

Press release**Ludwig-Maximilians-Universität München
LMU**

08/17/2022

<http://idw-online.de/en/news799895>Research results
Biology, Physics / astronomy
transregional, national**Komplexe Muster: Eine Brücke vom Großen ins Kleine schlagen****Ein neue Theorie ermöglicht die Simulation komplexer Musterbildung in biologischen Systemen über unterschiedliche räumliche und zeitliche Skalen.**

Für viele lebenswichtige Prozesse wie Zellteilung, Zellmigration oder die Entwicklung von Organen ist die räumlich und zeitlich korrekte Bildung biologischer Muster essenziell. Um diese Prozesse zu verstehen gilt es nicht in erster Linie zu erklären wie sich Muster aus einem homogenen Anfangszustand heraus ausbilden, sondern vielmehr wie sich einfache Muster in immer komplexer werdende Muster verwandeln. Die Mechanismen dieser komplexen Selbstorganisation auf unterschiedlichen räumlichen und zeitlichen Skalen aufzuklären, ist eine zentrale wissenschaftliche Herausforderung. Mit „coarse-graining“ – also „vergrößernden“ – Verfahren können solche multiskaligen Systeme vereinfacht werden, sodass sie mit einem reduzierten Modell auf großen Längen- und Zeitskalen beschrieben werden können. „Der Preis den man durch coarse-graining allerdings bezahlt ist, dass wesentliche Informationen über die Muster auf den kleinen Skalen (wie z.B. der Mustertyp) verloren gehen. Diese Muster spielen aber eine entscheidende Rolle in biologischen Systemen, weil sie beispielsweise wichtige zelluläre Prozesse steuern“, erklärt Laeschkir Würthner, Mitarbeiter im Team des LMU-Physikers Prof. Erwin Frey und Erstautor einer neuen Studie, die dieses Manko überwindet. Freys Team hat in Kooperation mit der Arbeitsgruppe von Prof. Cees Dekker (TU Delft) für sogenannte masseerhaltende Reaktions-Diffusions-Systeme einen neuen coarse-graining Ansatz entwickelt, bei dem die großskalige Analyse der Gesamtdichten der beteiligten Teilchen die Vorhersage von Mustern auf kleinen Skalen ermöglicht.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler veranschaulichten das Potenzial ihres Ansatzes anhand des Min-Protein-Systems, einem wichtigen Modell für die biologische Musterbildung. Das Bakterium *E. coli* legt mithilfe verschiedener in der Zelle zirkulierender Min-Proteine fest, an welcher Stelle die Zellteilung erfolgt. Entscheidend ist dabei, dass die beteiligten Proteine je nach ihrer Lokalisation in der Zelle und chemischen Zustand unterschiedlich häufig sind, also eine Vielzahl unterschiedlicher Dichten aufweisen. „Uns ist es nun gelungen, die Komplexität dieses Systems zu reduzieren, indem wir eine Theorie entwickelt haben, die lediglich auf den Gesamtdichten der Proteine basiert, um die Dynamik der Musterbildung vollständig widerzuspiegeln“, sagt Frey. „Dies ist eine enorme Reduktion. Die numerischen Berechnungen dauern dadurch nur Minuten anstatt Monate.“

Theoretische Vorhersagen des Modells, nach denen die Verteilung der Proteine von der Geometrie der Umgebung abhängt, konnten die Forschenden auch experimentell bestätigen, indem sie das Min-Proteinsystem in einer In-vitro-Durchflussszelle nachbauten: Dabei zeigten sich dieselben Proteinmuster wie in der Simulation. „Eine solche Rekonstruktion von Informationen auf kleiner Längenskala aus einer reduzierten Dynamik auf makroskopischer Ebene eröffnet neue Wege für ein besseres Verständnis von komplexen Multiskalensystemen, die in einem breiten Spektrum von physikalischen Systemen vorkommen“, sagt Frey.

contact for scientific information:

Prof. Dr. Erwin Frey
Statistische und Biologische Physik

Arnold-Sommerfeld Center für Theoretische Physik

Ludwig-Maximilians-Universität München

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

E-Mail: erwin.frey@physik.lmu.de

http://www.theorie.physik.uni-muenchen.de/lsfrey/members/group_leaders/erwin.frey/index.html

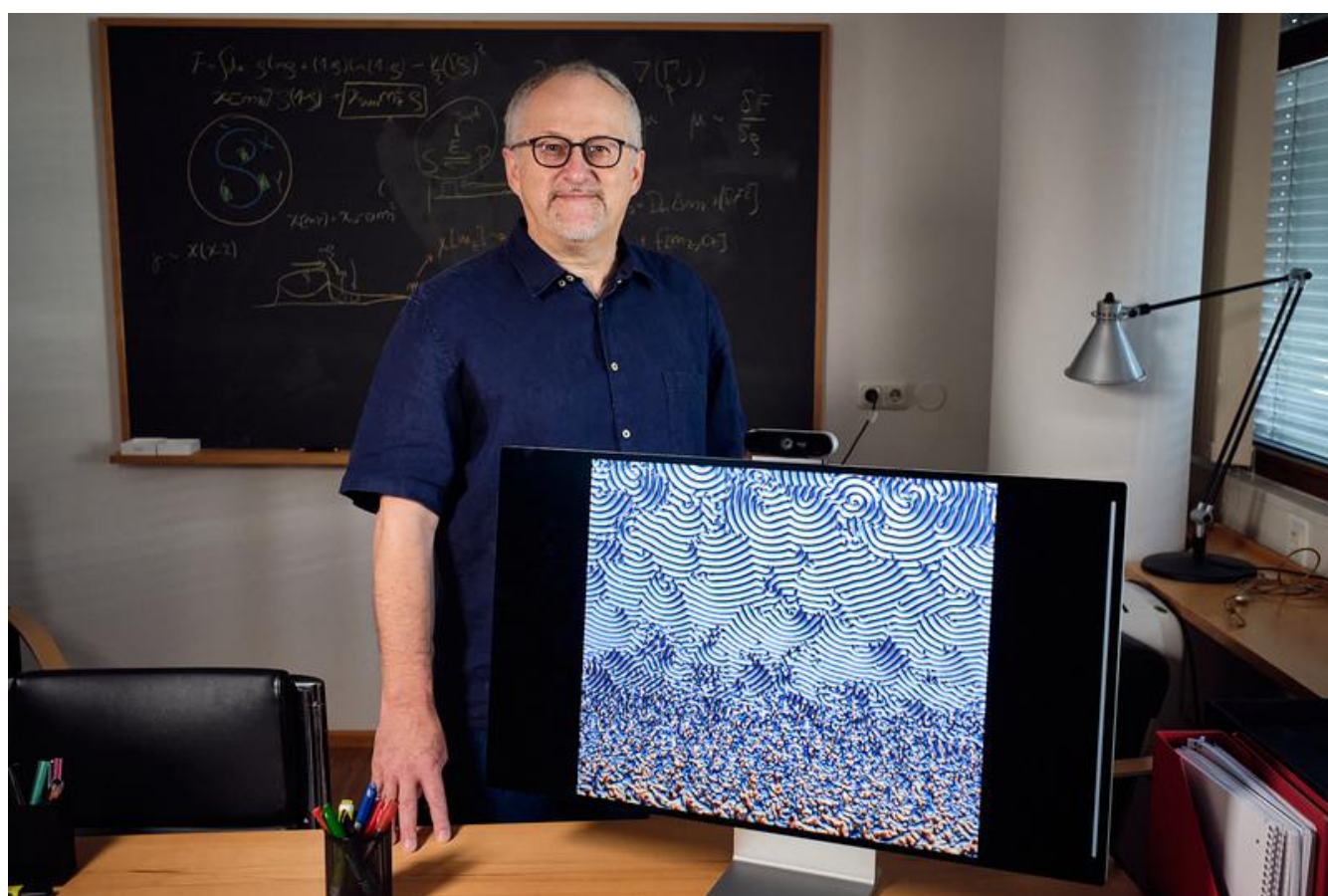
Original publication:

Bridging scales in a multiscale pattern-forming system

Laeschkir Würthner, Fridtjof Brauns, Grzegorz Pawlik, Jacob Halatek, Jacob Kerssemakers, Cees Dekker and Erwin Frey

PNAS 2022

<https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2206888119>



Prof. Dr. Erwin Frey

v.zingn

LMU / v.zingn