

Biophysik: Musterbildung von Protein-Grenzflächen

08.12.2025, 11:33 | Wissenschaft, Forschung, Bildung

Pressemitteilung von: *idw - Informationsdienst Wissenschaft*

Für zahlreiche grundlegende Prozesse des Lebens ist die Bildung bestimmter Proteinmuster essenziell. Die durch molekulare Schalter gesteuerte Proteinmusterbildung läuft – wie viele Vorgänge in der Natur – weit von einem thermischen Gleichgewicht entfernt ab. Für solche Nichtgleichgewichtsprozesse fehlt eine allgemeine Theorie, die erlaubt, die räumliche Struktur der Proteinmuster vorherzusagen. Ein Team um den LMU-Biophysiker Professor Erwin Frey hat nun ein neues Konzept entwickelt, wie aus nicht gleichgewichtsgetriebenen Prozessen dennoch gleichgewichtsähnliche Gesetzmäßigkeiten hervorgehen können. Damit haben die Forschenden das Verständnis der Musterbildung in Systemen, in denen mehrere Komponenten zusammenwirken, wesentlich erweitert.

Das neue Konzept beruht darauf, dass Grenzflächenspannungen die Struktur eines Systems nahe des thermischen Gleichgewichtes steuern, indem sie dafür sorgen, dass die Kontaktfläche zwischen zwei Phasen minimiert wird. In Flüssigkeiten bilden sich durch solche Grenzflächenspannungen Blasen und Schäume. In Reaktions-Diffusions-Systemen gibt es allerdings keinerlei mechanische Interaktionen der Proteine – und somit keine mechanischen Oberflächenspannungen wie bei Flüssigkeiten – und doch entstehen schaumartige Netzwerke, die die Forschenden als „Turing-Schäume“ bezeichnen: Bei diesen erzeugen chemische Reaktions-Diffusions-Flüsse eine effektive Grenzflächenspannung, die die Struktur des Netzwerks bestimmt.

Den Forschenden gelang es, mithilfe dieses Mechanismus Gesetzmäßigkeiten zu entwickeln, die die Strukturbildung in diesen Systemen widerspiegeln. Der entscheidende Unterschied zu Schäumen in Flüssigkeiten ist: Fern vom Gleichgewicht kann das sonst unendliche Wachstum der mittleren Blasengröße stoppen und die Struktur „friert“ auf einer endlichen Skala ein – es entsteht also ein bleibendes Muster.

„Genau dieses Verhalten beobachten wir in Experimenten mit dem bakteriellen Min-Protein-System – welches die symmetrische Zellteilung vieler Bakterien steuert – und erklären es durch die von uns abgeleiteten Gesetze“, sagt Henrik Weyer, Erstautor der Studie. Frey fasst zusammen: „Unsere Arbeit zeigt, dass sich aus unterschiedlichen mikroskopischen Mechanismen universelle Regeln für Vielteilchensysteme ableiten lassen – Regeln, die nicht nur biologische Muster erklären, sondern auch neue Wege für die Gestaltung synthetischer aktiver Materie eröffnen.“

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Prof. Dr. Erwin Frey

Statistische und Biologische Physik

Fakultät für Physik der LMU

E-Mail:

Tel.: +49 (0) 89 / 2180-4538

https://www.theorie.physik.uni-muenchen.de/lsfrey/members/group_leaders/erwin_frey/index.html

Originalpublikation:

Henrik Weyer, Tobias A. Roth, Erwin Frey: Protein pattern morphology and dynamics emerging from effective interfacial tension. *Nature Physics* 2025

<https://doi.org/10.1038/s41567-025-03101-6>

Ludwig-Maximilians-Universität München

ThomasPinter (Mitarbeiter in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit)

089 - 2180 3664

pinter@lmu.de

News-ID: 1298274 • Views: 689 (Stand: 28.07.2026)

Link zur Pressemitteilung:

<https://www.openpr.de/news/1298274/Biophysik-Musterbildung-von-Protein-Grenzflaechen-idw.html>