed biophysical analysis to examine the molecular mechanisms that underlie artificially engineered proteins [1-4].
As part of its wider research efforts in protein engineering, the group (i) develops foundational technologies for protein engineering including new screening systems and DNA assembly methods, (ii) examines the design principles and mechanisms of action that underlie artificially engineered protein switches, sensors and nanopores, (iii) assembles tailored protein switches and sensors into autonomously operating genetic circuits that execute complex response functions, and (iv) develops tools for specific applications in basic research, molecular diagnostics and metabolic engineering.

Protein Nanopore Engineering
Biological membranes execute key roles in the integration and execution of biological signaling events. This includes compartmentalizing biochemical reactions, scaffolding receptor interactions and transporting specific molecules across impermeable membrane barriers. Yet, harnessing their many useful properties for biotechnological applications is complicated by our limited capacity to engineer membrane proteins with tailored properties and functions.
Addressing these limitations, the group aims to engineer membrane proteins from the ground up based on self-assembling membrane peptides with defined compositions, permeability and gating behavior [Fig. 1]. To this end, the group uses a combination of high-throughput functional screening and structure-guided protein design followed by their detailed biophysical characterization by means of fluorescence microscopy and electrophysiological *in vitro* bilayer measurements.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Viktor Stein

https://www.bio.tu-darmstadt.de/ag/professuren/stein/index_stein.en.jsp

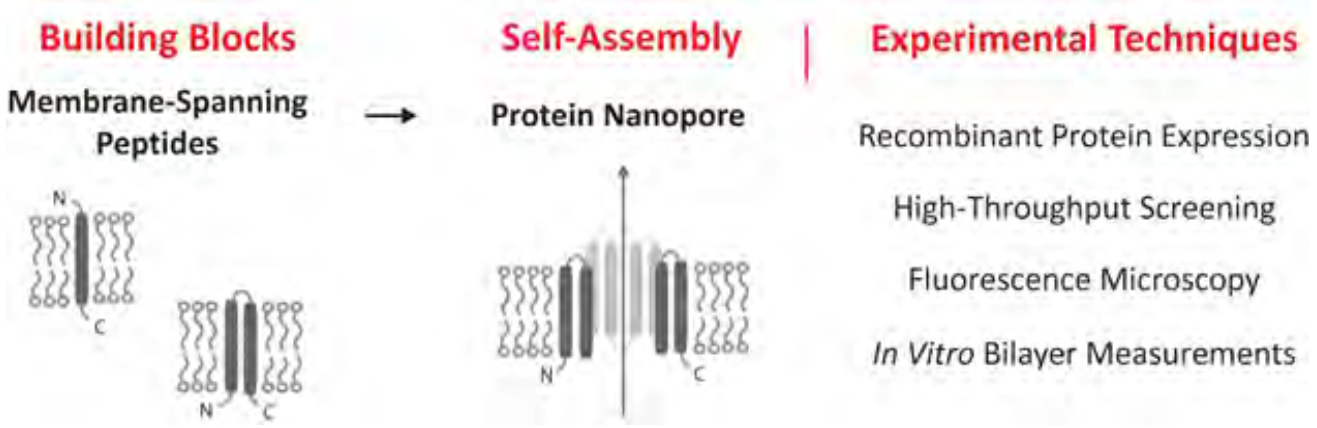


Fig. 1: Key Question: Which structural features underlie the formation of oligomeric protein nanopores in biological phospholipid membranes?

Bottom-Up Engineering of Synthetic Protease Sensors, Switches and Circuits

The construction of protein signaling circuits from the ground up is currently hampered by a lack of suitable molecular components that are sufficiently malleable and capable of functioning independently and in parallel to the endogenous cellular context [1].

Addressing this bottleneck, our group is developing a toolbox for the construction of protease-based sensors and switches that are able to receive, convert and transmit arbitrary molecular queues [2-3]. The system is highly engineerable with a high degree of orthogonality and modularity as viral proteases with stringent and well-defined substrate specificities are recombined with artificially engineered inhibitors and binding receptors to construct molecular switches in a plug-and-play fashion [Fig. 2].

In a subsequent step, sensors and switches are assembled into autonomously operating signal transduction circuits mediating complex response functions, or developed as tools for basic research and biotechnological applications. Sensors, switches and circuits are derived recombinantly in *Escherichia coli* or *Saccharomyces cerevisiae*, and their response functions characterized by means of either fluorescence spectroscopy or microscopy using genetically-encoded fluorescent probes.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Viktor Stein

https://www.bio.tu-darmstadt.de/ag/professuren/stein/index_stein.en.jsp

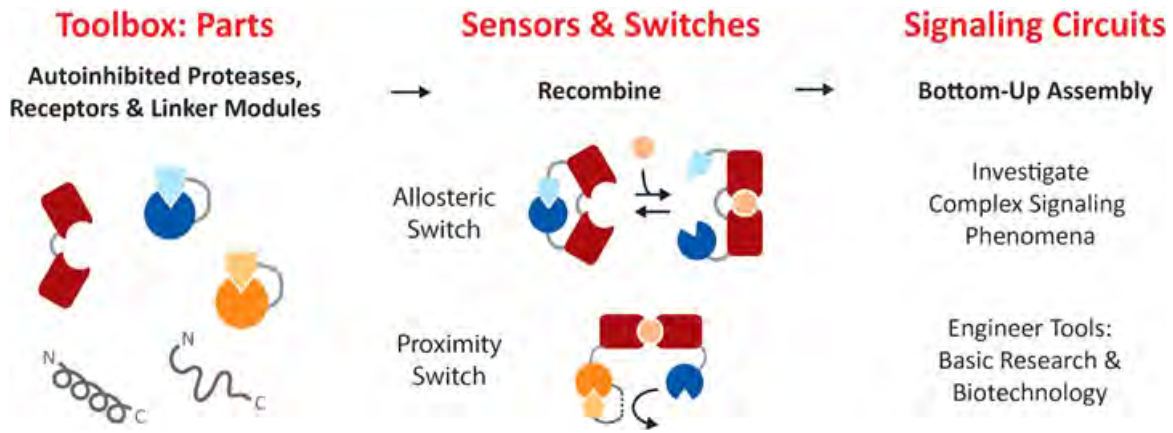


Fig. 2: Key Question: How can we build protein circuits with complex response functions from the ground up based on well characterized and well defined molecular components?

Select Key Publications

[1] **Stein V** and Alexandrov K. 'Synthetic Protein Switches: Design Principles and Applications'. *Trends in Biotechnology*, 2015, 33, 101-110.

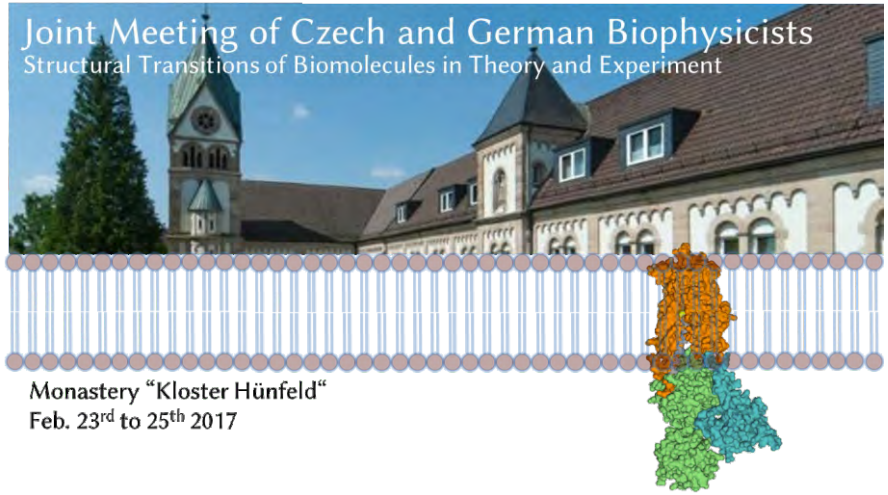
[2] **Stein V** and Alexandrov K. 'Protease-based Synthetic Signal Sensing and Amplification'. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2014, 111, 15934-9.

[4] **Stein V**, Nabi M and Alexandrov K. 'Ultrasensitive Scaffold-dependent Protease Sensors with Large Dynamic Range'. *ACS Synthetic Biology*, 2017, 6, 1337-1342.

[3] **Stein V**, Kubala MH, Steen J, Grimmond SM and Alexandrov K. 'Towards the Systematic Mapping and Engineering of the Protein Prenylation Machinery in *Saccharomyces Cerevesia*'. *PLoS ONE*, 2015, e0120716.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Frühjahrstagung der Sektion „Molekulare Biophysik“ im Februar 2017 in Hünfeld



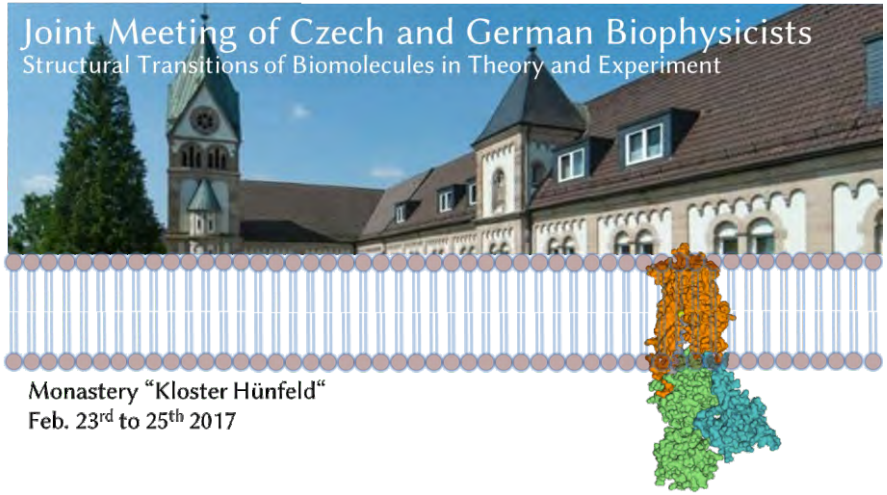
Die Sektion Molekulare Biophysik der Deutschen Gesellschaft für Biophysik hat ihre alle zwei Jahre im Kloster Hünfeld bei Fulda stattfindende Sektionstagung in diesem Jahr mit dem Schwerpunkt auf Deutsch-Tschechische Forschungskontakte durchgeführt. Das wissenschaftliche Programm wurde von der Abteilung Biophysik des Helmholtz-Zentrums Dresden - Rossendorf (Frau Dr. Jana Oertel und Prof. Karim Fahmy) in Zusammenarbeit mit Prof. Martin Hof (J. Heyrovsky Institute of Physical Chemistry, Prag) zusammengestellt. Die Thematik betraf "Strukturelle Änderungen von Biomolekülen in Experiment und Theorie" und wandte sich an Wissenschaftler und wissenschaftlichen Nachwuchs aus den Bereichen Molekularbiologie und Elektrophysiologie von Ionenkanälen sowie Mikroskopie, Spektroskopie, Faltung und Molekulardynamik von Proteinen.

Es wurden insgesamt 38 Vorträge gehalten - 14 von Tschechischer, 23 von Deutscher und einer von Amerikanischer Seite. Darunter waren 12 Sprecherinnen bei einer Gesamtteilnehmerzahl von 62 (davon 26 Frauen), wobei 13 Vorträge aus den eingereichten Abstracts ausgewählt wurden. Das wissenschaftliche Niveau der Vorträge war durchweg ausgesprochen hoch und der persönliche Kontakt intensiv. Die räumliche und organisatorische Struktur des Tagungsorts hat erwartungsgemäß enorm zur Koherenz und durchgängigen wissenschaftlichen Beteiligung aller Teilnehmer während der Veranstaltung beigetragen.

Die Beiträge wurden in neun Themengruppen vorgestellt und in einer Poster-Session ausgiebig diskutiert (aus Sponsorenmitteln - Zeiss, Asylum Research, TA-Instruments) wurden zwei Poster-Preise vergeben und die Teilnahme eines "early career Postdoc" ermöglicht). Neben den "traditionellen" Themen der Molekularen Biophysik wurden neue Entwicklungen auf dem Gebiet der Infrarot- und THz-Spektroskopie sowie der "ab initio Schwingungsanalyse" vorgestellt, von denen in Zukunft ein verstärkter Beitrag zur Biophysik erwartet wird. Ebenso wurden in diesem Rahmen erstmalig Arbeiten zur DNA-Nanotechnologie vorgestellt, die neue Ansätze in der Einzelmolekülanalyse von Faltungsvorgängen und molekularen Erkennungsprozessen ermöglichen.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Frühjahrstagung der Sektion „Molekulare Biophysik“ im Februar 2017 in Hünfeld



Ein wesentliches Resultat der Tagung ist die beidseitige Überzeugung, die Tschechisch-Deutschen Kontakte in der Molekularen Biophysik auszubauen. Es zeichnete sich ein überraschend konsistentes Bild von Interessen und Methoden ab, die insbesondere auf dem Gebiet der Membranbiophysik und Rezeptorforschung eine wissenschaftlich erfolgversprechende Intensivierung und Verbindung erfahren könnten.

Mariana Amaro, Prague
David Bendar, Brno
Rainer Böckmann, Erlangen
Unal Coskun, Dresden
Lukasz Cwiklik, Prague
Jörg Fitter, Aachen
Karin Hauser, Konstanz
Martina Havenith, Bochum
Joachim Heberle, Berlin
Martin Hof, Prague
Jochen Hub, Göttingen
Petr Ježek, Videnska
Pavel Jungwirth, Prague
Sandro Keller, Kaiserslautern
Josef Lazar, Nové Hrady
Tomas Obšil, Prague
Michael Schlierf, Dresden
Bohdan Schneider, Prague
Ralf Seidel, Leipzig
Heinz-Jürgen Steinhoff, Osnabrück
Hana Sychrová, Prague
Gerhard Thiel, Darmstadt
Charlotte Uetrecht, Hamburg
Robert Vachá, Brno
Vasilina Zayats, Nové Hrady

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Frühjahrstagung der Sektion „Membranen, Zellen, Netzwerke“ im März 2018 in Drübeck

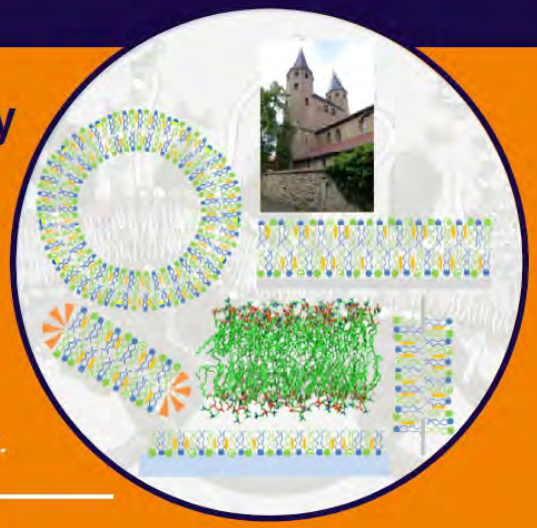
DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

International Meeting
of the DGfB Membrane Section

„Membrane Models for Biophysics“

Drübeck, Germany

March 05-07, 2018



Scientific organizers:
Annette Meister, Halle (S.)
Maria Hoernke, Freiburg i.Br.

Confirmed Invited Speakers:

Alfred Blume, Halle
Gerald Brezesinski, Potsdam
Thomas Gutsmann, Borstel
Kalina Hristova, Baltimore
Sandro Keller, Kaiserslautern
Volker Kiessling, Virginia
Antoinette Kilian, Utrecht
Mark Sansom, Oxford
Claudia Steinem, Göttingen

Registration deadlines: January 12, 2018
Early bird: December 18, 2017

For further information: www.dgfb.org/de/dgfb-tagungen

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Amtsträger 2017-2018

1. Vorsitzende:

Prof. Dr. Claudia Steinem
Institut für Organische und Biomolekulare Chemie
Georg-August-Universität Göttingen
Tammannstr. 2
37077 Göttingen
Tel.: (+49) 551 39 33294
Fax: (+49) 551 39 33228
e-mail: csteine@gwdg.de

2. Vorsitzender:

Prof. Dr. Hans-Joachim Galla
Institut für Biochemie
Westfälische Wilhelms-Universität
Wilhelm-Klemm Strasse 2
D 48149 Münster
Tel.: (+49) 251 8333201
Fax: (+49) 251 8333206
e-mail: gallah@uni-muenster.de

2. Vorsitzender:

Prof. Dr. Helmut Grubmüller
Max Planck Institut für biophysikalische Chemie
Theoretische und computergestützte Biophysik
Am Fassberg 11, 37077 Goettingen, GERMANY
Tel.: (+49) 551 201 2301/-2300,
Fax.: (+49) 551 201 2302
e-mail: hgrubmu@gwdg.de

Schatzmeister:

Prof. Dr. Sandro Keller
Molecular Biophysics
University of Kaiserslautern
Erwin-Schrödinger-Str. 13
67663 Kaiserslautern
Tel.: +49 631 205 4607
Fax: +49 631 205 4895
e-mail: molbiophysik@bio.uni-kl.de

Sekretär:

Prof. Dr. Thomas Gutsmann
Leibniz-Unit Biophysics at the University of Lübeck
Research Center Borstel, Leibniz Lung Center
Parkallee 10
23845 Borstel, Germany
Tel.: (+49) 4537 188 2910
Fax: (+49) 4537 188 6320
e-mail: tgutsmann@fz-borstel.de

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Amtsträger 2017-2018

Sektionssprecher:

Sektion 1, Molekulare Biophysik
Karim Fahmy (Helmholtz Zentrum Dresden Rossendorf)
Michael Schlierf (TU Dresden)

Sektion 2, Membranen, Zellen, Netzwerke
Annette Meister (Uni Halle-Wittenberg)
Maria Hoernke (Uni Freiburg)

Sektion 3, Medizinische Biophysik
Gerhard Thiel (TU Darmstadt)
Joachim Heberle (FU Berlin)

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.