



Dr. Sagar Bhogaraju

ist Postdoktorand im Labor von Prof. Ivan Dikic am Buchmann Institut für Molekulare Lebenswissenschaften.

Das rechte Bild stellt die Elektronendichte eines menschlichen Proteins dar, gewonnen durch die Röntgenstrahl-Beugung an Kristallen dieses Proteins. Die Struktur hat Sagar Bhogaraju 2016 aufgeklärt. Das linke Bild stellt ein erstes Strukturmodell auf der Basis der gemessenen Elektronendichte dar.

Gemeinsam unterstreichen diese beiden Bilder die Schönheit und Komplexität der Röntgenkristallographie. Links ist ein scheinbar unordentlich angeordnetes Netz zu sehen, tatsächlich zeigt das Bild jedoch die Verteilung der Elektronendichte in einem menschlichen Protein. Sie wurde berechnet aus

der Beugung, die Röntgenstrahlen am Kristallgitter dieses Proteins erfahren. Ein geübter Kristallograph erkennt darin bereits wichtige Strukturelemente des Proteins, Helices und sogenannte Beta-Faltblätter. Für einen Wissenschaftler ist das ein Heureka-Moment. Dann beginnt der akribische Teil, bei dem wir einzelne Atome (bzw. Aminosäuren) in die Elektronendichte-Verteilung einpassen, um schließlich zu dem Strukturmodell auf der linken Seite zu gelangen. Eine solche Proteinstruktur verrät eine Menge über bislang nicht bekannte zelluläre Funktionen des Proteins und ebnet damit den Weg für spannende zukünftige Experimente.

Lieblingsbild