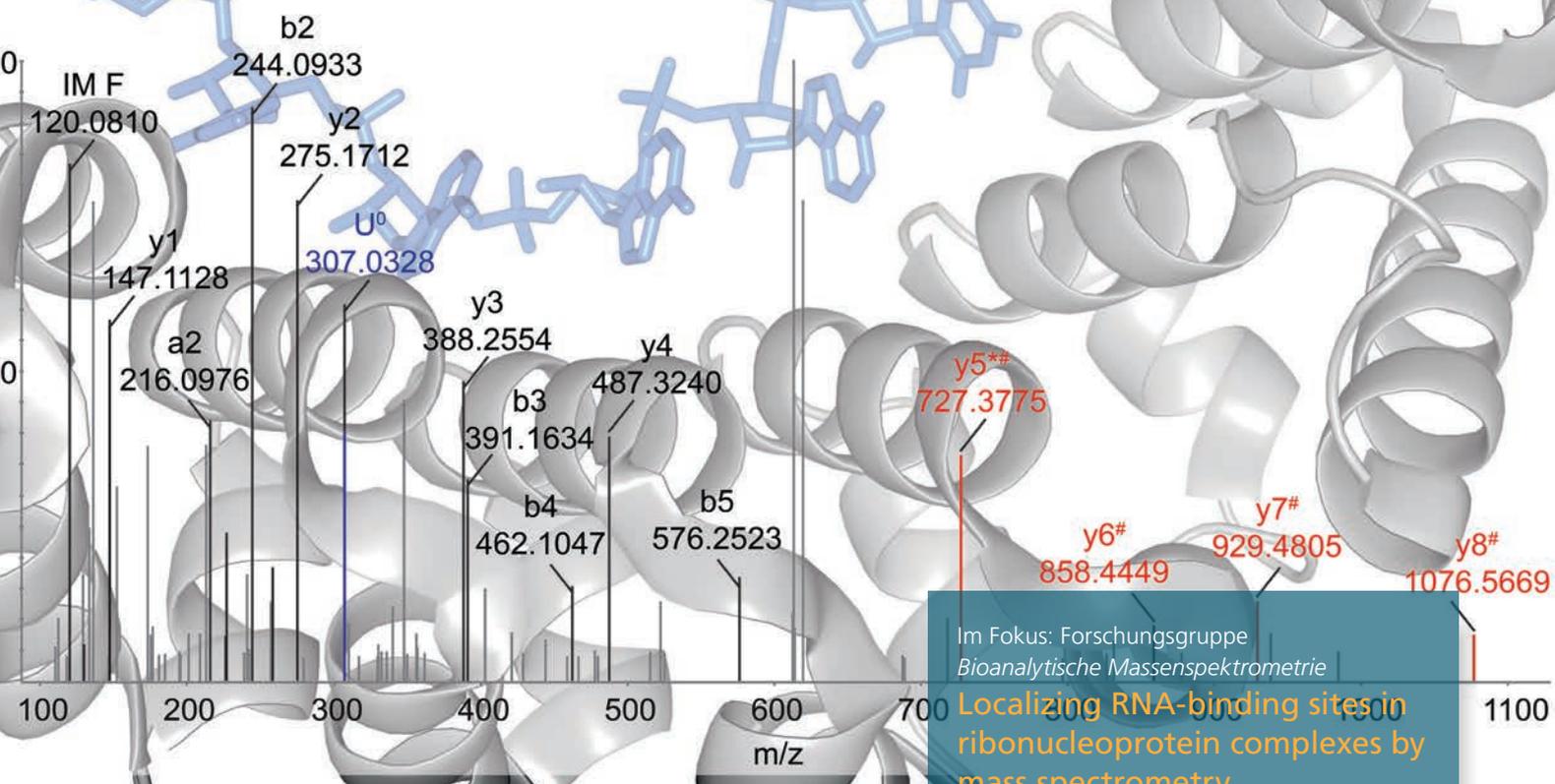
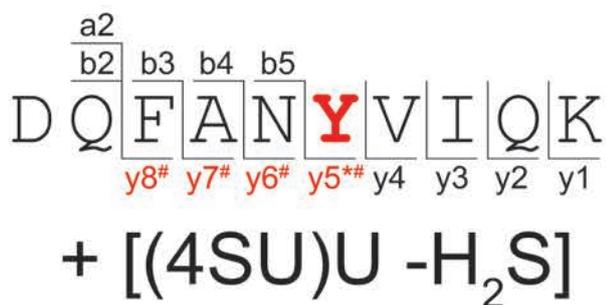




Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

MPIbpc NEWS

20. Jahrgang | November 2014



Im Fokus: Forschungsgruppe
Bioanalytische Massenspektrometrie

**Localizing RNA-binding sites in
ribonucleoprotein complexes by
mass spectrometry**

Auszeichnungen

**Stefan Hell zieht in Hall of Fame
der deutschen Forschung ein**

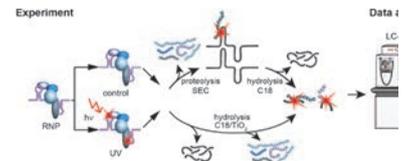
Neues am Institut

**Drei neue Buslinien fahren
zum Faßberg**



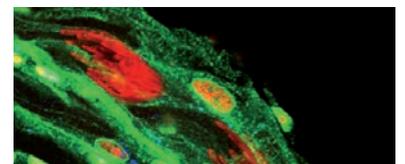
4 Localizing RNA-binding sites in ribonucleoprotein complexes by mass spectrometry

Im Fokus: FG *Bioanalytische Massenspektrometrie*



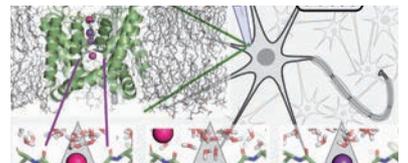
8 Nicht nur X und Y

Winzige RNA-Moleküle spielen bei der Aufrechterhaltung der Geschlechtsmerkmale in Fliegen eine wichtige Rolle



9 Rasend schneller, hocheffizienter Filtermechanismus in lebenden Zellen

Was Kaliumkanäle zu hocheffizienten Filtern macht



11 Stefan Hell zieht in die *Hall of Fame der deutschen Forschung* ein

Manager Magazin ehrt Nobelpreisträger



12 Ausstellung *Kunstzellen* im Foyer

Neue Reihe von *Kunst am Fassberg* war bis Mitte November am Institut zu sehen



14 Nächster Halt: *Faßberg*

Drei neue Buslinien ersetzen seit dem 1. November die früheren Linien 5 und 51



INHALT



Kettensäge-Kunstwerk versteigert

15

Spende für das nächste Sommerfest /
Neues Filmportal der MPG



Poetische Betrachtungen der Denker-Figur

16

Gedanken inmitten der Bauarbeiten /
Bau-Phase beinahe abgeschlossen



Mitarbeiterseiten im Internet und Intranet – wie Sie diese selbst pflegen können

17

Neue Funktion zur eigenständigen Bearbeitung online



Frederik Köpper verstärkt die Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

18

Der Biologe unterstützt das Team seit dem 1. November



Kürbiskunst zur Herbstzeit

18

PhD / Postdoc-Community lud am Vorabend von
Halloween zum gemeinsamen Kürbis-Schnitzen ein



***Nacht des Wissens* im Januar**

19

Ankündigung zur Veranstaltung am Göttingen Campus /
GWDG-Infos

Localizing RNA-binding sites in ribonucleo-protein complexes by mass spectrometry

Romina Hofele, Christoph Lenz, and Henning Urlaub
 Research Group *Bioanalytical Mass Spectrometry*

Protein-RNA complexes (termed ribonucleoprotein complexes, or RNPs) are indispensable for the synthesis, stability, transport, and activity of mRNAs as well as of non-coding RNAs in the cell. Within the RNPs, RNA-binding proteins (RBPs) fulfill a multitude of functions. They can modulate or stabilize RNA structures, thereby making RNA catalytically active, for example during pre-mRNA

splicing. Catalytically active RBPs can in turn be guided to their destination by RNA, as observed during miRNA- or lncRNA-mediated translational control and epigenetic modulation. For these reasons much attention is paid to the analysis of RBPs, and in particular to studying their RNA binding domains. To date, mainly “classical” *in vitro* approaches are applied to investigate RBPs on the molecular level, such as

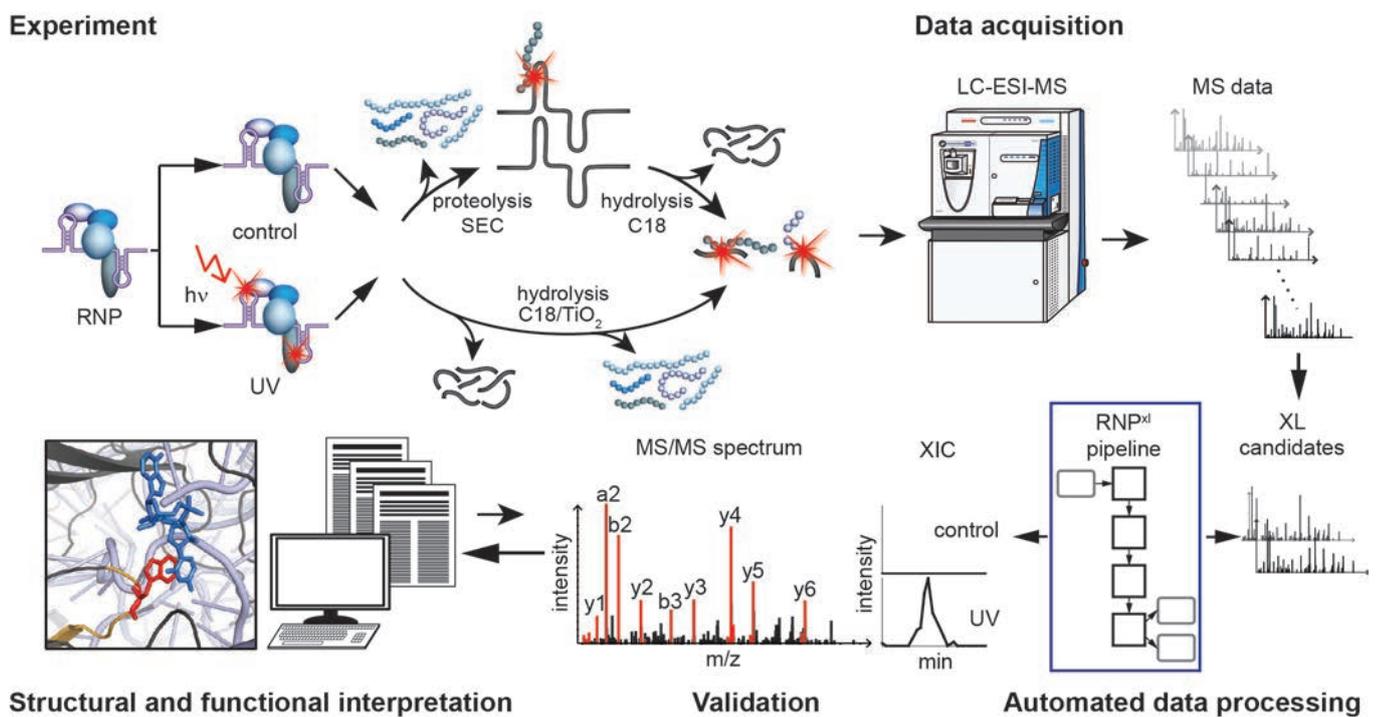


Fig. 1. Overview of the experimental and data analysis workflow. Isolated cross-linked protein-RNA complexes are enriched by size-exclusion chromatography (SEC) followed by hydrolysis and reversed-phase C18 chromatography (upper workflow), whereas complexes from *in vivo* cross-linked cells are hydrolyzed and then enriched by C18 chromatography and TiO₂ solid-phase extraction (lower workflow) and directly subjected to LC-ESI-MS/MS analysis. A non-irradiated control is analyzed in parallel with the UV-irradiated protein-RNA complexes. Mass spectra are subjected to our RNPxl data analysis pipeline that identifies potential cross-linked peptides. Results are validated by comparison of extracted ion chromatogram (XIC; RT, retention time) intensities in UV-irradiated samples versus controls, and by evaluation of the observed fragmentation patterns in the MS/MS spectra (see also Fig. 3). Identified cross-links are compared to published RNA-binding function and structural data when available (Fig. 2).

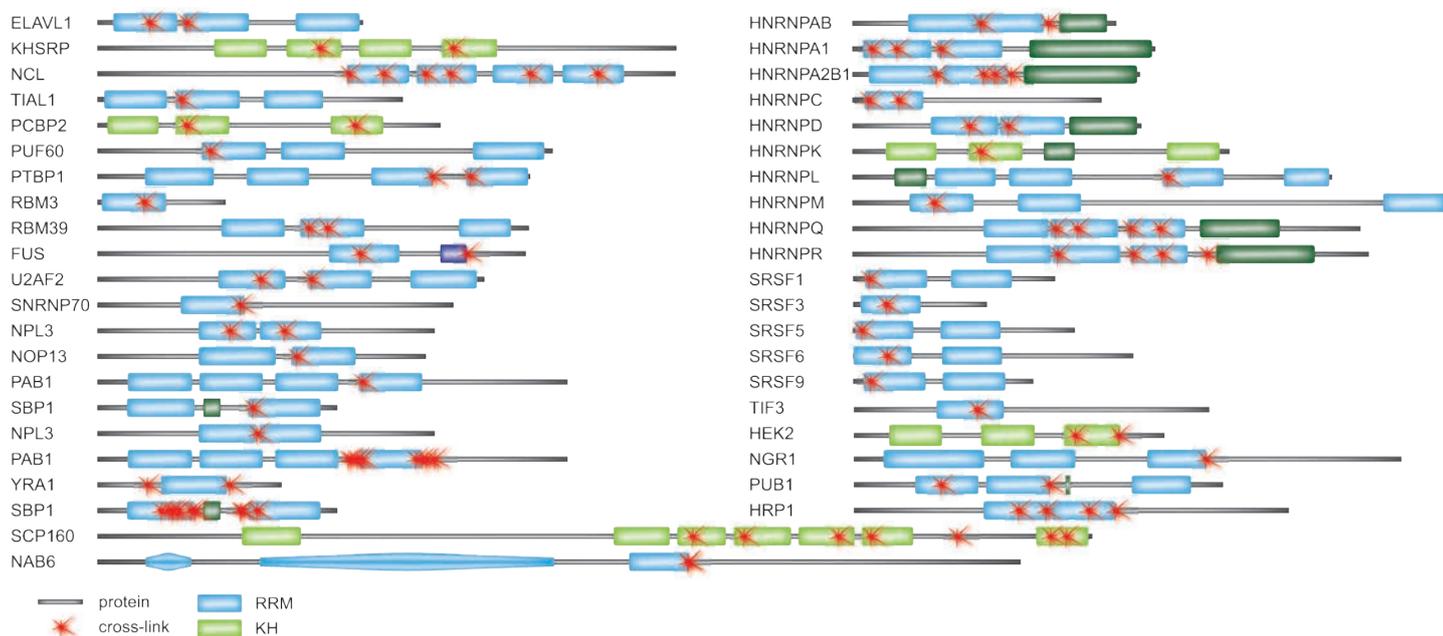


Fig. 2. Cross-linking sites in RNA-binding proteins with classical RNA-binding domain structure. Human and yeast proteins that were found to be cross-linked to RNA and which present classical RNA-binding domains, such as RRM (RNA recognition motif) and K-homology (KH) domains, are shown. The cross-linking site on the protein is indicated by a red star and the proteins are represented by their corresponding gene names to avoid ambiguity.

gel-shift mobility assays on recombinant and mutant proteins or their fragments as well as NMR and co-crystallization studies. These can be complemented by more global approaches like computational predictions of RNA binding sites.

UV-induced cross-linking is a straightforward alternative technique that also enables the study of protein-RNA interactions *in vivo*, i.e. in the cell. UV irradiation induces the formation of a covalent bond between the side chain of an amino acid of a protein and an RNA nucleobase when both are in a favorable position, e.g. at the RNA binding sites of RBPs. The RNA can then be purified from cells together with its cross-linked proteins, which, subsequently, can be identified by state-of-the-art mass spectrometry (MS). Although MS has become the most sensitive method in protein analysis, the analysis of the actual RNA binding sites through identification of the cross-linking site between the protein and RNA was hitherto not possible in *in vivo* studies.

In close collaboration with Timo Sachsenberger and Oliver Kohlbacher of the *Applied Bioinformatics* group at the University of Tübingen as well as with Benedikt Beckmann and Matthias Hentze of the *Cytoplasmic Gene Regulation & Molecular Medicine* group at EMBL in Heidelberg we have developed a novel methodology that can be applied to the analysis of purified RNA-protein complexes

in vitro as well as to whole cells *in vivo*. Peptide-RNA oligonucleotide conjugates derived from UV-cross-linked RNP complexes are enriched, purified, and submitted to mass spectrometric sequencing of the cross-linked peptide and RNA moieties. Subsequent identification of the cross-linked peptides and RNA is achieved by a dedicated data analysis pipeline called RNP^{xl} which is embedded in the open-source MS data analysis platform *OpenMS* developed by the Kohlbacher Laboratory at the University of Tübingen (Fig. 1).

We applied this workflow to the analysis of human nuclear proteins reconstituted on pre-mRNA *in vitro*, of purified and cross-linked (pre-)mRNA complex from yeast cells, and of *in vivo* cross-linked yeast cells grown in the presence of 4-thio-uridine. In total, we identified more than 260 cross-linking sites on 124 distinct RNA-binding proteins.

Insights into the structural requirements of protein-RNA interactions

As expected, the majority of cross-linked peptides lie in known RNA-binding motifs such as RNA recognition motifs (RRMs) and K-homology (KH) domains (Fig. 2). We also identified various RNA helicases, metabolic enzymes, DNA binding proteins, as well as proteins containing motifs that are not frequently associated with RNA binding. The latter ones are of special interest since our study revealed RNA binding

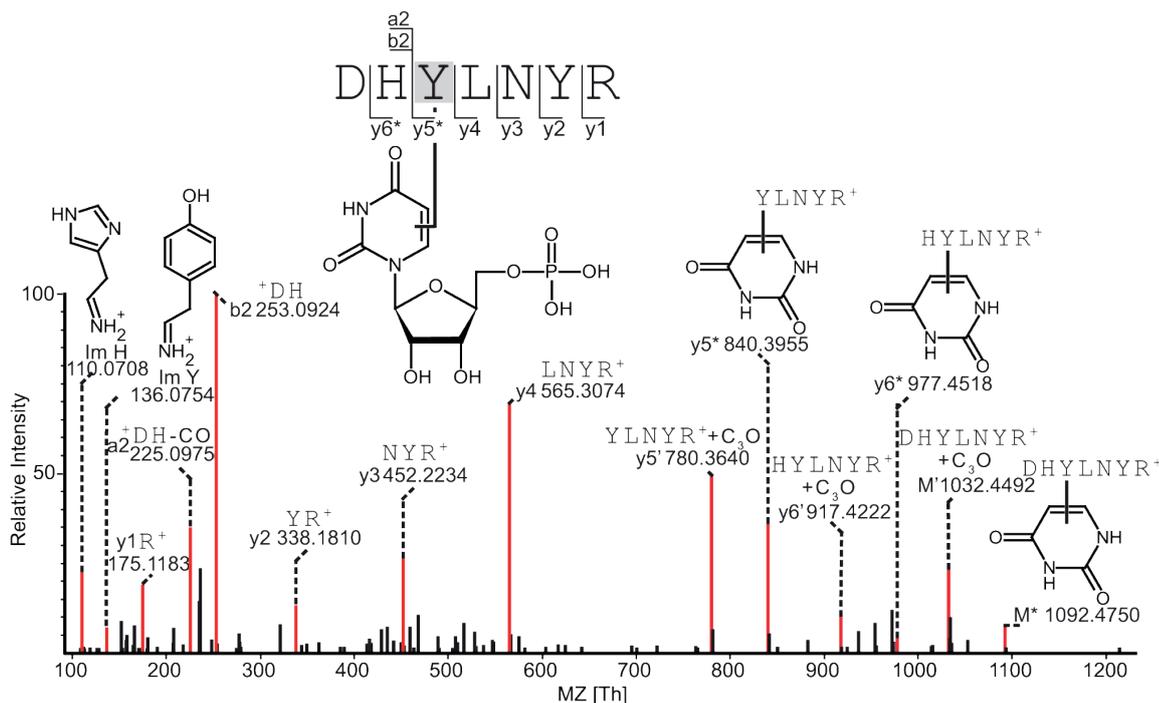


Fig. 3. Protein-RNA cross-linked peptide MS fragment spectrum. Annotated HCD (higher-energy collisional dissociation)-MS/MS spectrum of the peptide DHYLNRYR cross-linked to a uridine. Annotated fragment ions of the peptide sequence are shown in red, with the common fragment ion nomenclature (y, b ion type), measured m/z , and corresponding peptide or peptide-RNA fragments. The shift of the y-type fragment series by the mass of a uridine base and a fragment thereof starting at the y5 fragment unequivocally identifies the tyrosine in position 3 as the cross-linked amino acid residue. Fragment ions corresponding to secondary fragmentation pathways (immonium ions) are annotated in the lower m/z region.

as a novel biological function of these proteins. In addition to precise information on amino acids and sequence motifs of proteins that directly contact RNA, our data offer insights into the structural requirements of protein-RNA interactions. The cover shows an example of an identified cross-linked peptide and their nucleotides that match to the 3D structure of the yeast mRNA binding protein PUF3 in complex with RNA. Moving beyond binding motif analysis, our approach allows to identify the actual cross-linked amino acid and nucleotide. A detailed evaluation of the cross-link spectra reveals several interesting observations (see Fig. 3 for an example): (i) nearly all amino acid residues except D, E, Q, and N are found to be cross-linked to nucleotides (here, tyrosine); (ii) the cross-linked nucleotide is usually uridine or 4-thio-uridine (here, uridine); (iii) cross-linking to U reveals an adduct mass of 52 Da corresponding to CID fragmentation of the cross-linked uridine base to C_3O^+ on fragment ions that contain the cross-linked amino acid; (iv) 4-thio-U systematically shows a loss of H_2S from the precursor, and peptide backbone fragments often show an adduct mass of 94 Da corresponding to an uracil derivative that has lost H_2S .

In summary, our method enables the systematic identification of cross-linked peptides and amino-acid residues in RNA-interacting domains of RNA-binding proteins, irrespective of whether binding occurs in an “orthodox” RNA-binding

domain or in proteins/regions that lack such domains. As such, it presents a complementary counterpart to the well-established RNA-sequencing approaches that identify cross-linked RNAs and nucleotides (e.g. PAR-CLIP). In contrast to “deep sequencing” approaches, however, cross-linked peptides can not be amplified, and the identification of cross-linking sites within proteins must rely on adequate enrichment procedures, the analytical power of MS instruments, and customized data analysis pipelines. The steady development and improvement of MS instrumentation, in particular for data-dependent acquisition (DDA), can be expected to enable the comprehensive identification of cross-linking sites by application of the method described here to any RNA-protein complex of interest *in vitro* or *in vivo*.

Original Publication

Kramer K, Sachsenberg T, Beckmann BM, Qamar S, Boon KL, Hentze MW, Kohlbacher O, Urlaub H: Photo-cross-linking and high-resolution mass spectrometry for assignment of RNA-binding sites in RNA-binding proteins. *Nature Methods* **11**, 1064-1070 (2014).

Zusammenfassung

Detektion von RNA-Bindungsstellen in Ribonukleinsäure-Protein-Komplexen durch hochauflösende Massenspektrometrie

Protein-RNA-Komplexe (auch Ribonukleinsäure-Protein-Komplexe beziehungsweise RNPs) sind an essenziellen zellulären Prozessen wie Transkription, pre-mRNA-Spleißen, RNA-Transport, Translation oder Abbau von RNA entscheidend beteiligt. Die an diesen Komplexen beteiligten RNA-bindenden Proteine (RBPs) erfüllen beispielsweise die Funktion, die RNA so zu strukturieren, dass sie katalytisch wirken kann, etwa beim pre-mRNA-Spleißen. Oder die Proteine sind selbst katalytisch aktiv und werden durch die RNA an diejenigen Stellen geleitet, an denen sie wirken sollen, zum Beispiel bei siRNA-vermitteltem mRNA-Abbau.

Um die Funktion der RNPs im Detail zu verstehen, ist eine genaue Kenntnis der Protein-RNA-Interaktionsstellen unabdingbar. Klassische analytische Ansätze der Strukturbiologie wie NMR oder Röntgenstrukturanalyse sind aufgrund der hohen Anforderungen an Menge, Reinheit und Kristallisierbarkeit der Komplexe bisher nur im Einzelfall geeignet, diese Interaktionsstellen aufzuklären.

Henning Urlaub und sein Team am MPIIbpc sowie am Institut für Klinische Chemie der Universitätsmedizin Göttingen haben in den vergangenen Jahren das sogenannte UV-Crosslinking mit anschließender massenspektrometrischer Analyse als alternativen, globalen Ansatz zur Aufklärung von Protein-RNA-Bindungsstellen etabliert. Durch dosierte Bestrahlung der Ribonukleoprotein-Komplexe mit UV-Licht werden hierbei kovalente Verknüpfungen zwischen Protein und RNA an

den Stellen geschaffen, wo sich diese in unmittelbarer räumlicher Nachbarschaft befinden, also an den Bindungsstellen zwischen Proteinen und RNA. Nach partiellem enzymatischen Abbau von Proteinen und RNA sowie einer An- und Aufreinigung der so entstandenen Crosslinks lassen sich diese durch hochauflösende Massenspektrometrie empfindlich nachweisen. Dies macht es möglich, die Verknüpfungsstelle zwischen Protein und RNA in vielen Fällen auf die einzelne Aminosäure und das Nukleotid genau zu belegen.

Katharina Kramer aus der Gruppe von Henning Urlaub gelang es nun im Rahmen ihrer vom SFB 860 geförderten Doktorarbeit, einen kompletten analytischen Arbeitsablauf zur Darstellung und Analyse von Protein-RNA-Crosslinks zu etablieren, der nun in *Nature Methods* publiziert wurde. Neben der Probenvorbereitung und der massenspektrometrischen Analyse umfasst dieser Arbeitsablauf vor allem eine gemeinsam mit der Universität Tübingen entwickelte Software-Pipeline im Rahmen der *OpenMS*-Plattform, die erstmals eine systematische Auswertung globaler Crosslinking-Experimente *in vivo* etwa in Hefe ermöglicht. Mit diesen Werkzeugen ist es jetzt möglich, Protein-RNA-Kontaktstellen durch UV-induzierte Quervernetzung auch außerhalb isolierter und hochaufgereinigter RNPs auf Aminosäureebene zu belegen und so beispielsweise bisher unbekannte RNA-bindende Domänen von Proteinen aus intakten Zellen zu identifizieren.

LECTURE

Seminar Series

Wei Chen

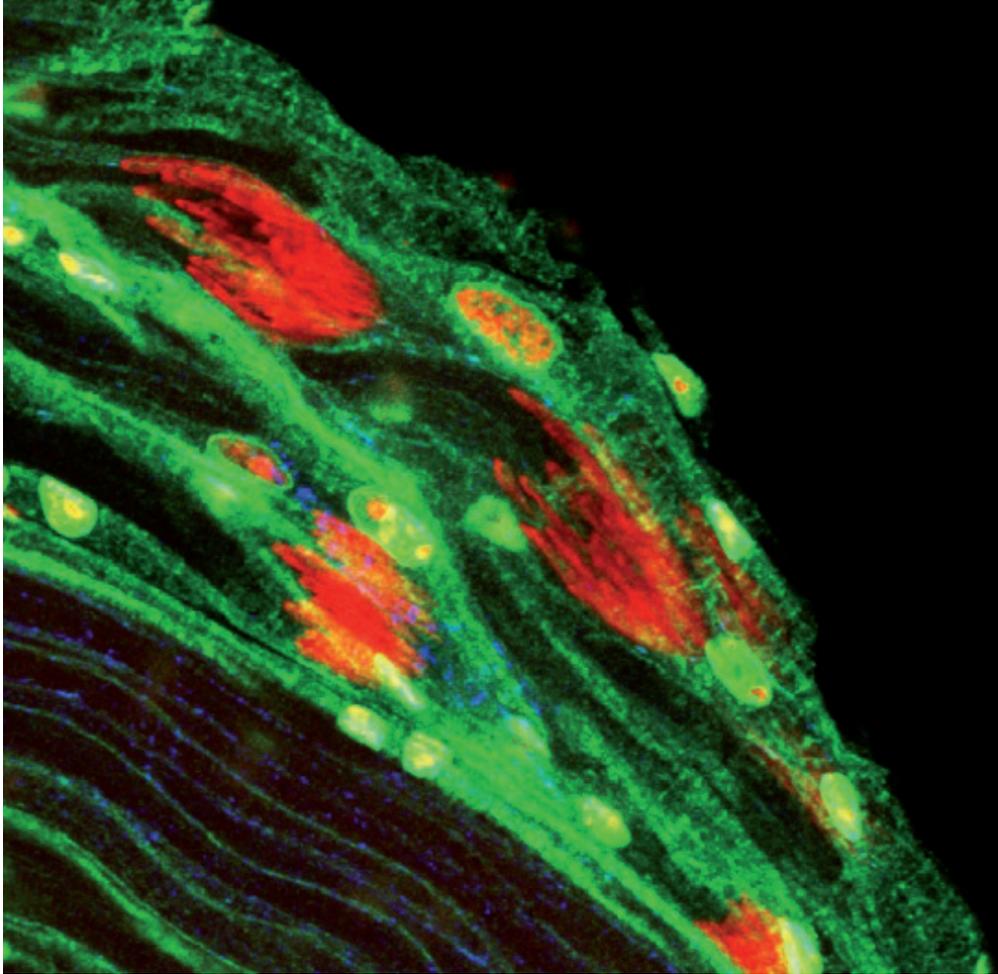
Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin, Berlin

Post-transcriptional gene regulation and deregulation in human diseases

December 11, 2014, Seminar Room, T IV, 2. OG, 5:00 pm

Host: Patrick Cramer, Abt. Molekularbiologie

Die Vorläufer der Spermien, die Spermatiden, werden im Hoden der Fruchtfliege gebildet. Zellkerne wurden rot markiert, Zellmembranen sind blau und das Zytoplasma ist grün gefärbt.
(Bild: Shcherbata, König / Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie)



Nicht nur X und Y

Ob es ein Männchen oder ein Weibchen wird und auch bleibt, darüber entscheiden bei Fliegen nicht allein die Geschlechtschromosomen. Wie Forscher um Halyna Shcherbata vom MPIbpc gemeinsam mit amerikanischen Kollegen jetzt entdeckt haben, spielen auch winzige RNA-Moleküle bei der Ausbildung und Aufrechterhaltung der männlichen und weiblichen Geschlechtsmerkmale eine Schlüsselrolle. (*Genetics*, 1. Oktober 2014)

In der Welt der Vögel beeindruckt Männer mögliche Partnerinnen durch schillernde Farben und ausgefallene Muster. Aber auch Taufliegen-Männchen kämpfen mit einem auffällig pigmentierten Hinterteil um die Gunst der Weibchen. Forscher um Halyna Shcherbata am MPIbpc und Delphine Fagegaltier am Cold Spring Harbor Laboratory (USA) haben jetzt entdeckt, dass in der Fliege nicht nur Informationen in den Geschlechtschromosomen die Ausprägung solcher Geschlechtsmerkmale bestimmen. Auch winzige RNA-Schnipsel – sogenannte mikro-RNAs (miRNAs) – sorgen dafür, dass die Insekten ihre geschlechtsspezifischen Merkmale während ihres gesamten Lebens behalten.

„Wir wissen bereits seit Längerem, dass miRNAs wichtige Feinregulatoren für verschiedenste Vorgänge in lebenden Zellen sind. Sie heften sich dazu passgenau an bestimmte Abschnitte eines Gens und bringen dieses so gewissermaßen zum ‚Verstummen‘“, erklärt die Entwicklungsbiologin Halyna

Shcherbata. Mindestens die Hälfte aller Gene, so schätzen Wissenschaftler, werden durch miRNAs reguliert.

Wie das internationale Forscherteam herausfand, werden in Fliegen auch geschlechtsspezifische Merkmale wie Größe oder Pigmentierung über unterschiedliche Mengen an miRNAs gesteuert. Mit aufwändigen Screening-Experimenten konnten die Wissenschaftler zeigen, dass Fliegenmännchen von der Larve bis zum erwachsenen Insekt in verschiedenen Geweben einen anderen Vorrat an bestimmten miRNAs enthalten als Fliegenweibchen. „Fliegenmännchen haben in den Hoden beispielsweise weit mehr der sogenannten miRNA let-7 als die Weibchen in den Eierstöcken“, schildert Halyna Shcherbata.

Manipulierten die Fliegenforscher die Bildung der miRNA let-7, waren die Folgen für Männchen wie Weibchen fatal. In den Geschlechtsorganen weiblicher Fliegen wurden plötzlich Gene angeschaltet, die sonst nur im Männchen aktiv sind – und umgekehrt. „Das Geschlecht wird somit nicht nur wäh-

rend der Fliegenentwicklung festgelegt. Auch im erwachsenen Tier muss sichergestellt werden, dass die spezifischen Geschlechtsmerkmale aufrechterhalten werden. miRNAs wie let-7 spielen dabei eine wichtige Rolle“, so Annekatrin König, Nachwuchswissenschaftlerin in der Max-Planck-Forschungsgruppe von Halyna Shcherbata.

Die Experimente der beiden Forscherteams erbrachten aber noch ein weiteres überraschendes Ergebnis. Anders als bisher gedacht, ist auch bei Fliegen ein Hormon an der Ausprägung der geschlechtsspezifischen Merkmale beteiligt. Denn die Bildung der miRNA let-7 wird über das Steroidhormon Ecdyson kontrolliert. Zu dieser Hormonklasse gehören zum Beispiel auch das Testosteron und das Estrogen beim Menschen. Bei Fliegenmutanten, die kein Ecdyson herstellen können, ist auch

die Bildung der miRNA let-7 gestört. „Hier sehen wir als Folge, dass die Zellen eine gestörte sexuelle Identität haben und Krebszellen ähneln“, sagt Halyna Shcherbata.

Interessanterweise scheint die miRNA let-7 auch bei einigen Tumorerkrankungen des Menschen wie Brust-, Eierstock- oder Hodenkrebs eine wichtige Rolle zu spielen: Die entarteten Zellen besitzen auffallend veränderte Mengen dieses RNA-Moleküls. „Da in Menschen und Fliegen die miRNA let-7 vollkommen identisch ist, könnten in beiden Organismen ganz ähnliche Regulationsmechanismen wirksam sein. Dies eröffnet neue Wege, um zu erforschen, wie die sexuelle Identität von Zellen entsteht und welche Faktoren zur Ausbildung von Tumorerkrankungen beitragen“, so die Max-Planck-Forscherin. (cr)

Rasend schneller, hocheffizienter Filtermechanismus in lebenden Zellen

Ionenkanäle sind von großer Bedeutung, wenn es darum geht, Informationen zwischen lebenden Zellen weiterzuleiten oder Funktionen wie die Herzfrequenz zu steuern. Forscher am MPIbpc und an der Universität Göttingen haben mit britischen Kollegen nun aufgeklärt, was Kaliumkanäle zu hocheffizienten Filtern macht. Wie sie herausfanden, liegt dem sehr schnellen Durchtritt der Ionen – anders als bisher gedacht – ein rein physikalisches Prinzip zugrunde. Die Ergebnisse der Forscher stellen das bisherige Wissen zur Funktionsweise solcher Kanäle auf den Kopf und helfen zu verstehen, warum bestimmte genetische Veränderungen des Kaliumionenkanals zu Krankheiten wie Herzrhythmusstörungen führen können. (*Science*, 17. Oktober 2014)

Was wir fühlen, denken oder in unserem Gedächtnis abrufen, geht mit einem Feuerwerk elektrischer Impulse einher, über die zahlreiche Nervenzellen in unserem Gehirn miteinander kommunizieren. Ionenkanäle – winzige Poren in der Zellmembran – sind dabei lebenswichtige Akteure. Auf bestimmte Reize hin öffnen oder schließen sie sich und lassen nur bestimmte Teilchen in die Zelle hinein- oder hinausströmen. Unter den Ionenkanälen stellen Kaliumkanäle die vermutlich größte Familie dar. Sie sind nicht nur daran beteiligt, Signale zwischen Nervenzellen in unserem Gehirn weiterzuleiten, sondern kontrollieren auch die Frequenz unseres Herzschlags oder steuern das Zellvolumen. Kein Wunder, dass man Kaliumkanäle daher

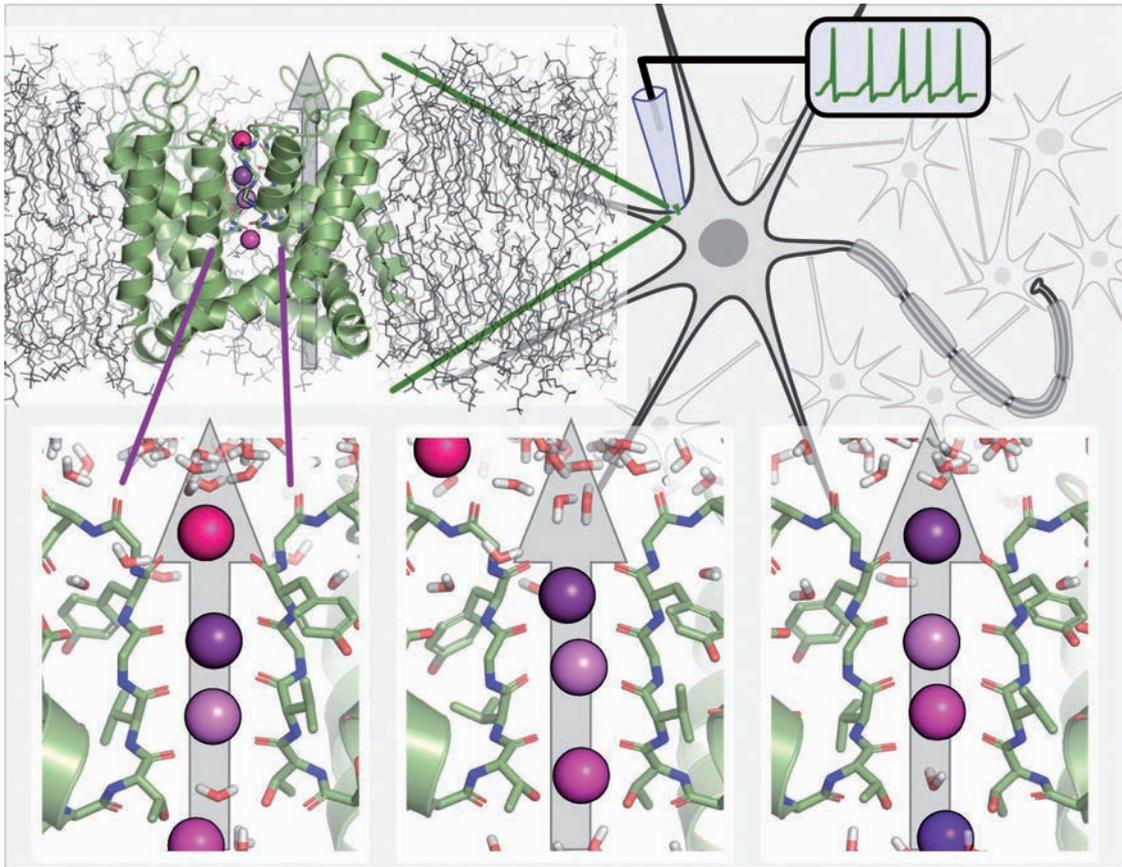
in den Membranen fast aller Zelltypen unseres Körpers findet.

Kaliumkanäle funktionieren als hocheffiziente Filter. Ihre engste Stelle im Kanal, der sogenannte Selektivitätsfilter, sorgt dafür, dass nur Kaliumionen mit ihrer charakteristischen Größe und Ladung passieren können. Ihr Durchtritt durch die Pore verläuft rasend schnell. Forschern um Bert de Groot am MPIbpc ist es jetzt zusammen mit Kollegen an den Universitäten Göttingen, Dundee und Oxford gelungen, das grundlegende physikalische Prinzip aufzuklären, das den immens schnellen Durchstrom der Kaliumionen durch den Kanal ermöglicht.

„Dieser Mechanismus funktioniert völlig anders als bisher gedacht“, erklärt der Chemiker Bert de Groot. Mithilfe

einer Vielzahl von aufwendigen Computersimulationen schaute sein Team am Göttinger MPI den Kaliumkanälen direkt „bei ihrer Arbeit“ zu. „Unser Filmclip zeigt, dass die Kaliumionen im Selektivitätsfilter des Ionenkanals wie auf Perlen aufgereiht sehr eng beieinander sitzen – so dicht, dass sich ihre Ladungen gewaltig abstoßen“, sagt Bert de Groot. Weniger als ein millionstel Millimeter sind sie voneinander entfernt. Balanciert wird diese Abstoßung durch anziehende Wechselwirkungen mit dem Kanal.

Diese feine Balance wird empfindlich gestört, wenn ein neues Kaliumion in den Kanal eintritt. Laut Bert de Groot ist dies der „Tropfen, der das Fass zum Überlaufen bringt“. Denn jetzt überwiegt, dass sich die Ladungen der Kaliumionen abstoßen und das Kalium-



Mithilfe moderner Computersimulationen gelang es dem Team um Bert de Groot, den schnellen Durchtritt der Kaliumionen durch den Kaliumkanal darzustellen, der in der Hüllmembran lebender Zellen sitzt. Überraschenderweise ist der Kanal in der Lage, die Ionen trotz ihrer starken elektrostatischen Abstoßungskräfte direkt hintereinander zu leiten und nicht – wie lange Zeit angenommen – mit Wassermolekülen zwischen den Ionen.

(Bild: David Köpfer, Bert de Groot; Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie)

ion, das am nächsten zum Ausgang sitzt, wird hinausgedrängt. „Es ist ein wenig, als ob das hinausgedrängte Ion auf einer elektrostatischen Welle reitet, die durch das einkommende Ion ausgelöst wird. Wir bezeichnen dies als Ladungs-Knock-on-Mechanismus“, ergänzt David Köpfer, Doktorand in Bert de Groots Forschungsgruppe. „Niemand hatte vorher geglaubt, dass sich die Kaliumionen im Kanal überhaupt so nahe kommen können. Bisher ging man davon aus, dass Wassermoleküle dazwischen sitzen und so den Durchtritt der Kaliumionen durch den Kanal beschleunigen“. Doch wie das internationale Forscherteam herausfand, hat Wasser genau den gegenteiligen Effekt. Es bremste den Transport der Ionen sogar.

Um diesen überraschenden Befund mit experimentellen Ergebnissen zu vergleichen, analysierten Tim Gruene und George M. Sheldrick von der Universität

Göttingen vorliegende Daten zur Struktur des Kaliumkanals. Für die Leistung, die dreidimensionale Form dieses komplexen Proteinkanals aufzuklären, erhielt der amerikanische Biochemiker und Mediziner Roderick MacKinnon im Jahr 2003 den Nobelpreis für Chemie. „Mithilfe der fortgeschrittenen Programme von George Sheldrick und der kristallografischen Expertise an der Universität Göttingen konnten wir die vorhandenen kristallografischen Daten viel genauer auswerten als bisher“, sagt Tim Gruene. „Wir haben damit einen sehr detaillierten ‚Schnappschuss‘ des Selektivitätsfilters erhalten. Und wie unsere Kollegen in ihren Simulationen sehen auch wir, dass die Kaliumionen im Selektivitätsfilter sehr eng beieinander sitzen“, bestätigt George M. Sheldrick.

Das Ergebnis des Forscherteams, das in der aktuellen Ausgabe der Fachzeitschrift *Science* veröffentlicht ist, stellt

das bisherige Wissen zur Funktionsweise solcher Kaliumkanäle auf den Kopf. „Der neu entdeckte Ladungs-Knock-on-Mechanismus scheint sehr früh in der Evolution entstanden und damit universell zu sein“, erklärt Ulrich Zachariae, Forschungsgruppenleiter an der Universität Dundee. „Und vermutlich funktionieren viele Kaliumkanäle nach diesem grundlegenden physikalischen Prinzip“.

Ein detailliertes Verständnis der Funktion von Ionenkanälen ist auch entscheidend, um Antworten auf wichtige medizinische Fragen zu erhalten. „Wenn wir den molekularen Mechanismus kennen, der den extrem schnellen Durchstrom der Kaliumionen durch den Kanal ermöglicht, können wir auch viel besser verstehen, warum sich bestimmte genetische Veränderungen des Ionenkanals so fatal auswirken und zu Krankheiten wie Herzrhythmusstörungen führen können“, so Bert de Groot. (cr)

Stefan Hell zieht in die *Hall of Fame der deutschen Forschung* ein

Der frisch gekürte Chemie-Nobelpreisträger Stefan W. Hell wurde am 28. Oktober mit der Aufnahme in die *Hall of Fame der deutschen Forschung* für seine Verdienste um den Forschungs- und Wirtschaftsstandort Deutschland geehrt. Die von Stefan Hell erfundene und entwickelte STED-Mikroskopie revolutionierte die Lichtmikroskopie und eröffnete völlig neue Einblicke in den Nanokosmos lebender Zellen. Zwei Ausgründungen aus seiner Abteilung *NanoBiophotonik* am MPIbpc machen das Verfahren weltweit kommerziell nutzbar, etwa durch neu entwickelte Farbstoffe oder speziell angefertigte STED-Mikroskope.



Ludwig Pohl und Stefan Hell bei der feierlichen Veranstaltung zur Aufnahme in die *Hall of Fame der deutschen Forschung* in Essen.

(Bild: Wolfgang von Brauchitsch / manager magazin)

Wenn eine Entdeckung wirklich wichtig ist, oder sich am Ende sogar als revolutionär erweist, so wird sie zwangsläufig wirtschaftliche Relevanz haben“, sagte Stefan Hell anlässlich der feierlichen Festveranstaltung im Weltkulturerbe der Essener Zeche Zollverein mit Gästen aus Wirtschaft, Wissenschaft und Politik.

Mit der Aufnahme in die *Hall of Fame der deutschen Forschung* ehrt das manager magazin seit dem Jahr 2009

herausragende Wissenschaftler, die den Forschungsstandort Deutschland bereichert und den Wirtschaftsstandort Deutschland zukunftsfähiger gemacht haben.

In die *Hall of Fame* wurden bisher 14 herausragende Forscher und Entwickler berufen. Stefan Hell ist der zehnte Nobelpreisträger in der Ruhmeshalle. Bereits im Frühjahr hatte die unabhängige Jury der *Hall of Fame der deutschen Forschung* den Göttinger Physiker zum

Laureaten des Jahres 2014 ernannt. Er folgt prominenten Preisträgern wie Manfred Eigen, Peter Grünberg, Theodor Hänsch, Harald zur Hausen oder Christiane Nüsslein-Volhard. Neben Stefan Hell wird in diesem Jahr der Industrie-Entwickler Ludwig Pohl vom Darmstädter Unternehmen *Merck* ausgezeichnet, der Flüssigkristalle industriell nutzbar gemacht hat, etwa für die Produktion von Flachbildschirmen. (cr)



KUNST
AM FASSBERG

kunstzellen – Die Kraft der Assoziationen

Vielgestaltige Werke der Göttinger Künstlerin Rita Schepp-Wohlgethan waren in der neuen *Kunst am Fassberg*-Serie unter dem Titel *kunstzellen* im Foyer zu sehen. Die Ausstellung wurde am 18. Oktober feierlich am Institut eröffnet und endete am 12. November.

Rita Schepp-Wohlgethan ist eine aufmerksame Künstlerin. Sie setzt sich gerne mit der Umgebung auseinander, in der sie ihre Kunstwerke präsentiert. Es ist ihr wichtig, inhaltliche Beziehungen zwischen ihren Werken und dem Ort herzustellen, an dem sie betrachtet werden können. Am Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie war zu sehen, wie sich die Göttinger Künstlerin auf das Foyer des Forschungsinstituts eingelassen hat und wie sie durch Veränderung der Umgebung eine Ausstellungssituation gestaltet hat, in der sie ihre Werke adäquat präsentiert sieht.



Rita Schepp-Wohlgethan bei der Vernissage am MPIbpc.

kunstzellen hat Rita Schepp-Wohlgethan ihre Ausstellung genannt, in der sie die ganze Breite ihrer künstlerischen Ausdrucksformen zeigt – von Monotypien und Acrylbildern über Collagen und Fotos bis hin zu eigenen Texten. Die Künstlerin lässt es absichtlich offen, auf welche Verbindung von *Kunst* und *Zellen* sie hinaus will.

Bei *Zellen* muss man unvermittelt an die kleinsten Einheiten des Lebens denken – eine Assoziation, die gerade in einer biologischen Forschungseinrichtung naheliegt. Um eine schlichte Illustration des Lebendigen geht es der Künstlerin aber nicht, auch wenn ihre Bilder eine starke, innewohnende Vitalität ausstrahlen.

Gefängniszellen, in denen die Kunst eingesperrt ist, hat Rita Schepp-Wohlgethan sicher nicht gemeint, auch wenn man im Hintergrund des Plakats und der Einladungskarte Strukturen sieht, die an vergitterte Gefängnisfenster erinnern mögen. Die Künstlerin erlaubt sich hierbei eine Anspielung auf die Gitterstellwände, die das Foyer zur temporären Ausstellungshalle machten.

Der Gedanke an *Klosterzellen*, den Orten der Einkehr und Kontemplation der Mönche, ist schon zielführender. So wie sich die Mönche in ihren engen Rückzugsbereichen mit der Schrift auseinandergesetzt haben, sollen Rita Schepp-Wohlgethans intime *Kunstzellen* den Betrachtern eine enge und ungestörte Auseinandersetzung mit ihren zum Teil kleinformatigen Werken ermöglichen.

Kunstzellen – künstliche Zellen? Die Besucher waren eingeladen, beim Gang durch den Parcours der Zellen im Foyer zu eigenen Assoziationen zu kommen.

Ulrich Nauber

Mehr Informationen zur Serie *Kunst am Fassberg* finden Sie auf unserer Homepage unter www.mpibpc.mpg.de/kunst-am-fassberg



The latest part of the art series *Kunst am Fassberg* played with the German word *kunstzelle* (art cell).
(Picture: Rita Schepp-Wohlgethan)

Cells living with art

Since October 18th, the multiform art of Rita Schepp-Wohlgethan has been exhibited at the institute's foyer. Rita Schepp-Wohlgethan is a local artist who likes to communicate with the environment in which her artwork is presented. The institute's foyer is not solely the showroom of the exhibition, it was an inspiration to the artist and this is reflected in her work.

Rita Schepp-Wohlgethan's artistic forms of expression range from monotypes and acrylic paintings through collages and photographs to her own texts. The name that she chose for her exhibition is *kunstzellen* (art cells). However, what type of connection between *art* and *cells* she refers to is deliberately left open.

Cell – a scientist is probably reminded of the smallest functional unit of life. Another association might be a prison cell, but then again Rita Schepp-Wohlgethan's artwork radiates too much vitality to imply something restricting. Perhaps, it is more preferable to think of monastery cells, places of reflection and contemplation. As the friars use their confined cells to study, Rita Schepp-Wohlgethan's intimate *art cells* enabled the observer to have a close and undisturbed interaction with her works. (lk)

Nächster Halt: Faßberg

Seit dem 1. November fahren drei neue Buslinien den Faßberg an. Sie ersetzen mit neuen Nummern und neuen Farben im Busfahrplan die Linien 5 und 51.



Bilder: Lea Klement, Elisa Schubert

Die Linien 21 und 22 lösten die Linie 5 ab und pendeln in den Hauptverkehrszeiten alle 30 Minuten zwischen Nikolausberg und – das ist neu – den Zietenterrassen (Linie 21) bzw. der Charlottenburger Straße (Linie 22). Die neue Linie 21 fährt auch über den Bahnhof. Die Schnelllinie 51 wurde durch die Linie 23 ersetzt. Sie ist nach wie

vor halbstündig getaktet und bringt die Fahrgäste zum Bahnhof. Das gesamte Netz der Göttinger Stadtbusse wurde komplett überarbeitet. Dies geschah das letzte Mal vor 16 Jahren. Seitdem hat sich in Göttingen viel verändert, im baulichen Bereich, aber auch bei den Ansprüchen der Fahrgäste. (lk) www.goevb.de

Next station: Faßberg

Since November 1st there are three new bus lines driving via Faßberg. They have new numbers as well as a new color in the bus timetable. Lines number 21 and 22 replace line 5. During rush hour they commute every thirty minutes between Nikolausberg and – this is new – Zietenterrassen (line 21), or Charlottenburger Straße (line 22), respectively.

Bus 21 also stops at the train station. Line 51 with the destination train station was replaced by the new fast bus line 23.

Göttingen's whole bus network was completely revised after 16 years. Much has changed within the urban structure as did the passengers demands. (lk) www.goevb.de



Goodbye, bus 51! It has been replaced by bus line 23.

Faßberg: Abfahrtszeiten / departure time (Mo – Fr)

	erster Bus	8:00 - 20:00	> 20:00	letzter Bus	Richtung: Stadt direction: city
L 21	5:47	25, 55	51	22:51	
L 22	5:06	10, 40	21	23:21	
L 23	7:50	20, 50	-	18:20	

Weitere Neuerungen im Göttinger Busnetz

- vor 8 Uhr verstärkte Anbindung an den Bahnhof
- neue Direktverbindungen
- optimierte Umsteigemöglichkeiten
- längere Betriebszeiten am Samstagabend
- acht neue Nachtlinien

Further modifications of Göttingen's bus network

- enhanced connection to the train station before 8 am
- new direct connections
- optimized possibilities for changing busses
- longer time of operation on Saturday evening
- eight new nightlines

Kettensäge-Kunstwerk versteigert

Die wunderschön geformte Lichtsäule, die Arno Möller beim diesjährigen Sommerfest mit viel Kraft und Fingerspitzengefühl aus einer Linde herausarbeitete, ist versteigert. Pünktlich um 14 Uhr eröffnete Eva-Maria Hölscher am 23. Oktober die Auktion im Foyer. Rund 30 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter verfolgten gespannt, wie der Preis von anfänglich 100 Euro rasch in die Höhe kletterte.

Für 320 Euro durfte schließlich Ruthild Winkler-Oswatitsch das 55 Kilogramm schwere Kunstwerk ihr Eigen nennen. „Es hat mich sehr berührt, was Herr Möller mit einer Kettensäge aus einem Stück Lindenholz Schönes geschaffen hat und wie elegant und kreativ das Werk ausgeführt ist. Es ist generös, dass der Künstler den Erlös für das nächste Sommerfest spendet. Dieses wird von Frau Hölscher immer mit so viel Herz und Engagement organisiert. Es ist mir ein wichtiges Anliegen, das Sommerfest auf diese Weise unterstützen zu können“. (lk)



Arno Möller, Ruthild Winkler-Oswatitsch und Eva-Maria Hölscher (von links) bei der Auktion.

Wissen kommt als Video an

Die Max-Planck-Gesellschaft (MPG) startet ein neues Portal für Wissenschaftsfilme. In der Reihe *MaxPlanckCinema* werden Forschungsthemen der Institute originell und gleichzeitig anspruchsvoll vorgestellt. Ein neuer Blog, Social-Media-Aktionen und gezielte Medienkooperationen sollen insbesondere Schüler auf dieses Angebot aufmerksam machen.

Während die Comicsequenzen als lebensnahe Übersetzungshilfe komplexer Sachverhalte dienen, sind in den Filmen ebenso Forschungsanimationen, Aufnahmen aus Laboren oder Interviews mit Wissenschaftlern zu sehen. So kann die Forschung auch an den Instituten verortet werden und die Wissenschaftler werden sichtbar. Die Filme produziert die MPG gemeinsam mit einer TV-Produktionsfirma.

Die Themen sind vielfältig, drehen sich um die Biologie des Lernens, das Feuer der Sonnen, Wellen in der Raum-Zeit bis hin zu fremdgehenden Blaumeisen.

Etwa acht bis zehn Minuten lang sind diese Videos, die in ein Thema unterhaltsam einführen. Zu jedem gibt es einen *Grundlagenfilm*, der in vier Minuten mittels 3D-Grafiken

tiefer in die Thematik einsteigt und das im Einstiegsfilm konzeptuell verstandene Wissen festigt.

Über drei Jahre hinweg sind Filmpaare zu 24 aktuellen Forschungsprojekten der MPG entstanden. Die ersten acht Filmpaare sind ab sofort gebündelt auf einem eigens eingerichteten Blog zu sehen: <http://maxplanckcinema.tumblr.com>



(Nach einer Pressemitteilung der MPG)

*Es wächst die Tat an Qualität,
wenn vor ihr ein Gedanke steht.
Von dieser Weisheit inspiriert,
hat man den Denker installiert.
Zurückgezogen sitzt er hier
zwischen den Türmen 5 und 4.
Doch stört das Denkskulptur-Idyll,
weil man den Platz erneuern will.*



*Der Arbeitsplatz wird optimiert,
indem entfernt wird, was verziert.
So stellt man ihn ganz kurz und knapp
gleich hinter Absperrzäunen ab.
Den Denker stört das keine Spur,
denn frei ist man im Geiste nur.*

*Sein Haupt verhüllt jetzt Arbeits-
kleidung.
Das dient der Denkverlust-
Vermeidung.
Ein Denker denkt gewissenhaft;
nur so dient er der Wissenschaft.*



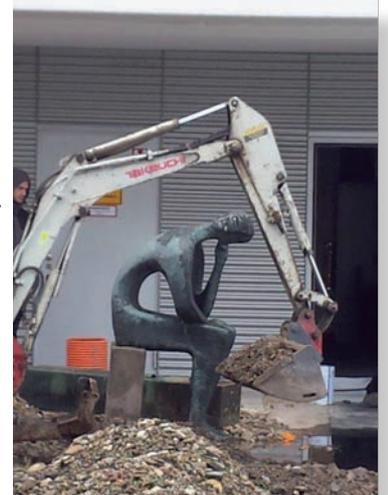
Denk mal

...eine poetische Betrachtung von
Niko Kahlen zur Denker-Figur während der
Bauarbeiten



*Jetzt soll das Werkzeug er verwalten
Und zwischendurch den Besen halten.
Auch das stört seine Ruhe nicht.
Nichts führt den Denker hinters Licht.*

*Hydraulisch folgt die Erdbewegung.
Noch immer zeigt er keine Regung.
Ein kluger Kopf denkt visionär.
Der Standort stört da weniger.*



*Zu guter Letzt setzt man ihn hin,
wo er schon saß von Anbeginn.
Das Umfeld scheint in neuem Glanz.
Für ihn hat's keine Relevanz.
Ganz in sich selbst ruht dieser Mann.
Ein Denker, der nicht anders kann.*



Text und Bilder: Niko Kahlen,
Mitarbeiter im BTL

Bauarbeiten sind beinahe abgeschlossen

Mittlerweile ist es um ihn herum ruhiger geworden. Noch stehen ein paar Schubkarren da, aber der Denker, der zwischen Turm 4 und 5 sitzt, hat nicht mehr viel zu beobachten. Mit dem stürmischen Herbststeinbruch sind im Erdgeschossbereich der Türme sämtliche Dachabdichtungs- und Dämmungsarbeiten abgeschlossen worden. Jetzt werden noch die letzten Platten verlegt und die Grünbereiche eingerichtet.

Mit Hochdruck geht es derzeit eine Etage tiefer an die Sockelobergeschosse von Turm 2 bis Turm 4, um auch dort das Dach abzudichten und optisch dem Erdgeschossbereich anzupassen.

Neue Bänke und Grünbereiche runden die Sanierungsarbeiten ab

Für ein einheitliches Gesamtbild wurden weitere 350 Quadratmeter einer bereits früher abgedichteten Dachfläche beim Verlegen der Platten und bei der

Anlage der Grünflächen mit einbezogen. Diese zusätzlichen Sanierungsarbeiten haben die Bauarbeiten um etwa drei Wochen verzögert. Zu guter Letzt werden die Ruhezone schließlich noch mit neuen Bänken versehen, die dann spätestens im kommenden Frühjahr zu Pausen in der Sonne einladen. Reiner Schymura, Leiter der Betriebstechnik, hofft, dass – wenn das Wetter mitspielt – Ende November die Bauarbeiten abgeschlossen werden können. (lk)

Mitarbeiterseiten im Internet und Intranet – wie Sie diese selbst pflegen können

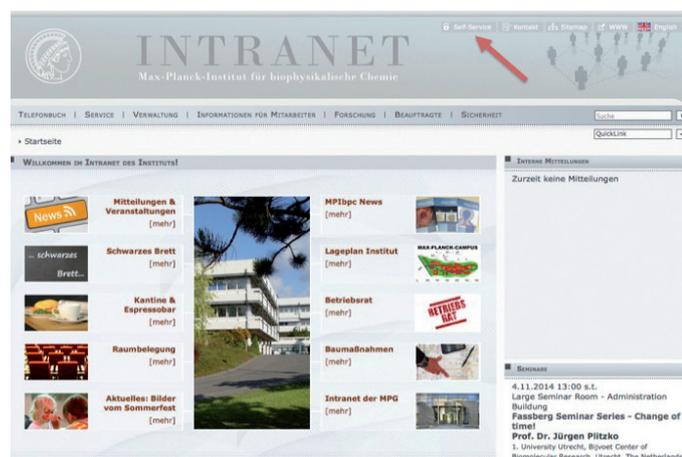
Vielleicht ist Ihnen im Intranet der neue Button *Self-Service* in der Menüleiste ganz oben aufgefallen? Wenn Sie sich auf dieser Seite anmelden, können Sie Ihre eigene Mitarbeiterseite im Internet und Intranet mit Lebenslauf und Forschungsinteressen ergänzen. Bitte beachten Sie dabei, dass Sie sich auf der Self-Service-Seite nicht mit Ihrem Instituts-Account anmelden können. Dafür benötigen Sie spezielle Zugangsdaten, die Sie per E-Mail an webmaster@mpibpc.mpg.de anfordern müssen.

Sie können Ihre Texte auf Deutsch und Englisch eingeben. Ob die Informationen im Intranet, Internet oder noch gar nicht (privat) sichtbar sein sollen, müssen Sie

anschließend selbst konfigurieren. Bitte ändern Sie keine anderen Daten zu Ihrer Person. Die Änderung ist nicht wirksam, da diese Einstellungen jede Nacht überschrieben werden. Wenden Sie sich bei Korrekturen bitte an Ihr Sekretariat oder den IT & Elektronik Service, die unsere Mitarbeiterdatenbank gemeinsam pflegen.

Weitere Informationen finden Sie im Intranet unter <https://intranet.mpibpc.mpg.de/de/web>

Petra Küster



So gelangen Sie zum Self-Service der Mitarbeiterseiten.

Staff pages in the internet and intranet – how you can maintain them by yourself

Did you notice the new button in the top menu of our intranet? It allows you to add your CV and research interests to your personal page in the internet and intranet. Please note that you cannot use your institute's credential to log into the self-service page. To receive your login details, please send an e-mail to

webmaster@mpibpc.mpg.de

You can add your texts in German and English. In the next step you have to configure if your CV and/or research interests are visible in the internet, intranet, or not at all (private).

Please do not change any other information. The change is not effective as the data are overwritten every night.

If you need to correct your personal data, please check with the office of your group or ITES. They maintain the institute's staff database.

Please find more information in the intranet following the link at:

<https://intranet.mpibpc.mpg.de/en/web>

Petra Küster

Frederik Köpper verstärkt die Pressestelle

Die Arbeit in der Pressestelle habe ich bereits während eines Praktikums Anfang des Jahres kennengelernt. Schnell haben mich die vielfältigen Aufgaben, die das MPIbpc für die Öffentlichkeitsarbeit bereithält, überzeugt, und das tolle Team in der Pressestelle tat sein Übriges. Ich komme selbst aus der Molekularbiologie. Noch bis vor einem Jahr war ich Postdoktorand an der Göttinger Universität, wo ich schon meinen Master gemacht und für meine Doktorarbeit geforscht hatte. Bereits seit Längerem hatte ich den Wunsch, meinen Platz an der Laborbank zu verlassen, der Wissenschaft aber dennoch beruflich verbunden zu bleiben. Dementsprechend engagierte ich mich schon während meiner Doktorarbeit in der Wissenschaftskommunikation und sammelte erste Erfahrungen im Schreiben populärwissenschaftlicher Aufsätze. Nun kümmere ich

mich am MPIbpc um Pressemitteilungen, den Webauftritt und vieles mehr. Auch in den *MPIbpc News* werden Sie ab und an Texte von mir finden. Ich freue mich auf eine gute Zusammenarbeit!



Kontakt

☎ 1310

✉ frederik.koepfer@mpibpc.mpg.de

I already had the opportunity to get to know the work in the PR office during an internship earlier this year. The diverse tasks quickly convinced me as well as the great PR team. I am a molecular biologist myself and was a postdoc at the University of Göttingen until a year ago, where I had already received my Master's degree and PhD. For quite some time I have had the plan to leave the bench but still wanted to keep in touch with science. I therefore committed myself to science communication already during my PhD years and gained experience in writing popular scientific articles. At the MPIbpc I now take care of press releases, the website, and much more. Also in the *MPIbpc News* you will soon find contributions of mine. I am looking forward to a good cooperation!

Frederik Köpper



(Bilder: Lea Klement)

Kürbiskunstwerke

Am 30. Oktober, einen Tag vor Halloween, hieß es am Institut: Ran an den Kürbis! Die PhD / Postdoc Community hat in diesem Jahr erstmals ein Laternenschnitzen veranstaltet. Rund 30 Institutsangehörige samt Kindern gingen mit Werkzeug und Zeichenvorlage ans Werk. Mit viel Geschick verwandelten sie zehn Kürbisse, jeder zwischen fünf und sieben Kilogramm schwer, in leuchtende Kunstwerke. Die Organisatoren, Evelina und Evan, verrieten dazu Tipps und Tricks. (lk)

Pumpkin Art

On October 30th, one day before Halloween, the PhD/Postdoc Community hosted the institute's first Pumpkin Carving. They provided templates, carving tools and ten pumpkins weighing between five and seven kilograms each. About 30 institute employees and their children followed the invitation and transformed the pumpkins into luminous artwork. Evelina and Evan, the organizers of the event, passed on tips and tricks. (lk)



Evan und Neva mit einem selbstgeschnittenen Kürbiskopf.

2. Nacht des Wissens in Göttingen

Zur zweiten Nacht des Wissens werden am Samstag, den 17. Januar 2015 von 17 bis 24 Uhr die Einrichtungen des Göttingen Campus ihre Türen für Besucherinnen und Besucher jeden Alters öffnen. Spannende Einblicke in die Welt der Wissenschaft bieten Science Slams, Vorträge, Mitmachaktionen, Führungen, Workshops, Filme, Experimente und vieles mehr. Das MPIbpc wird sich mit den anderen Göttinger MPIs am neuen MPI für Sonnensystemforschung präsentieren. Der Eintritt zu allen Veranstaltungen der *Nacht des Wissens* ist frei. (es)

On Saturday, January 17th 2015, the second *Nacht des Wissens* will take place in Göttingen. From 5 pm until midnight, the Göttingen Campus opens its doors for visitors of all ages. Science slams, talks, hands-on activities, workshops, movies, and experiments will offer exciting insights into the world of science. The MPIbpc will present itself together with the other Göttingen MPIs at the MPI for Solar System Research. Admission to all events is free of charge. (lk)



GWGDG Info

Nach der Überarbeitung durch den Hersteller steht den Kunden der GWGDG seit Kurzem eine neue und verbesserte Version des **GWGDG Cloud Share Klienten** sowohl für Android als auch für iOS zur Verfügung. Dieser ermöglicht es jetzt auch unter iOS, Dateien an andere Apps zu übergeben. Auch die Einstellungen, die Upload-Funktion sowie der Einladen-Dialog wurden signifikant verbessert.

Um ihre Kunden beim Betrieb und bei der Nutzung von IT-Diensten noch umfassender zu unterstützen, hat die GWGDG ihr Portfolio an Informationsquellen jetzt um ein **interaktives FAQ** (zu erreichen unter faq.gwdg.de) erweitert. Hier können aktuelle Informationen, Fragen und Antworten – in Deutsch und Englisch – zu verschiedenen IT-Themen zielgerichtet abgerufen, aber auch selbst Fragen gestellt werden. Von den daraus resultierenden FAQ-Beiträgen und der stetig wachsenden Wissensbasis profitieren alle Kunden der GWGDG.

Seit September 2014 betreibt die GWGDG einen Dienst zur Archivierung und Veröffentlichung von Multimedia-Daten im Testbetrieb. Dieser wird durch das Open-Source-Projekt imeji realisiert. imeji wurde 2012 gestartet und erfreut sich einer stetig wachsenden Gruppe von Entwicklern und Anwendern. Neben dem einfachen Hinzufügen von Objekten via Drag&Drop ist auch die Verwaltung der Objekte in Collections und Albums sinnvoll gestaltet. Das Besondere ist die freie Wahl des Metadaten-Profiles für die einzelnen Collections und die Möglichkeit, eigene Metadaten-Profile selbst in beliebiger Komplexität zu erzeugen. Alle Objekte können dann öffentlich geteilt und über einen URL der Collection erreicht werden.

Ein **Surface 2** von Microsoft kann einem Windows Store App-Entwickler gute Dienste leisten. Nachdem die ersten Tests der Windows Store App im Windows Tablet-Emulator erfolgreich absolviert worden sind, möchte

jeder Entwickler auch gerne die fertige App auf dem Zielgerät testen und ausprobieren. Das Surface 2 ist hierfür gut nutzbar. Im Rahmen einer Forschungsk Kooperation zwischen der GWGDG und der T-Systems Solutions for Research GmbH werden insbesondere kollektive Kommunikationsalgorithmen für die **PGAS-Programmierschnittstelle GASPI** erforscht. Die GASPI-Spezifikation wurde im Rahmen eines BMBF-Projektes bis Ende Juni 2014 entwickelt, und eine Referenzimplementierung wurde vom Fraunhofer-Institut für Techno- und Wirtschaftsmathematik (FhG ITWM) zur Verfügung gestellt. Diese Kommunikationsschnittstelle kann insbesondere für Nutzer des Message Passing Interfaces als Alternative oder Ergänzung von Interesse sein.

Weitere Informationen finden Sie in den GWGDG-Nachrichten 9-10/2014. Alle Ausgaben der GWGDG-Nachrichten finden Sie unter www.gwdg.de/gwdg-nr.

Thomas Otto



10th European Biophysics Congress

JULY 18 to 22, 2015 DRESDEN, GERMANY

EBSA 2015

PLENARY SPEAKERS

MARILEEN DOGTEROM FOM Institute AMOLF, Amsterdam, NL

CHRISTIAN EGGELING University of Oxford, UK

MARTIN FUSSENEGGER Swiss Federal Institute of Technology, Zurich, CH

RAYMOND GOLDSTEIN University of Cambridge, UK

ANGELA M. GRONENBORN University of Pittsburgh, USA

GUNNAR VON HEIJNE Stockholm University, SE

MATTHIAS RIEF Technical University Munich, D

SYMPOSIA

Protein Structure and Function
Membrane Structure and Domains
Membranes and Vesicles
Systems Biology and Multi-Cellular Systems
Synthetic Biology and Nanobiophysics
Protein-Nucleic Acid Interactions
Live Imaging and Optical Microscopy
Biospectroscopy, EPR and NMR
Supramolecular Assemblies and Aggregation
Molecular Motors
Single Molecule Biophysics
Biologically Active Peptides

Photobiophysics & Biological Electron & Proton Transfer
Material Science in Biophysics
Intrinsically Disordered Proteins
Protein Folding, Assembly and Stability
Biomolecular Simulation & Computational Biophysics
New Methods for Computational Biophysics
Molecular Recognition
Cell Biophysics and Signaling
Channels and Transporters
Protein-Lipid Interactions
Neurosciences
New and Notable

INTERNATIONAL CONGRESS CENTER DRESDEN, GERMANY

CONGRESS CHAIRMAN Prof. Dr. Helmut Grubmüller

Max Planck Institute for Biophysical Chemistry, Göttingen, Germany

REGISTRATION OPENING OCTOBER 2014

info@ebsa2015.org

www.ebsa2015.org

IMPRESSUM

Redaktionsleitung

Carmen Rotte (cr), Tel. 1304

Redaktion

Carmen Rotte, Tel. 1304

Elisa Schubert (es), Tel. 1308

Lea-Louisa Klement (lk), Tel. 1646

Mitarbeit

Frederik Köpper, Tel. 1310

Ulrich Kuhnt

Layout

Elisa Schubert, Tel. 1308

Titelbild

Romina Hofele

Fotos

Irene Böttcher-Gajewski, Tel. 1135

Peter Goldmann, Tel. 1423

Druck

PR Druckerei Göttingen

Max-Planck-Institut für biophysikalische Chemie

Am Faßberg 11, 37077 Göttingen

Tel. +49 551 201-0

Fax +49 551 201-1222

www.mpibpc.mpg.de