

Den Text des Lebens verstehen

Herausforderungen postgenomischer Forschung an Biologie und Physik in Deutschland

Michael Lässig, Erich Sackmann, Diethard Tautz und Martin Vingron

Die Lebenswissenschaften erleben derzeit weltweit eine stürmische Entwicklung, die zu einer Konvergenz biologischer und physikalischer Forschungsthemen und Forschungsstrukturen führt. In diesem Beitrag wollen wir zukunftsweisende wissenschaftliche Ansätze diskutieren, Perspektiven insbesondere für die Physik aufzeigen und daraus ein Plädoyer für neue Wissenschaftseinrichtungen ableiten, die zur Umsetzung dieser Perspektiven geeignet sind.

Die moderne Biologie befindet sich derzeit auf einem Weg von der Kenntnis genomischer Sequenzen zu einem Verständnis der Funktionen des Genoms. Dazu gehört die systematische Datenerhebung und Theoriebildung über Prozesse in der Zelle und damit die Aufgabe, Netzwerke komplexer Zusammenhänge zu beschreiben und in ihrer Funktion und ihrer Evolution zu verstehen. Physikalischen Konzepten und Methoden kommt dabei eine neue Bedeutung zu. Biophysik und die statistische Physik komplexer Systeme können das biologische Denken um eine quantitative Theorie funktionaler Netzwerke bereichern. An dieser Schnittstelle zwischen Biologie und Physik bedarf erfolgreiche Forschung einer engen, interdisziplinären Zusammenarbeit zwischen den Fachgebieten ebenso wie zwischen Experiment und Theorie.

Postgenomische Forschung

50 Jahre ist es her, dass James Watson und Francis Crick ein Modell für die Struktur der DNA vorstellten – und dabei gleichzeitig den grundlegenden Mechanismus zur Weitergabe der Erbinformation aufdeckten. Unser Wissen um die Funktionsweise der Zelle wächst seitdem ständig an. Eine sprunghafte Entwicklung gelang in der Erforschung des Genoms während der letzten Jahre. In der Öffentlichkeit sind dabei vor allem Großprojekte wie das Human Genome Project bekannt und kontrovers diskutiert worden. Zum ersten Mal steht

zunehmend die DNA-Sequenz des gesamten Genoms zur Verfügung, von verschiedenen Einzellern bis zu Fliege, Maus oder Mensch.

Diese beeindruckende Fülle molekularer Daten steht jedoch nur am Anfang eines quantitativen Verständnisses biologischer Funktion. Watson und Crick haben das Alphabet des Genoms entschlüsselt. Heute kennen wir die Buchstabenfolge des gesamten Textes, einzelne Wörter und Teile der Grammatik. Den Sinn des Textes zu verstehen ist das Ziel „post-genomischer“ Forschung.

Worin besteht diese Herausforderung? Ein wesentlicher Aspekt liegt in der starken Vernetzung genetischer Information. In jeder Zelle eines Organismus wird zu jedem Zeitpunkt nur ein kleiner Teil des Genoms abgelesen, und dieser Teil bestimmt die spezifische Funktion der Zelle. Inzwischen sind wir mit Hilfe der DNA-Chip-Technologie in der Lage, die jeweils aktivierten Gene zu bestimmen – das so genannte Expressionsmuster. Ein Beispiel für das Resultat eines solchen Experiments ist in Abb. 1 gezeigt. Die Analyse dieser Muster ergibt, dass häufig eine bestimmte biologische Funktion das kontrollierte Zusammenspiel verschiedener Gene erfordert, während umgekehrt ein bestimmtes Gen in ganz verschiedenen Funktionen eine Rolle spielen kann. Die Gene eines Organismus sind also durch komplizierte Wechselwirkungen miteinander verknüpft.

Genetische Netzwerke

Diese Netzwerke von Genen sind ein Brennpunkt moderner molekularbiologischer Forschung. Abbildung 2 zeigt als Beispiel ein genetisches Netzwerk, das die embryonale Entwicklung des Seeigels kontrolliert. Diese Entwicklung wird von relativ wenigen Genen bewerkstelligt. Die erstaunliche Komplexität des Netzwerks – und damit des entstehenden Organismus – resultiert aus den Wechselwirkungen zwischen den Genen. Die Analogie zu einem Computer ist nicht

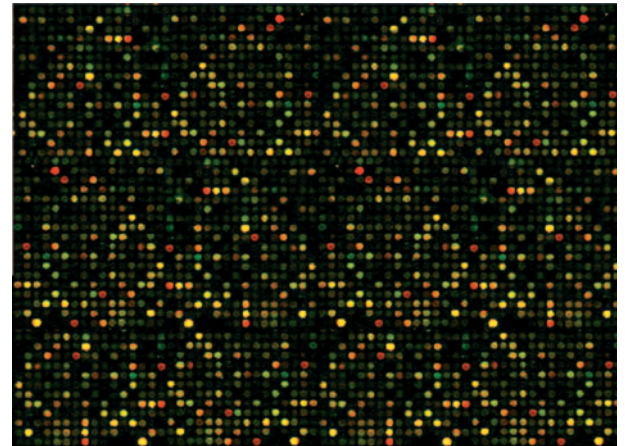


Abb. 1: Das differentielle Expressionsmuster von Genen als Ergebnis eines Microarray-Experiments. Die Färbung jedes Spots lässt das Expressionsniveau eines Gens in einem bestimmten zellulären Zustand erkennen. Die Spots in einer Zeile gehören zum gleichen Gen, die Spots in einer Spalte zum gleichen Zustand (z. B. zum gleichen Zelltyp oder zum gleichen Zeitpunkt). Ein Expressionsmuster enthält Informationen über räumliche und zeitliche Korrelationen der Genexpression, und damit indirekt über die zugrunde liegenden Wechselwirkungen zwischen Genen.

allzu weit hergeholt: Die Gene entsprechen den einzelnen Schaltelementen, die Funktion dieser Elemente bestimmt sich jedoch erst aus dem Verschaltungsnetzwerk. Abbildung 2 betont die Vorstellung, dass genetischen Netzwerken ein wohlbestimmtes Design zugrunde liegt, das Expressionsmuster von Abbildung 1 erscheint dagegen vom Zufall geprägt. Darin liegt gerade das Grundproblem: Wir müssen verstehen, welche Eigenschaften des Netzwerks durch Zufall entstanden sind und wo die Regelmäßigkeiten liegen.

Die Existenz genetischer Netzwerke hat fundamentale Konsequenzen für unser Verständnis biologischer Evolution. Denn so wie die Zelltypen innerhalb eines Organismus durch unterschiedliche Aktivierungsmuster innerhalb des gleichen Genpools bestimmt werden, so können verschiedene Spezies durch Unterschiede in ihren genetischen Netzwerken entstehen, auch wenn ihre Gene einzeln sehr ähnlich sind. Lässt sich die erstaunliche Vielfalt biologischer Arten also zumindest zum Teil durch die Komplexität ihrer molekularen Netzwerke erklären?

Prof. Dr. Michael Lässig, Institut für theoretische Physik, Universität Köln, Zulpicher Str. 77, 50937 Köln, lassig@thp.uni-koeln.de;
Prof. Dr. Erich Sackmann, Physik-Department, TU München, James-Frank-Straße, 85748 Garching, erich.sackmann@ph.tum.de;
Prof. Dr. Diethard Tautz, Institut für Genetik, Universität Köln, Weyertal 121, 50951 Köln, tautz@uni-koeln.de;
Prof. Dr. Martin Vingron, Max-Planck-Institut für molekulare Genetik, Ihnestr. 75, 14195 Berlin, martin.vingron@molgen.mpg.de

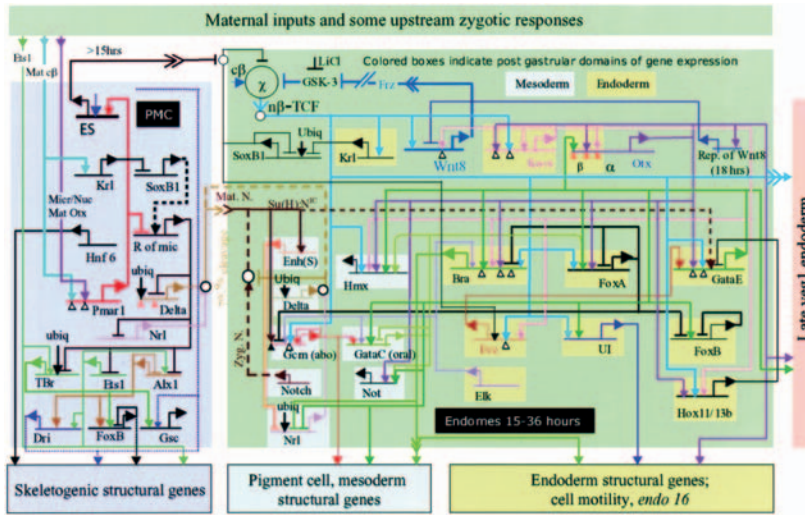
Bereits nach heutigem Wissen zeichnet sich daher ein neuartiges Bild der molekularen Grundlagen von Organismen und ihrer Evolution ab. Biologische Funktion erklärt sich nicht allein aus den Einzelkomponenten des Systems, sondern auch aus dem Muster ihrer Wechselwirkungen. Jedem, der einmal die atemberaubende Komplexität der molekularen Maschinerie selbst der einfachsten Lebewesen betrachtet hat, mag das Bild genetischer Netzwerke als plausibel, ja

tung einzelner Gene hin zu einer Analyse gesamter Genome, molekularer Netzwerke und evolutionärer Beziehungen. Experimentell wurde diese Entwicklung durch moderne Hochdurchsatzverfahren möglich, z. B. zur Erhebung von Expressionsmustern, Protein-Protein-Wechselwirkungen oder zur Typisierung genetischer Polymorphismen. An universitären und außeruniversitären Instituten sind im Rahmen des Ausbaus der Genomforschung auch in Deutschland wichtige Zentren

schen ist es möglich, einzelne Moleküle innerhalb von lebenden Zellen zu beobachten und zu manipulieren. Darüber hinaus hat sich ein breites Forschungsfeld der statistischen Physik weicher und biologischer Materialien entwickelt. Schwerpunkte des Interesses sind Membranen, intrazelluläre makromolekulare Netzwerke und chemomechanische Maschinen. Diese entwickeln sich gegenwärtig zu einem Forschungsgebiet „Physik der Zelle“. Eine Reihe deutscher Gruppen sind auf diesem Gebiet weltweit führend. In den letzten zwei Jahren wurden rund 30 Professuren für biologische Physik an physikalischen Fakultäten eingerichtet; vier Max-Planck-Institute befassen sich mit der Thematik.

Die zukünftige Entwicklung wird entscheidend durch ein weiteres Zusammenwachsen dieser Forschungsfelder geprägt sein. Dies ergibt sich unmittelbar aus der Natur biologischer Systeme. Die beschriebene Wechselwirkung von Genen steht nicht allein. Gene formen RNA-Moleküle und Proteine, die ihrerseits komplizierte Netzwerke möglicher Bindungen haben. Proteine bilden (oft zusammen mit Lipiden) größere funktionale Einheiten, Zellen, Organe, Organismen, bis hin zur gesamten Population. Dieser hierarchische Aufbau ist gekennzeichnet durch eine große Anzahl funktionaler Komponenten unterschiedlicher Größenskala und mannigfache Wechselwirkungen zwischen diesen Komponenten, die in Abb. 3 skizziert sind. Jeder dieser Komponenten entspricht traditionell ein eigenes Fachgebiet. Die Verknüpfung durch vielfache Wechselwirkungen bedeutet jedoch, dass sich keine Komponente isoliert verstehen lässt. Erfolgversprechende Forschung an diesen Systemen muss also interdisziplinär angelegt sein. Abbildung 3 ist auch das Diagramm notwendiger Kooperationen zwischen Wissenschaftlern verschiedener Fachrichtungen. Dies hat bereits innerhalb der Biologie zu einem Zusammenwachsen der Disziplinen Entwicklungsbiologie, Evolutionsbiologie und Genetik geführt sowie innerhalb der Physik zur Symbiose von Biophysik und statistischer Physik. Die Notwendigkeit verstärkter Kooperationen wird auch an den traditionellen Grenzen der Fächer Biologie und Physik nicht haltmachen. In dem Maße, wie die Biologie sich mit quantitativen, sta-

Abb. 2: Das genetische Netzwerk, das einen Teil der embryonalen Entwicklung des Seeigels steuert. Das Expressionsniveau jedes Gens (output) ist dargestellt als eine Funktion der Expression anderer Gene (input). (aus E. H. Davidson, D. R. McClay und L. Hood, PNAS 100, 1475 (2003))



selbstverständlich erscheinen. Die Herausforderung besteht jedoch darin, aus diesem Bild quantitative Vorhersagen über die Funktion des Organismus herzuleiten, die im Experiment testbar sind.

Ein solches funktionales Verständnis des Genoms ist zweifellos eine der wichtigsten Aufgaben für die Naturwissenschaft des 21. Jahrhunderts. Genetische Netzwerke sind fundamentale Bausteine für unser wissenschaftliches Bild lebender Organismen – und gleichzeitig die Grundlage für mannigfaltige Anwendungen von der Medizin bis zu den Materialwissenschaften.

Im Folgenden wollen wir deutlich machen, dass Forschung auf diesem Gebiet in besonderem Maße interdisziplinär sein muss, insbesondere an der Schnittlinie zwischen Biologie und Physik.

Konvergenz zweier Disziplinen...

In den letzten Jahren haben in der Biologie, der Bioinformatik und der Physik wegweisende Entwicklungen stattgefunden:

► In der Molekularbiologie findet zunehmend eine Umorientierung statt, von der traditionellen Betrachtung

etabliert worden, die sich diesen Verfahren widmen und systematische Datensätze generieren. Auf diesem Gebiet sind durch technische und konzeptionelle Fortschritte weitere stürmische Entwicklungen zu erwarten, an denen Arbeitsgruppen in Deutschland einen maßgeblichen Anteil haben können.

► Die Analyse dieser komplexen Datensätze führte zu wesentlichen neuen Impulsen in der Bioinformatik, deren Bedeutung inzwischen weit über die Verarbeitung biologischer Sequenzinformation hinausgeht. Zunehmend hält neben der Algorithmik auch die Statistik in der Bioinformatik Einzug, die so zu einem wesentlichen Standbein der modernen Biologie geworden ist. Nichtsdestoweniger ist die Bioinformatik in weiten Teilen eher eine klassifizierende Wissenschaft als eine modellbasierte. Bei der Identifikation funktionaler Zusammenhänge zwischen Genen stößt sie daher ohne eine vertiefte, physikalische Theorie komplexer Netzwerke an ihre Grenzen.

► Die Biophysik hat erhebliche Impulse durch neue Verfahren der Strukturforschung, der Nano- und Mikromechanik erfahren. Inzwi-

tistischen Daten befasst, ergibt sich eine Konvergenz der Konzepte und Methoden zur statistischen Physik.

Von besonderer Bedeutung wird dabei die Symbiose von biologischer Physik und Molekulargenetik sein. Der Motor künftiger Entwicklungen werden kontrollierte molekularbiologische Experimente zur Funktion von Netzwerken sein. Die parallel dazu notwendige Theoriebildung fällt in den Kernbereich moderner statistischer Physik: die Analyse stark wechselwirkender Systeme mit vielen Freiheitsgraden.

Von einer quantitativen Theoriebildung auf diesem Gebiet werden bioinformatische Algorithmen direkt profitieren. Der durchschlagende Erfolg der Bioinformatik von Sequenzen gründete sich auf wohldefinierte statistische Modelle der Evolution von DNA- und Proteinsequenzen. Für die Analyse von regulatorischer DNA sowie von Netzwerken fehlt eine solche statistische Evolutionstheorie bisher.

Von physikalischer Seite aus erfordert eine konsequente Fortführung des wissenschaftlichen Programms „Physik der Zelle“ ebenfalls das Einbeziehen genomischer und zellbiologischer Information. Genetische Netzwerke und Signaltransduktionsnetzwerke beeinflussen direkt die Morphologie physikalischer Strukturen wie Zytoskelett und Zellmembran. Dies ist wichtig für die Anwendung auf neuartige Biomaterialien, bei deren Design genetische Regulation eine wesentliche Rolle spielen wird. Das heißt, die Symbiose der beiden Disziplinen bedeutet nicht die bloße Anwendung physikalischer Methoden auf die Biologie; wir rechnen mit einer erheblichen Rückwirkung der Theorie genetischer Netzwerke auf physikalische Fragestellungen. Insgesamt erwarten wir in den nächsten Jahren eine Reihe wichtiger Entwicklungen von einzelnen Biomolekülen bis zu kooperativen Effekten in der Zelle, bei denen eine vertiefte Zusammenarbeit zwischen Physik und Biologie entscheidend sein wird. Einige wesentliche thematische Berührungspunkte sind in dem Kasten auf der nächsten Seite zusammengefasst.

In den vergangenen Jahrzehnten wurde häufig die immer weitergehende Zersplitterung der Wissenschaft in Spezialdisziplinen beklagt. Zwischen Biologie und Physik findet im Moment das Gegenteil statt!

... und ihrer Forschungsstrukturen

Diese Konvergenz zweier Wissenschaftsdisziplinen ist eine in mehrfacher Hinsicht bemerkenswerte Entwicklung. Im Folgenden geht es uns um die Konsequenzen für die Organisation von Forschung und Lehre. Insbesondere stellt sich die Frage, wie die Forschungseinrichtungen auf internationaler Ebene und in Deutschland dieser Entwicklung gerecht werden können.

An der Schnittlinie zwischen statistischer Physik und Molekulargenetik formiert sich derzeit rasch eine zusammenhängende internationale Wissenschaftsgemeinschaft. Die Physik biologischer Information hat seit ein paar Jahren einen prominenten Platz in Workshop-Programmen und Sommerschulen inne, darunter mehrere Programme des *Institute for Theoretical Physics*¹⁾ (Santa Barbara), des *Aspen Center for Physics* und des *Instituts für Physik komplexer Systeme* (Dres-

den). Führende wissenschaftliche Zeitschriften (z. B. die *Proceedings of the National Academy of Sciences*, USA) haben sich diesem Forschungsgebiet geöffnet, wichtige Neugründungen von Zeitschriften (z. B. *Physical Biology*) und das preprint-Archiv „Quantitative Biology“²⁾ formen das Forschungsgebiet. Das Potenzial künftiger Entwicklungen ist Gegenstand einer hitzigen Debatte.³⁾

Spitzenuniversitäten vor allem in den USA gehen derzeit noch einen wesentlichen Schritt weiter mit der Gründung von Forschungszentren für Biologie und Physik. Die Schaffung derartiger Zentren erscheint uns als notwendige Konsequenz des inhaltlichen Zusammenwachsens von biologischer Physik und Molekulargenetik. Jeder Wissenschaftler mag Spezialist auf dem einen oder anderen Gebiet in Abb. 3 sein, er ist „Student“ auf anderen und damit auf unmittelbaren Informationsaustausch angewiesen. Der

1) <http://Matisse.ucsd.edu/itp-bioinfo>

2) <http://arxiv.org/new/q-bioannounce.html>, www.biomedcentral.com/news/20030930/05

3) E. Pennisi, *Nature* **419** (2002), 244, J. Knight, *Science* **302** (2005), 1646.

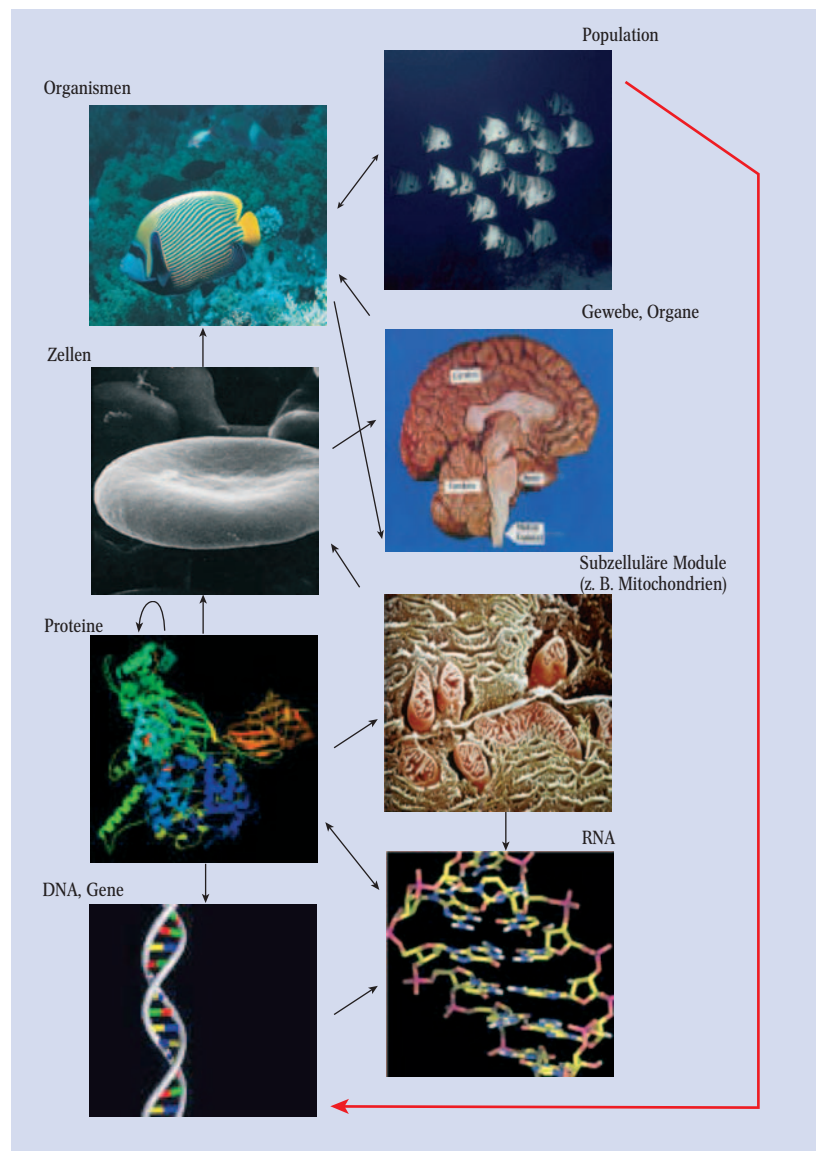


Abb. 3: Biologische Systeme sind gekennzeichnet durch eine große Anzahl funktionaler Einheiten unterschiedlicher Größenskala und mannigfaltige Wechselwirkungen zwischen diesen Einheiten, von den Biomolekülen (DNA, RNA, Proteine) bis hin zu den Populationen. Auf dieser Ebene entscheidet sich durch Zufall und Finesseffekte, welche genetische Information an zukünftige Generationen weitergegeben wird. Die Evolution erzeugt also eine statistische Rückkopplung von großen auf kleine Skalen, ein entscheidendes Charakteristikum biologischer Systeme.

Wert eines gemeinsamen Daches für die Forschung kann nicht hoch genug eingeschätzt werden. Mittelfristig ebenso wichtig ist die Bedeutung für die Lehre. Interdisziplinäre Zentren für Biologie und Physik sind eine wesentliche Voraussetzung für die Entwicklung konsistenter Curricula in quantitativer Biologie für Studenten unterschiedlicher Fachrichtungen. Es gibt z.B. eine Vielzahl von Studenten der theoretischen Physik, die sich für biologische Fragestellungen interessieren und nach einer Brücke zu ihrem fachlichen Hintergrund suchen, bisher aber vielerorts keine adäquaten Qualifikationsmöglichkeiten in Biologie finden.

Einige dieser Initiativen seien hier genannt:

► Das *Center for Studies in Physics and Biology*⁴⁾ (Rockefeller University, New York) spielt eine Pionierrolle bei der Entwicklung interdisziplinärer Forschung zwischen Physik und Molekularbiologie.

► Das *Center for Theoretical Biological Physics*⁵⁾ (University of California, San Diego) ist eine neugegründete, NSF-finanzierte Partnerschaft zwischen der Universität, dem Scripps Research Institute, dem Salk Institute für Biological Studies und dem Supercomputer Center. Seine Aufgabe ist „encompassing a broad spectrum of

research at the forefront of the biology-physics interface“.

► Das *Institute for Integrative Genomics*⁶⁾ (Princeton University) ist eine interdisziplinäre Neugründung mit dem Ziel der Erforschung genomischer Funktion und genetischer Netzwerke.

► Das *Department of Systems Biology*⁷⁾ (Harvard University) und das *Center for Systems Biology* (Weizmann Institute of Science, Israel) sind fachübergreifende Initiativen, die Biologen, Physiker und Bioinformatiker zusammenführen. Das Ziel ist die Stärkung multidisziplinärer Zusammenarbeit in der Systembiologie.

Dringender Handlungsbedarf in Deutschland

In Deutschland gibt es bis jetzt noch keine vergleichbaren Einrichtungen. Dabei sind die Voraussetzungen an mehreren Standorten gegeben: Deutschland verfügt über Spitzenforschung in den Bereichen Molekularbiologie, Physik der kondensierten Materie und Bioinformatik. Das Einbeziehen der Biophysik in den Kanon physikalischer Fachbereiche hat sich im internationalen Vergleich als Stärke Deutschlands erwiesen. Für die weitergehenden Herausforderungen post-genomischer Naturwissenschaft sind die deutschen Universitäten mit ihrer

klassischen Gliederung in Fachbereiche Biologie und Physik jedoch nicht optimal aufgestellt. Experiment und Theorie sowie die verschiedenen Kompetenzbereiche innerhalb der Theorie sind organisatorisch zu weit voneinander entfernt.

Wird Deutschland auf diesem sich formenden Kerngebiet der Naturwissenschaft in Zukunft eine führende Rolle spielen können? Dies hängt entscheidend davon ab, ob auch bei uns der Konvergenz der Wissenschaftsdisziplinen sehr bald eine Konvergenz der Forschungsstrukturen folgen wird. Wie der Vergleich mit dem Ausland zeigt, besteht hier ein dringender Handlungsbedarf für Wissenschaft und Politik.

In den vergangenen Monaten fand in Deutschland eine lebhaft Debatt über die Förderung universitärer Eliten statt. Wir begrüßen das Ziel, hochqualifizierte Fachbereiche und Exzellenzzentren stärker als bisher zu fördern. Wir vermissen aber noch eine intensive Diskussion zwischen Politik und Wissenschaft darüber, wie die Fördermittel zielgenau eingesetzt werden können. Notwendig ist dazu die Identifizierung innovativer Forschungsschwerpunkte, deren Förderung im nationalen Interesse liegt. Unser Beitrag will Anstoß zu einer solchen Diskussion sein.

4) <http://uqbar.rockefeller.edu>.

5) <http://ctbp.ucsd.edu>

6) www.genomics.princeton.edu

7) <http://sysbio.med.harvard.edu>.

Forschungsthemen zwischen Molekularbiologie und statistischer Physik

► Die *Morphologie und die Thermodynamik von RNA- und Proteinmolekülen* wird von ihrer spezifischen Sequenzinformation bestimmt. Dies macht eine Weiterentwicklung der in der statistischen Physik üblichen Modelle erforderlich, die bisher weitgehend auf zufälligen Sequenzen basieren.

► Die *molekulare Kodierung von Gen-Wechselwirkungen im Bereich regulatorischer DNA* beruht auf spezifischen Protein-DNA- und auf Protein-Protein-Wechselwirkungen. Ebenso beeinflusst die Transportkinetik von Signalmolekülen die Funktion regulatorischer Wechselwirkungen. Die Biophysik dieser molekularen Prozesse hängt also mit dem Design und der Evolution genetischer Netzwerke zusammen – auf noch weitgehend unbekannter Weise. Die Verbindung der Theorien auf molekularer Sequenz-Ebene

und auf „mesoskopischer“ Netzwerk-Ebene wird wesentlich auf Konzepten der statistischen Physik beruhen.

► Die *stochastische Dynamik genomischer Sequenzen* und die resultierenden Verteilungen in einer Bevölkerung sind Gegenstand der Populationsgenetik. Bisher beschränkt sich diese Theorie weitgehend auf wenige Loci im Genom. Ihre Erweiterung auf Netzwerke korrelierter Loci kann auf Methoden der modernen Physik kondensierter Materie zurückgreifen.

► *Komplexe intra- und interzelluläre Strukturbildungsprozesse* wie etwa die embryonale Entwicklung werden durch genetische Netzwerke gesteuert, gleichzeitig spielen physikalische kooperative Phänomene wie dissipative Strukturbildung oder strukturelle Phasenübergänge eine Rolle. Dies eröffnet die Möglichkeit, solche

Prozesse durch ein Zusammenfassen physikalischer Reaktions-Diffusionsmodelle und logistischer Modelle regulativer Netzwerke zu beschreiben.

► Es gibt zahlreiche *weitere Korrelationen* zwischen genetischer Expression, Signaltransduktion in der Zelle sowie der Morphologie und den physikalischen Eigenschaften zellulärer Substrukturen. Die Transkription, d. h. das Ablesen genomischer Information, wird durch die Bildung von Komplexen aus DNA, Transkriptionsfaktoren und Histon-Proteinen reguliert. Ein weiteres Beispiel ist die Steuerung physikalischer Eigenschaften des Zytoskeletts und der Zellmembran (Elastizität, Adhäsion) durch die Integration funktionaler Proteine. Das Design genetischer Netzwerke und physikalischer Netzwerke in der Zelle folgt vergleichbaren

Prinzipien, etwa der Robustheit gegenüber Störungen.

► Auch zwischen *Molekularbiologie und physikalischer Messtechnik* gibt es ein weites Feld des Zusammenwirkens. Moderne Verfahren wie molekulare Kraftmikroskopie und Einzelmolekül-Fluoreszenzspektroskopie können in wesentlich stärkerem Umfang für kontrollierte molekularbiologische Experimente genutzt werden. Präzisionsmessungen der mikro-mechanischen und hydrodynamischen Eigenschaften oder der Zell-Zell-Adhäsionskräfte können den Zusammenhang von genetischer Expression und zellulären Eigenschaften quantifizieren. Dies hat wichtige Konsequenzen für die Synthese neuer biomimetischer Materialien und eröffnet damit eine neue Dimension der Materialforschung.