

05/28/2025

<http://idw-online.de/en/news853009>

Research results, Transfer of Science or Research
Biology, Chemistry
transregional, national



Kinetische Kopplung – Durchbruch im Verständnis biochemischer Netzwerke

Ein neues Konzept von kinetischen Modulen in biochemischen Netzwerken könnte das Verständnis darüber revolutionieren, wie diese Netzwerke funktionieren. Forschenden der Universität Potsdam und des Max-Planck-Instituts für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm gelang es, die Struktur und Dynamik von biochemischen Netzwerken durch kinetische Module miteinander zu verknüpfen und damit eine langjährig offene systembiologische Frage zu klären. Ihre wegweisenden Ergebnisse wurden heute im Fachjournal „Science Advances“ veröffentlicht.

Biochemische Netzwerke sind die zentralen Recheneinheiten einer Zelle, die es ihr ermöglichen, Signale zu verarbeiten und Moleküle in Bausteine umzuwandeln, welche die Zellfunktionen unterstützen. Sie werden durch die Struktur und den zeitlichen Ablauf der zugrundeliegenden chemischen Reaktionen in der Zelle beschrieben.

Diese Netzwerke können mit Methoden der Bioinformatik nach ihrer Struktur in funktionale Module zerlegt werden. Kinetische Module sind eine Art funktionaler Module, die durch das Zusammenspiel von Netzstruktur und Dynamik entstehen. „Wir wollten herausfinden, wie kinetische Module in den biochemischen Netzwerken die Robustheit der Konzentrationen von Stoffwechselprodukten bestimmen und welche Auswirkungen sie auf die Funktionalität dieser Netzwerke haben“, erklärt Zoran Nikoloski, Professor für Bioinformatik an der Universität Potsdam und kooperativer Gruppenleiter am Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie. Robustheit bezeichnet die Fähigkeit eines Netzwerks, die Konzentration von Stoffwechselprodukten konstant zu halten, selbst bei veränderten Umweltbedingungen. Damit ist das Überleben und Wachstum einer Zelle im Falle von Klimaschwankungen gewährleistet. Nimmt die Robustheit in der Konzentration bestimmter Stoffwechselprodukte ab, gilt das als Anzeichen vieler Krankheiten.

Mit einem neuen Konzept kinetischer Module, das auf der kinetischen Kopplung von Reaktionsraten beruht, analysierte das Team 34 Stoffwechselnetzwerkmodelle von 26 unterschiedlichen Organismen, darunter beispielsweise die Modell-Pflanze *Arabidopsis thaliana*, das Modell-Bakterium *Escherichia coli* und der Modell-Hefepilz *Saccharomyces cerevisiae*. Mit ihrem Konzept der Netzwerkmodule konnten die Forschenden erfolgreich die Struktur und Dynamik von biochemischen Netzwerken miteinander verknüpfen und damit eine seit drei Jahrzehnten offene systembiologische Frage klären.

„Unsere Ergebnisse haben weitreichende Auswirkungen auf biotechnologische und medizinische Anwendungen“, sagt Nikoloski. „Wir gehen davon aus, dass die automatisierte Identifizierung von Modulen uns hilft, Beziehungen zwischen Regulations-, Signal- und Stoffwechselnetzwerken sowie von Prinzipien, die über die Netzwerkstruktur hinausgehen, besser zu verstehen.“

Link zur Publikation: Langary et al., Science Advances 11, eads7269 (2025), <https://doi.org/10.1126/sciadv.ads7269>

Abbildung: Illustration eines biochemischen Netzwerks und verschiedener kinetischer Module (farbig). Die Pfeile zeigen Reaktionen, die eine Kombination von Stoffwechselprodukten (Punkte) in eine andere umwandeln. Je dicker die Linien, desto stärker ist der Fluss durch die jeweilige Reaktion. Illustration: Zoran Nikoloski.

Kontakt:

Prof. Dr. Zoran Nikoloski, Institut für Biochemie und Biologie

Tel.: 0331 977 6305

E-Mail: zoran.nikoloski@uni-potsdam.de

Medieninformation 28-05-2025 / Nr. 053

Dr. Stefanie Mikulla

Universität Potsdam

Referat Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Am Neuen Palais 10

14469 Potsdam

Tel.: 0331/977-1474

Fax: 0331/977-1130

E-Mail: presse@uni-potsdam.deInternet: www.uni-potsdam.de/presse

contact for scientific information:

Prof. Dr. Zoran Nikoloski, Institut für Biochemie und Biologie

Tel.: 0331 977 6305

E-Mail: zoran.nikoloski@uni-potsdam.de

Original publication:

Langary et al., Science Advances 11, eads7269 (2025), <https://doi.org/10.1126/sciadv.ads7269>