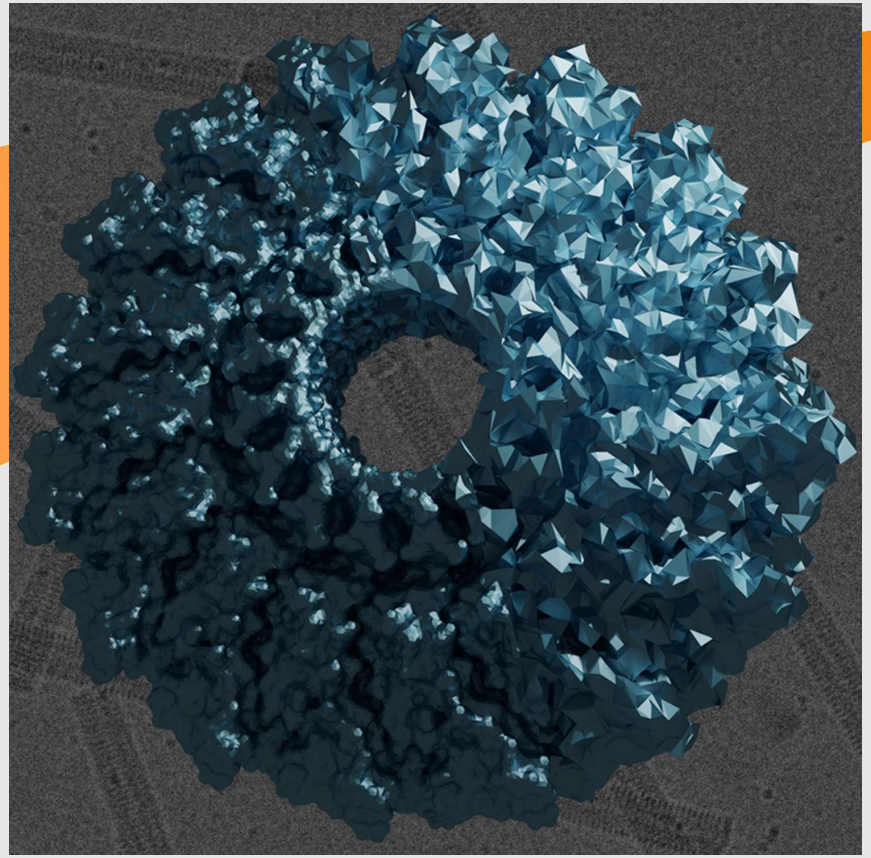
DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.



Rundschreiben 2021

Grußwort des 1. Vorsitzenden

Liebe Mitglieder der Deutschen Gesellschaft für Biophysik,

„seit einem Jahr diene ich nun der Deutschen Gesellschaft für Biophysik als Vorsitzender und blicke auf eine Zeit zurück, die natürlich erheblich von der Corona-Pandemie geprägt ist. Veranstaltungen wurden zunächst verschoben, dann mussten sie schließlich vollständig abgesagt werden. Auch unsere Jahrestagung, die ursprünglich vom 20.-23. September 2020 in Konstanz stattfinden sollte, wurde auf September 2022 verlegt. Ich bedanke mich bei allen Beteiligten, die mit vollem Einsatz und großer Geduld und Frustrationstoleranz die Organisation vorangetrieben haben, insbesondere Karin Hauser und Andreas Zumbusch. Ich weiß, wie schwer ihnen die unvermeidliche Entscheidung zur Verschiebung gefallen ist. Ich freue mich schon jetzt auf die Tagung, bei der wir uns wieder persönlich und dreidimensional begegnen werden!“ – Das waren meine Worte an Sie an dieser Stelle vor genau einem Jahr. Und was soll ich sagen? Ich könnte es annähernd wortgleich wieder so schreiben, leider! Denn was die Corona-Situation anbelangt, hat sich fast nichts verändert. Wir alle leiden nach wie vor unter erheblichen Einschränkungen, wir alle zeigen eindrucksvoll, wie man mit Engagement und Kreativität das beste aus der Situation macht, und wir alle hoffen, dass es im nächsten Jahr -- diesmal 2022 -- besser wird und wir uns wieder regelmäßig in personam werden treffen können.

Dies gilt natürlich ganz besonders für unsere Jahrestagung, die am 25.-28. September 2022 in Konstanz stattfinden wird. Ich schreibe ausdrücklich „stattfinden wird“, weil ich ein unverbesserlicher Optimist bin und davon ausgehe, dass dies auch klappen wird. Mein Optimismus gründet sich auch in dem ungebrochen hohen und umsichtigen Engagement von Karin Hauser, Andreas Zumbusch und ihren Mitarbeitern, die die Organisation in großen Schritten vorantreiben.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Grußwort des 1. Vorsitzenden

Wie unter www.dgfb.org (-> Tagungen) sehr gut zu sehen ist, ist es den Organisatoren bereits jetzt schon gelungen, eine erstklassige Sprecherliste zusammenzustellen, und auch für ein attraktives Rahmenprogramm ist bereits bestens gesorgt. Dafür gebührt Karin und Andreas unser aller ganz besonderer Dank!

Die Sektion I (Molekular Biophysik) hat vom 18.-20. März 2021 sehr erfolgreich ein Online-Meeting abgehalten, und plant dies auch für 2022, wobei eine Zusammenarbeit mit Skandinavien angedacht ist . Ebenso erfolgreich war das Meeting der Sektion III (Zelluläre Biophysik), welches vom 27.-29. September 2021 in Berlin stattgefunden hat und unter dem Motto ‚Mechanosensing and Evolution' stand. Auch hier ein herzliches Dankeschön an alle Organisatoren!
Für den 23.-25. Mai 2022 ist wieder eine Membran-Biophysik-Tagung im Kloster Drübeck geplant, diesmal organisiert von Peter Hildebrand, Jessika Schlögl und Kollegen aus Prag (Radek Sachl und Petra Riegerová). Auch dafür halte ich ganz feste die Daumen, dass sich die Omikron-Variante an die Regeln des guten Anstandes hält. Auch hier geht mein besonderer Dank an die Organisatoren, die in diesen Zeiten ganz besonders gefordert sind.

Ich möchte die Gelegenheit nutzen und an dieser Stelle auch kurz über die Europäischen und internationalen Biophysik-Aktivitäten berichten. Wie Sie sicher wissen, ist die DGfB Mitglied der European Biophysical Societies' Association (EBSA) und der International Union for Pure and Applied Biophysics (IUPAB). Wir werden dort vertreten durch Sarah Köster und mich (EBSA) und durch Hans-Joachim Galla (IUPAB). Von daher ist es auch das Verdienst der DGfB, dass der EBSA-Biophysik-Kongress vom 24.-28.7. dieses Jahres in Wien mit über 400 Teilnehmern vor Ort und weiteren über 250 Online-Teilnehmern ein unter den

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Grußwort des 1. Vorsitzenden

gegebenen Umständen außerordentlicher Erfolg war – nicht zuletzt Dank des großen Engagements von Elena Pohl und ihren Mitarbeitern, welche nun das EBSA-Präsidentenamt innehat. Die Organisatoren haben eindrucksvoll gezeigt, wie man unter Corona-Bedingungen eine sehr flexible Hybrid-Tagung auf die Beine stellt. Wenn Sie mir die Bemerkung gestatten: Davon könnte die (US) Biophysical Society, was den Kongress vom 19.-23.2.2022 in San Francisco anbelangt, durchaus noch etwas lernen!

Eine ganz besondere Freude ist es mir, Ihnen unsere erfolgreiche Bewerbung um die Ausrichtung des IUPAB-Welt-Kongresses 2027 zu vermelden, der in Berlin stattfinden wird. Hier gebührt unser aller ganz besonderer Dank Klaus Gerwert, der die Delegierten mit großem Engagement und einem sehr durchdachten Konzept überzeugt hat. Es bietet sich hier sogar die besondere Chance, einen gemeinsamen IUPAB/EBSA-Kongress nach dem sehr erfolgreichen Vorbild von Edinburgh (2017) auszurichten.

Schließlich möchte ich noch auf den kommenden EBSA-Kongress in Stockholm hinweisen, der vom 30. Juli bis 4. August 2023 unter der Leitung von Maria Sunnerhagen stattfinden und die Tradition von EBSA fortsetzen wird, Europa möglichst gleichmäßig zu bereisen – Skandinavien war hier längst überfällig!
Auch den Mitgliedern des Vorstands gilt mein besonderer Dank für die Fortsetzung unserer ausgesprochen effizienten und kollegialen Zusammenarbeit in Covid-Zeiten, die uns so manches Mal besondere Kreativität und ein gewisses Improvisationstalent abverlangt hat.

Besonders bedanken möchte ich mich bei unserem Sekretär Thomas Gutsmann und unserem Kassenführer Sandro Keller, wie auch bei den beiden

Grußwort des 1. Vorsitzenden

stellvertretenden Vorständen Klaus Gerwert und Claudia Steinem, und allen Sektionssprechern. Ich bedanke mich auch bei allen Mitgliedern die im Laufe des vergangenen Jahres mit Ihren Beiträgen und Anregungen dazu beigetragen haben, die Biophysik in Deutschland zu fördern und weiter auszubauen, und hoffe weiterhin auf Ihre tatkräftige Unterstützung. Schicken Sie mir gerne Ihre Ideen für Veranstaltungen, Aktionen oder Mitteilungen für die Website der DGfB und helfen Sie mit, die Sichtbarkeit unsere Gesellschaft weiter zu erhöhen!

Ich wünsche allen Mitgliedern ein frohes und besinnliches Weihnachtsfest, Gesundheit, und ein gutes und erfolgreiches Jahr 2022!

Helmut Grubmüller

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 1
Molekulare Biophysik

Leider konnte wegen der Pandemie „Hünfeld 2020“ nicht wie gewohnt stattfinden, und langfristige Planungen sind nach wie vor schwierig. Stattdessen wollen wir uns im nächsten Frühjahr für einen Tag online treffen. Im Sinne der Hünfeld Tradition, die Meetings immer in Zusammenarbeit mit einer anderen europäischen biophysikalischen Gesellschaft zu organisieren, möchten wir diesmal einige Kollegen aus Skandinavien einladen.

Für die Getränke muss leider jeder(r) selbst sorgen!

Viele Grüße und Frohes Fest,

Ingrid & Indra

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 2
Membranbiophysik

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

International
Membrane Biophysics Meeting

Methods for Membrane Biophysics

May 23 - 25, 2022

www.dgfb.org

Scientific organizers:
Peter Hildebrand, Leipzig
Radek Šachl, Prague
Petra Riegerová, Prague

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 2
Membranbiophysik

International DGfB Membrane Biophysics Meeting - May 23 to 25, 2022 - Drübeck

Organizers

Peter W. Hildebrand
Universität Leipzig
Medizinische Fakultät
Institut für Medizinische Physik und Biophysik
Härtelstraße 16-18
04107 Leipzig
peter.hildebrand@medizin.uni-leipzig.de

Radek Šachl, PhD.
J. Heyrovský Institute of Physical Chemistry
Dolejškova 2155/3
182 23 Prague 8
Czech Republic
radek.sachl@jh-inst.cas.cz

Petra Riegerová, PhD.
J. Heyrovsky Institute of Physical Chemistry, Prague
petra.riegerova@jh-inst.cas.cz

Invited speakers
Albert Smith-Penzel, Leipzig, Germany
Markus Miettinen, Potsdam, Germany
Patrick Scheerer, Berlin, Germany
Fabio Fernandes, Lisbon, Portugal
Maria Hoernke, Freiburg, Germany
Jacob Piehler, Osnabrück, Germany
Eva Sevcsik, Wien, Austria
Walter Nickel, Heidelberg, Germany
Philipp Kukura, Oxford, Great Britain
Jana Selent, Barcelona, Spain
Rumiana Dimova, Potsdam, Germany
Pablo Carravilla, Jena, Germany

Sessions
12 invited speakers
selected talks
poster flash talks

Sektion 3
Zelluläre Biophysik

Cellular Biophysics Workshop 2021

Internationaler Online-Workshop der Sektion III: „Zelluläre Biophysik“ der Deutschen Gesellschaft für Biophysik am 29.09.2021

Aufgrund der nicht uniformen internationalen und nationalen Covid-19-Maßnamen fand der Cellular Biophysics Workshop 2021 online statt. Um einen intuitiven Austausch zu initiieren, der ähnlicher zu einem Präsenz-Workshop ist, wurde die online Plattform gather.town gewählt. Dabei steuert der Teilnehmer*in den eigenen Avatar und kann mit anderen Teilnehmern ganz natürlich interagieren. Es gibt speziell designte virtuelle Räume, die Gruppen-, Vieraugengespräche oder Plenar-Vorträge ermöglichen. Der Vorteil liegt darin, dass es wie bei einem “richtigem” Workshop die Möglichkeit gibt sich kurz mit der Person neben sich auszutauschen! Insgesamt waren 42 Teilnehmer aus 17 Universitäten angemeldet von denen 38 teilnahmen. 16 Poster wurden auf individuellen Posterboards präsentiert und waren während der gesamten Dauer des Workshops zugänglich. Zudem können die Teilnehmer weiterhin die Poster sehen, der Zugang für die virtuellen Räume bleibt über das Meeting hinaus erhalten (theoretisch unendlich lange). Jeder Teilnehmer kann sich jederzeit dort mit anderen Teilnehmern treffen und die Poster weiterhin diskutieren. Während des Meetings waren also gute Interaktionsmöglichkeiten gegeben, z.B. der gemeinsame Weg vom Plenarsaal zur Posterhalle oder Pausenbereiche (Lobby, Bar, Wald, Strand), kleine interaktive Gimmicks etc... Der Vorteil ist das freie Bewegen des individuell gestalteten Avatars. Dies steht im Kontrast zu den “Frontalunterricht”-ähnlichen Zoommeetings. Zudem haben die vielen virtuellen Meetings der letzten Zeit eine gewisse virtuelle Müdigkeit erzeugt.

Cellular Biophysics Workshop 2021 09/29/2021

Time	Schedule	Name	Title
9:30	Welcome		
10:00	Talk 1	Andreas Janshoff	Cortical fluidity and the role of the plasma membrane in cell deformation
10:30	Talk 2	Angelika Lampert	Dimerization and a new concept for sodium channel fast inactivation
11:00	Talk 3	Gustavo Chaves	Voltage-gated proton channel one gene per species dogma is finally broken
11:30	Talk 4	David Brückner	Learning the dynamics of cell migration and protrusion formation in confinement
12:00	Lunch Break		
13:00	Poster session	Boris Musset	
14:30	Career Workshop / Voting	Christine Selhuber-Unkel	
15:00	Speed dating		
15:25	Closing remarks / Poster Prize		

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 3
Zelluläre Biophysik

Am Vormittag des Workshops erhielten die Teilnehmenden interessante Einblicke in die Forschung der Vortragenden. Das Organisationsteam Prof. Christine Selhuber-Unkel und Prof. Dr. Dr. Boris Musset begrüßten die Teilnehmenden und Vortragenden und stimmten diese auf den internationalen Workshop ein. Die renommierten Vortragenden Prof. Dr. Andreas Janshoff (Universität Göttingen), Prof. Dr. Angelika Lampert (Uniklinik RWTH Aachen), Dr. Gustavo Chaves-Barboza (Paracelsus Medizinische Privatuniversität Nürnberg) und David Brückner (IST Austria) beleuchteten verschiedene Bereiche der zellulären Biophysik wie beispielsweise den Einfluss viskoelastischer Eigenschaften, Zellverformung sowie dynamische Zellmigration, ein neues Konzept zur schnellen Inaktivierung von Natriumkanälen und neue Erkenntnisse über spannungsgesteuerte Protonenkanäle. Die grundlegende Idee war es zwei renommierten und zwei Nachwuchswissenschaftlern ein Podium zu geben.

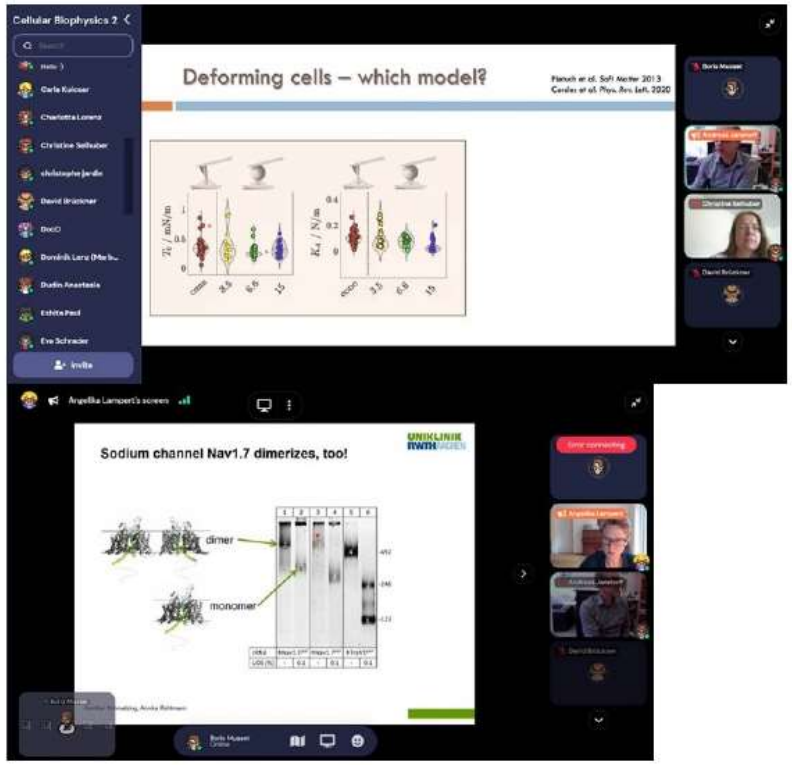


Abbildung 1: Bildschirmfotos aus den Vorträgen von Andreas Janshoff und Angelika Lampert.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 3
Zelluläre Biophysik

Nach der Mittagspause folgte die Posterpräsentation (Poster-Talk). In kurzen Postervorträgen (3-5 min) wurden die wesentlichsten Punkte der Poster durch die Autor:innen vorgestellt. Hier ging es darum jedem Teilnehmer des Workshops Gelegenheit zu geben, sich oberflächlich zu informieren, um dann später Detailfragen in privater, entspannter Atmosphäre zu stellen.

Abbildung 2: Bildschirmfoto der Poster-Talk-Box: hier fanden die Poster Vorträge statt. Web-based anonym Poster-Voting, jeder Teilnehmer hatte 2 Stimmen und einen individuellen Zugangscode!

Es folgte eine anonyme Abstimmung über die besten Poster, die Nicole Schneider (H_V1 expression in blood cancer cells, PMU Nürnberg), Mishal Khan (Biomechanical study of glioblastoma cells cultured on 2D and in 3D, analyzed by single cell traction force microscopy, Universität Heidelberg) und Charlotta Lorenz (Vimentin Intermediate Filaments Stabilize Dynamic Microtubules by Direct Interactions, Universität Göttingen) gewinnen konnten. Alle drei erhielten einen mit 100 € dotierten Posterpreis.

Im anschließenden Careerworkshop erhielten die Teilnehmenden aus erster Hand Eindrücke über Erfahrungen und verschiedene Karrierewege. Nach einer kurzen Vorstellung von Prof. Dr. Christine Selhuber-Unkel ergab sich eine intensive Diskussions- und Fragerunde die ihren Ausklang in der Überleitung zum Speeddating fand. Beim Networking Event wurde sich über die Eindrücke des Tages, über die Karrierewege in der zellulären Biophysik und das Gelernte ausgetauscht. Die Teilnehmenden wurden in Gruppen zum Speeddating aufgeteilt, sodass auch hier persönliche Kontakte zu anderen Forschungseinrichtungen geknüpft werden konnten, es kam zum regen Austausch von Kontaktdaten unter den Teilnehmern.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 3
Zelluläre Biophysik

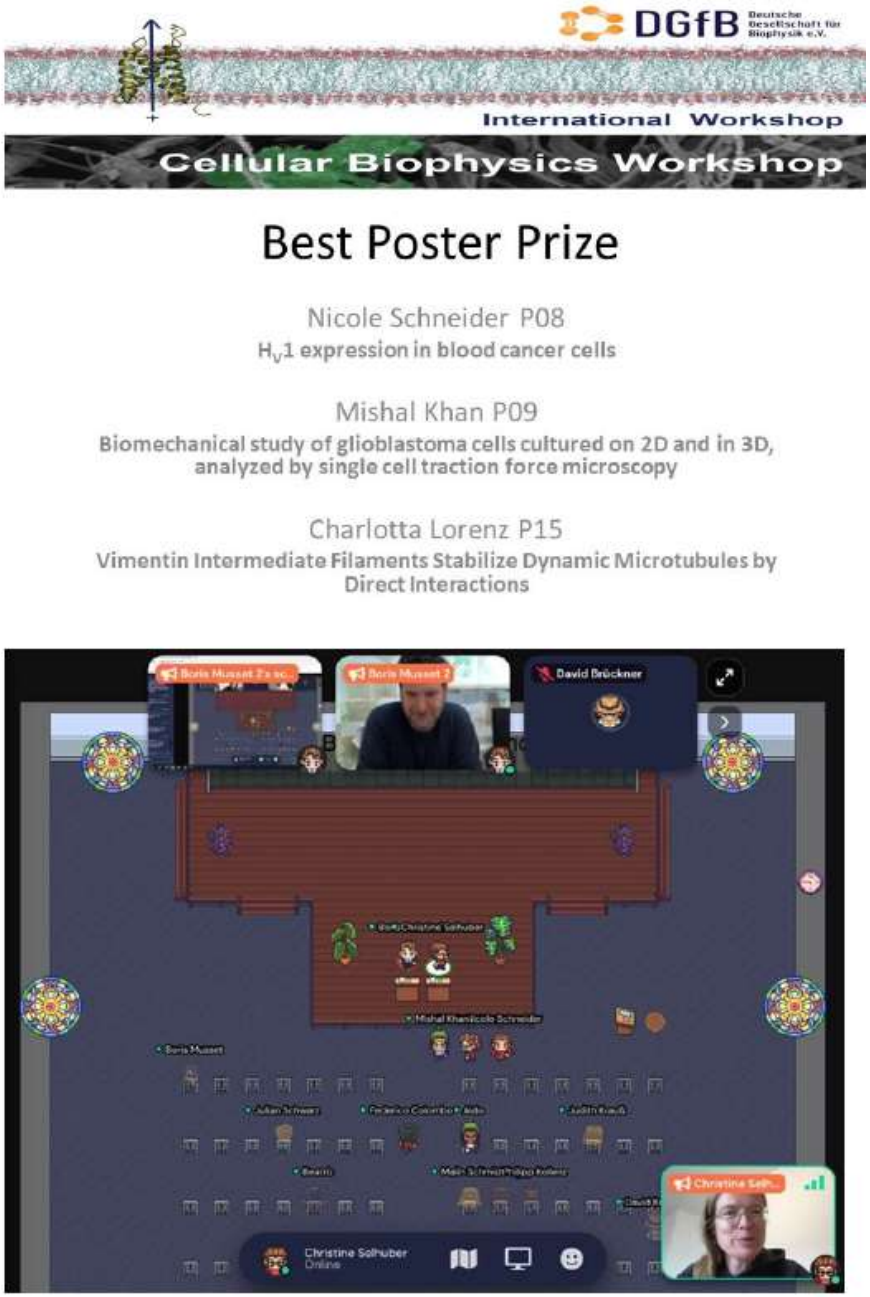


Abbildung 3: Posterpreise und Posterpreisverleihung!

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Sektion 3
Zelluläre Biophysik

Der Cellular Biophysics Workshop 2021 war spannend, informativ und abwechslungsreich. Es gab keine technischen Probleme, die im Zusammenhang mit der Verbindung zum Server (Gather.Town) standen. Einen Premium Server zu mieten, macht damit sehr viel Sinn. Hier sind besonders die Vorträge hervorzuheben, die problemlos abliefen. Individuelle Komplikationen bei der zeitlich sehr knappen Poster-Talk-Runde waren das Hauptproblem. Die Umsetzung als avatar-basiertes Online- Meeting wurde allgemein als sehr gut bewertet. Für ein großes Meeting > 50 Personen erscheint diese Lösung als nicht besonders gut, es entstanden mit 38 Teilnehmern kleine Staus beim Wechseln der Räume. Wir hätten uns noch mehr Zeit lassen sollen mit Postern und gemeinsamen Aktivitäten.

Insgesamt überwogen aber die positiven Aspekte und es hat Spaß gemacht. Als wichtiges Initialmeeting war es sehr wertvoll. Die Teilnehmerinnen und Teilnehmer freuen sich bereits darauf, sich beim nächsten Sektionsworkshop (Juli 2022 in Heidelberg) oder der DGfB-Tagung im September 2022 in Person und vielleicht mehr persönlich kennen zu lernen.

Zusammenfassung:

- 38 Teilnehmer:innen
- 4 Vorträge
- Poster Session: 16 Poster (davon 3 ausgezeichnet mit einem Preis)
- Career Workshop
- Networking Workshop: Speed Dating

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Jahrestagung der DGfB in Konstanz

SAVE-THE-DATE

September 25-28, 2022

www.uni.kn/biophys2022

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

International Biophysics Congress 2027 in Berlin

SAVE-THE-DATE

October 10-14, 2027

International Biophysics Congress
10.10. - 14.10.2027
Berlin, Germany

Die internationale biophysikalische Gemeinschaft (IUPAB – International Union of PURE and Applied Biophysics) trifft sich alle drei Jahre auf dem IUPAB-Kongress. Der Austragungsort dieses Kongresses wandert dabei um die ganze Welt. Zuletzt war der IUPAB-Kongress in Edinburgh (Schottland / 2017) und Foz do Iguazu (Brasilien / 2021) zu Gast. 2024 wird Kyoto (Japan) Gastgeber des Kongresses sein.

Bisher hat diese Tagung noch nicht in Deutschland stattgefunden. In Edinburgh hatten wir uns als Deutsche Gesellschaft für Biophysik zum ersten Mal beworben, noch mit Münster als Austragungsort, konnten uns aber gegen die starke Bewerbung der Kollegen aus Japan leider (noch) nicht durchsetzen. In diesem Jahr jedoch waren wir dann erfolgreich und die Mitglieder der Generalversammlung haben mit überwältigender Mehrheit Berlin als Austragungsort und die Deutsche Gesellschaft für Biophysik zum Gastgeber des Kongresses im Jahr 2027 gewählt. Das ist eine schöne Anerkennung der deutschen Biophysik. Mit den Nobelpreisträgern Manfred Eigen (1967), Johann Deisenhofer, Robert Huber und Michel Hartmut (1988) sowie Erwin Neher und Bert Sackmann (1991) und Stefan Hell (2014) hat die Biophysik in Deutschland international beachtete Forschungsergebnisse hervorgebracht. Die Nobelpreise sind ein guter Indikator für die hohe Qualität der biophysikalischen Forschungslandschaft in Deutschland. Die Ausrichtung des IUPAB-Kongresses 2027 in Berlin bietet uns die Gelegenheit, die Sichtbarkeit der Biophysik in der Science Community sowohl im eigenen Land als auch international signifikant zu erhöhen und unsere Forschung den internationalen Kollegen zu präsentieren.

Die Tagung wird vom 10.-14. Oktober 2027 im hub27 auf dem Messegelände in Berlin stattfinden. Neben allen etablierten biophysikalischen Themen wird ein besonderer Schwerpunkt auf der Translation biophysikalischer Methoden in die Klinik liegen. Molekular auflösende biophysikalische Methoden werden insbesondere in der Früh-Diagnostik von Krebs und neurodegenerativen Erkrankungen immer wichtiger.
Das Ziel wird es sein, die deutsche Biophysik in ihrer ganzen Breite zu präsentieren. Insbesondere unser Nachwuchs soll die Gelegenheit bekommen, internationale Spitzenforscher kennenzulernen und sein Netzwerk zu Nachwuchswissenschaftlern und Spitzenforschern aus allen Ländern dieser Welt zu erweitern. Es soll ein Fest des Austausches werden.

Klaus Gerwert,
Lehrstuhl für Biophysik - Center for Protein Diagnostics - www.prodi.rub.de
Ruhr-Universität Bochum

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Charlotte Uetrecht

https://www.cssb-hamburg.de/research/research_groups/uetrecht_group/index_eng.html

Short profile of the Uetrecht group, CSSB in Hamburg

1. Group

Dynamics of viral Structures

2. Head of group

Prof. Dr. Charlotte Uetrecht
Biochemistry, School of Life Sciences, University of Siegen
Leibniz Institute for Experimental Virology (HPI)
Deutsches Elektronen Synchrotron (DESY)

Centre for Structural Systems Biology (CSSB)
Notkestr. 85
22607 Hamburg, Germany
Email: charlotte.uetrecht@cssb-hamburg.de

3. Summary:

We focus on assembly of norovirus particles and coronaviral replication complexes. The underlying structural dynamics are investigated by applying state-of-the-art structural mass spectrometry. Furthermore, we develop mass spectrometry techniques to improve the structural resolution and to enable single molecule imaging at X-ray free-electron lasers.

Group on CSSB patio, fall 2021, © Melissa Prass

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Charlotte Uetrecht

https://www.cssb-hamburg.de/research/research_groups/uetrecht_group/index_eng.html

4. Research

Our research is highly interdisciplinary at the interface of biology and physics further developing structural mass spectrometry (MS) to answer virologic questions of high relevance to human health.

Being mainly interested in the structure and dynamics of viral protein complexes, the research aim is to elucidate, how these complex machineries function. We focus on the replication/transcription machinery of RNA viruses, namely coronaviruses, which often exist in many different states to mediate a diverse set of functions. Moreover, we are intrigued by viral particle assembly, where the low abundant intermediates are relevant to drug development but intrinsically hard to study. This work largely focusses on noroviruses, an important human pathogen, for which preventive treatments are still lacking. In capsid assembly, single particle-like approaches are best suited to deduce structural information.

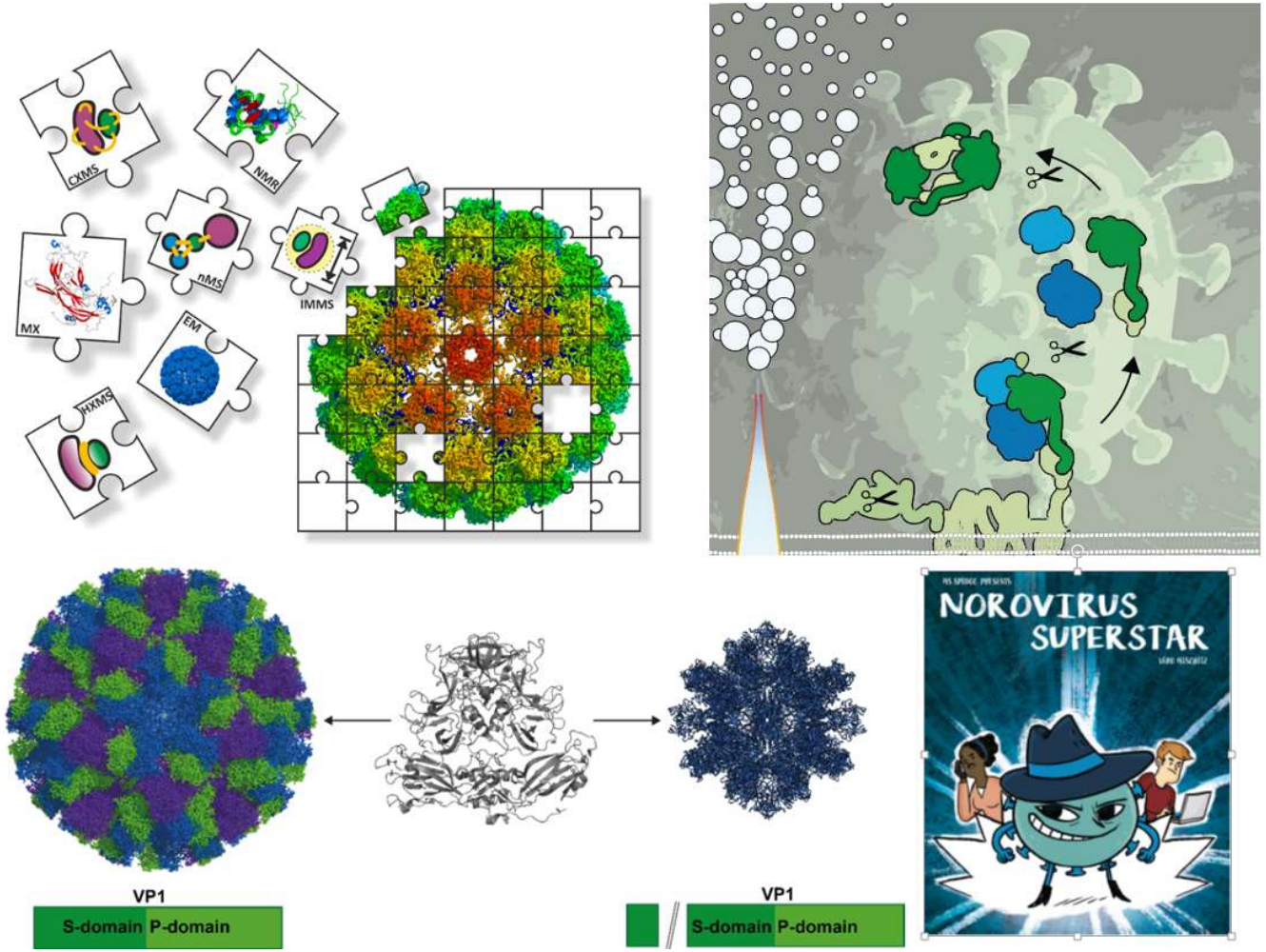
Structural MS is becoming ever more popular as it requires low sample amounts and allows for automation, hence nicely opening up opportunities for systematic investigations of structural dynamics. We use and develop MS based techniques to achieve studying coexisting states in a time-resolved manner, following complementary routes: 1) basic information from structural MS; 2) solution structural models from native top-down MS; and 3) gas phase high resolution structures from X-ray free-electron lasers (XFEL). In the latter two cases, our MS based systems will allow selection to look at specific transient states and involve the use of different lightsources in Hamburg including PETRA III, FLASH I/II and the European XFEL. In terms of structural MS, we have native and hydrogen/deuterium exchange (HDX) MS established in the group with multiple protocols to tackle various research questions. The two methods are complementary with native MS providing information on the dynamics of quaternary assemblies and HDX MS delivering local structural information.

Coronaviruses have just made it back into the spotlight. As mentioned above coronaviral non-structural proteins (nsps) change structure and function dynamically during infection mediated amongst others by post-translational modifications (PTMs). In our native top-down MS approaches, we hope to correlate structure and PTMs, which is not easily possible by other means. In native MS, enzymatic activity can be directly monitored and at the same time reveal how the complexes shuttle between assembly states as has been performed on viral protease processing of regulatory polyprotein stretches.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Charlotte Uetrecht

https://www.cssb-hamburg.de/research/research_groups/uetrecht_group/index_eng.html



From top left to bottom right: MS is often combined with classical structural biology methods to disentangle, how viruses form and function. (Cover image, Dülfer et al 2019 Adv Virus Res) Native MS to simultaneously monitor processing and assembly of coronaviral nsps. (Cover Image, Krichel et al 2020 Biochem J) Assembly state of norovirus-like particles is critically determined by the N-terminus. (Graph abstract Pogan et al Vaccines 2021) Illustration © 2021 Véro Mischitz | MS SPIDOC, CC BY ND 4.0 https://xfel.tind.io/record/2561

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Charlotte Uetrecht

https://www.cssb-hamburg.de/research/research_groups/uetrecht_group/index_eng.html

How norovirus capsid structure is determined and altered throughout the viral lifecycle is mainly exploited with virus-like particles expanding on our work on partial capsid proteins, the P dimer. Thereby, distinct behaviour of various isolates in native and HDX MS has been revealed. Using HDX MS, structural changes are localized in the particles upon engagement of attachment factors. This way, we hope to decipher how human noroviruses enter cells and why cell culture production is so difficult. Our work on viral capsids will also largely benefit from single particle imaging at European XFEL and the developments in the EU FET OPEN project MS SPIDOC.

In order to gain in depth understanding of the viral lifecycle, we will expand from in vitro assembly of protein complexes and viral particles to more holistic approaches looking at intact virions and endogenous coronaviral complexes.

References

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/myncbi/1tuYWjET4rd/bibliography/public/

https://orcid.org/0000-0002-1991-7922

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

1. **Group**
   Mathematical bioPhysics

2. **Head of the group**

   Dr. Aljaz Godec
   Max Planck Institute for Biophysical Chemistry
   Mathematical bioPhysics group
   Am Fassberg 11, 37077 Göttingen, Germany
   email: agodec@mpibpc.mpg.de
   web: https://www.mpibpc.mpg.de/godec

3. **Summary**

The group pursues a mathematical physics approach to study phenomena in soft condensed matter and biophysics. Our main research focus are the non-equilibrium statistical mechanics of single molecules and the collective behavior of larger molecular and up to sub-cellular assemblies. We aim at a trajectory-based description of biomolecular conformational dynamics as well as of their spatial transport, binding, and reactions. From a more fundamental perspective we are focusing on relaxation phenomena of Markovian and non-Markovian observables from far-from-equilibrium quenches [1-3], the generic physical origin and understanding of memory [4-6] and its thermodynamic implications [7], as well as the microscopic underpinnings of broken time-translation invariance (i.e. physical aging). In the analysis of stochastic many-body systems we aim at an understanding of (dynamical) critical phenomena and emerging collective effects [8] from a trajectory perspective [9]. Our working principle is an abstract mathematical analysis combined with analytical and numerical computations.

3.1) Time-average statistical mechanics: a theory of single-molecule dynamics

Many experiments on soft and biological matter probe individual trajectories. It is typically not feasible to repeat these experiments sufficiently many times to apply the traditional concepts of (ensemble) statistical mechanics. It is, however, straightforward to analyze such data by means of time-averaging along individual realizations. However, a correct rationalization and interpretation of such time-averaged results requires the framework of “time-average statistical mechanics”.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

In our group we develop [1] and apply [2] theoretical methods for describing fluctuations of time-averaged observables evolving from general (incl. non-equilibrium) initial conditions, and we consider both, reversible and irreversible (i.e. driven) dynamics. Our results are directly applicable to a diverse range of phenomena underpinned by time-averaged observables in physical, chemical, and biological systems, such as single-particle tracking and single-molecule spectroscopy, and may also find applications in econophysics.

3.2) Relaxation of Markovian and projected, non-Markovian physical observables
Ergodic systems prepared in some non-equilibrium state generally relax towards a stationary state --- to thermodynamic equilibrium in the case of microscopically reversible systems, and to a non-equilibrium steady state in the case of irreversible dynamics. Depending on the monitored physical observable the relaxation can be memory-less (i.e. Markovian) or, when the observable corresponds to a lower-dimensional projection as is often the case in state-of-the-art experiments, may display memory [4,5]. The quantification and rationalization of non-Markovian dynamics, that is, dynamics displaying memory, requires special care [5]. It is therefore imperative to detect and quantify memory effects directly from data in a model-free manner [4].

A paradigmatic relaxation process is the warming and cooling of small objects in contact with a heat reservoir. According to the principles of linear irreversible thermodynamics, near equilibrium cooling and warming should be equally fast if conditions are the same. As a result of a subtle imbalance in how the probability distribution of any system evolves under conditions of warming or cooling far from equilibrium, we find, however, that relaxation happens faster “uphill” than “downhill” [3] (see Fig. 1). That is, small objects warm up faster than they cool down. Near stable minima and for all quadratic energy landscapes this asymmetry is a general phenomenon that also exists in a class of non-Markovian observables probed in single-molecule and particle-tracking experiments. The asymmetry is a generic feature of reversible overdamped diffusive systems with smooth single-well potentials and occurs in multi-well landscapes when temperature quenches disturb predominantly intra-well equilibria. These results may be relevant for the optimization of microscopic stochastic heat engines.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

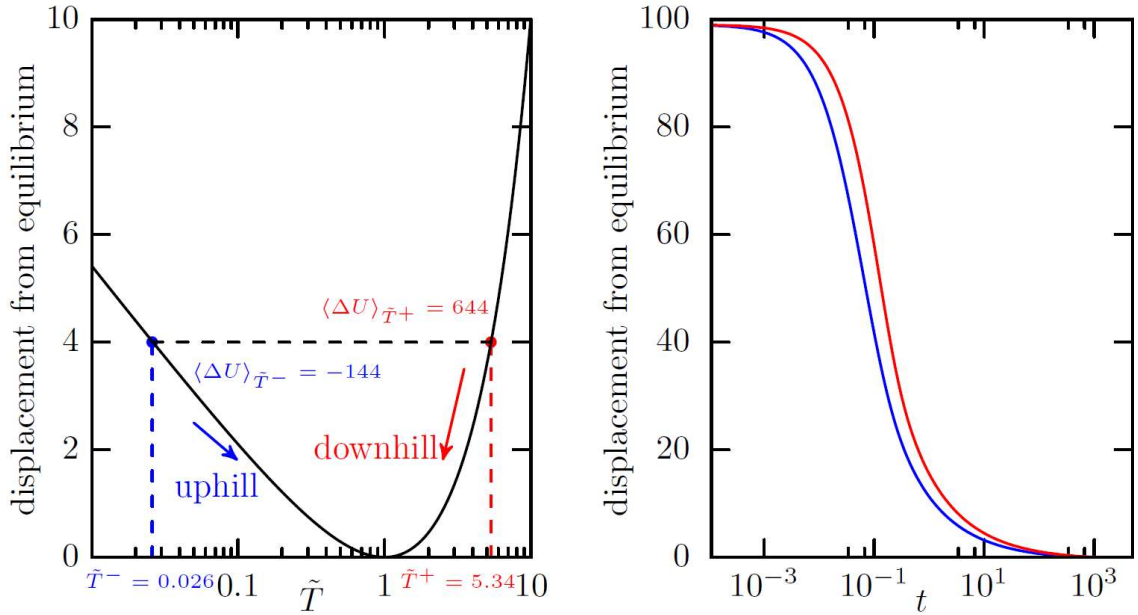


Fig 1: Instantaneous excess free energy corresponding to the end-to-end distance of a Gaussian chain with 100 beads after a temperature quench as a function of (left) the relative pre-quench temperature and (right) time. Warming (blue) is found to be faster than cooling (red).

3.3) Collective phenomena in stochastic many-body systems applied to cell adhesion and phase transformation

Cells, the fundamental building blocks of living organisms, stick to other cells via a process called cell adhesion which is mediated by so-called adhesion bonds. The breaking and formation of individual adhesion bonds is coupled via thermal fluctuations of the anchoring cell membrane. The last two decades of experiments and theory have shown that cell adhesion under quite general conditions may in fact be accurately described by a model originally developed to describe ferromagnetism: the Ising model. In our work we generalize the Ising model in order to explain how membrane fluctuations and external forces on the cell induce many-body effects, and how these in turn affect the equilibrium behavior and dynamical properties of cell adhesion. Strikingly, changes in the membrane rigidity can prolong or shorten the mean time a cell adheres to a stiff substrate, which in the thermodynamic limit of many adhesion bonds leads to the notion of a novel kind of dynamical critical point [8] (see Fig. 2).

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

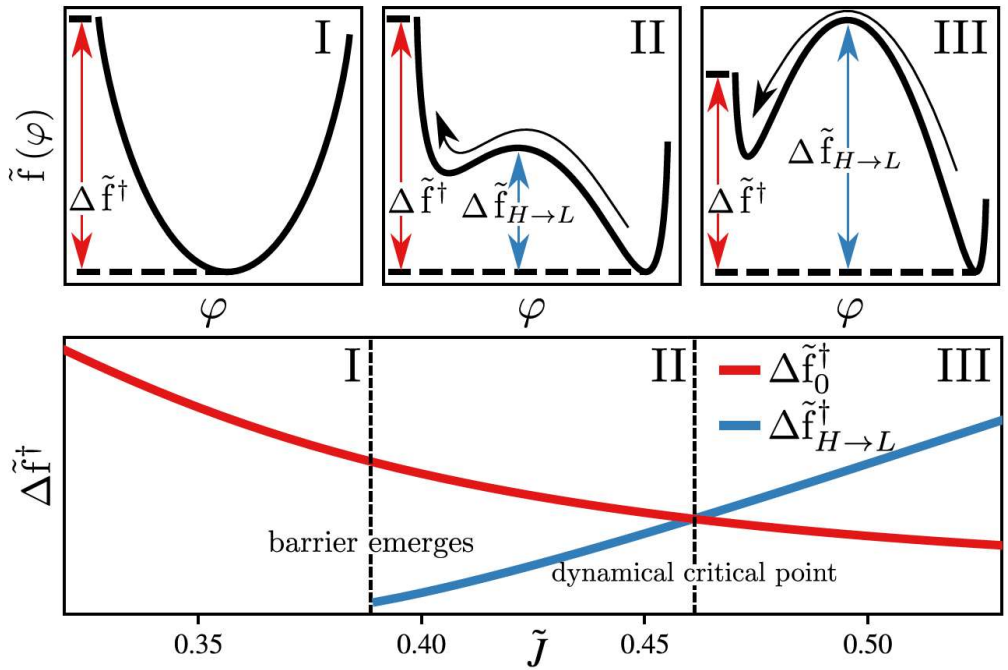


Fig 2: Topological changes in the free energy landscape and the dynamic critical point. (top) Free energy landscape f(φ) along the fraction of dissolved bonds φ ∈ [0,1]. For φ=0 all adhesion receptors are unbound, and for φ=1 all are bound. (bottom) In the thermodynamic limit the average dissolution time depends only on the largest free energy barrier. Below the dynamic critical point (I-II), the average decomposition time of a fully bound (φ=1) to an unbound (φ=0) state is dominated by an entropic barrier. Above the dynamic critical point (III), the average dissolution time is dominated by an energetic barrier to the thermodynamic phase transition. Exactly at the dynamic critical point, the barrier to the completely unbound state is equal to the barrier to the phase transition and concurrently both barriers are smallest, resulting in the fastest mean dissolution time of the cluster.

3.4) Kinetics and stochastic thermodynamics of complex systems in and out of equilibrium

Stochastic thermodynamics is a theory that extends the notion of thermodynamics to the level of individual stochastic trajectories. A prominent and quite recent result in stochastic thermodynamics is the so-called thermodynamic uncertainty relation (TUR). In a finite system driven out of equilibrium by a constant external force the TUR bounds the variance of the conjugate current variable by the thermodynamic cost of maintaining the non-equilibrium stationary state.

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

Seemingly unrelated, and strictly speaking in contradiction to thermodynamics, are numerous observations of anomalous diffusion. In simple words anomalous diffusion refers to the non-linear time dependence of the dispersion of a tracer particle. We have shown, for the first time, that the two seemingly disjoint if not orthogonal fields of research – stochastic thermodynamics and anomalous diffusion – may be fruitfully combined to derive a new universal physical bound on the experimentally often unknown temporal extent of anomalous diffusion [9] (see Fig. 3).

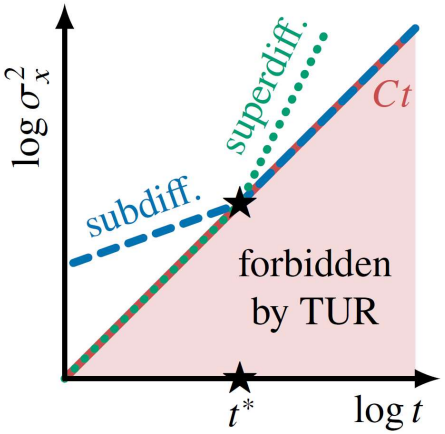


Fig 3: The TUR delivers a threshold time t* that imposes an upper bound on the duration of subdiffusion (dashed blue line) or the earliest possible onset of superdiffusion (dotted green line). Thermodynamics thus imposes hard bounds on the extent of anomalous diffusion.

Another focus of our research is the theoretical description of dissipation in systems where degrees of freedom are hidden or ignored. Since about ten years even fast transitions between metastable states in individual molecules can be experimentally resolved. These experiments unveiled fundamental conceptual gaps in our understanding of time-reversibility.
In traditional macroscopic, e.g. elastic materials, friction causes a phenomenon called hysteresis---more energy is required to stretch a rubber band than is released during unloading. As a result, the rubber band becomes warm. On microscopic scales where thermal fluctuations are important, such as in molecular motors operating far from equilibrium, hysteresis emerges in the form of a broken time-reversal symmetry. We uncovered a novel form of hysteresis that is of a purely kinetic nature and emerges as soon as a system does not locally equilibrate in metastable states [7]. Kinetic hysteresis arises from the finite duration of transition paths, which are completed transitions between pairs of metastable states. We derived, for the first time, a network theory that preserves the microscopic dissipation and accounts for the finite duration of transition paths [7].

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Kurzprofil der AG Aljaz Godec

https://www.mpibpc.mpg.de/godec

4. References:

[1] A. Lapolla, D. Hartich, & A. Godec: Spectral theory of fluctuations in time-average statistical mechanics of reversible and driven systems. Physical Review Research 2 (4), 043084 (2020).

[2] A. Lapolla, M. Vossel, & A. Godec: Time- and ensemble-average statistical mechanics of the Gaussian network model. Journal of Physics A: Mathematical and Theoretical 54 (35), 355601 (2021).

[3] A. Lapolla & A. Godec: Faster uphill relaxation in thermodynamically equidistant temperature quenches. Physical Review Letters 125 (11), 110602 (2020); see also Focus story in Physics: https://physics.aps.org/articles/v13/144

[4] A. Lapolla & A. Godec: Toolbox for quantifying memory in dynamics along reaction coordinates. Physical Review Research 3, L022018 (2021).

[5] A. Lapolla & A. Godec: Manifestations of projection-induced memory: general theory and the tilted single file. Frontiers in Physics 7, 182 (2019).

[6] A. Lapolla & A. Godec: Single-file diffusion in a bi-stable potential: Signatures of memory in the barrier-crossing of a tagged-particle. Journal of Chemical Physics 153, 194104 (2020).

[7] D. Hartich & A. Godec: Emergent Memory and Kinetic Hysteresis in Strongly Driven Networks. Physical Review X 11 (4), 041047 (2021).

[8] K. Blom & A. Godec: Criticality in Cell Adhesion. Physical Review X 11 (3), 031067 (2021).

[9] D. Hartich & A. Godec: Thermodynamic uncertainty relation bounds the extent of anomalous diffusion. Physical Review Letters 127 (8), 080601 (2021); see also Viewpoint in Physics: https://physics.aps.org/articles/v14/116

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.

Amtsträger 2021-2022

Vorstandsvorsitzender:

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

Stellvertr. Vorsitzende:

Prof. Dr. Claudia Steinem
Institut für Organische und Biomolekulare Chemie
Georg-August-Universität Göttingen
Tammannstr. 2
37077 Göttingen
Tel.: (+49) 551 39 23294
Fax: (+49) 551 39 33228
e-mail: csteine@gwdg.de

Stellvertr. Vorsitzender:

Prof. Dr. Klaus Gerwert
Lehrstuhl für Biophysik
Ruhr-Universität Bochum
44780 Bochum
Tel.: (+49) 234 3224461
Fax: (+49)234 3214238
e-mail: gerwert@bph.ruhr-uni-bochum.de

Kassenführer:

Prof. Dr. Sandro Keller
Biophysik, Institut für Molekulare Biowissenschaften (IMB)
Universität Graz
Humboldtstr. 50/III
8010 Graz, Österreich
Tel.: +43 316 380 4987
Fax: +43 316 380 9897
e-mail: sandro.keller@uni-graz.at

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 2021-2022

Sektionssprecher:

Sektion 1, Molekulare Biophysik
Indra Schröder (TU Jena)
Ingrid Tessmer (Uni Würzburg)

Sektion 2, Membranbiophysik
Peter Hildebrand (Uni Leipzig)
Radek Sachl (Prag)

Sektion 3, Zelluläre Biophysik
Christine Selhuber-Unkel (Uni Heidelberg)
Boris Musset (Uni Nürnberg)

DGfB Deutsche Gesellschaft für Biophysik e.V.