

Laufen menschliche Interaktionen in sozialen Netzwerken so ab wie das Zusammenspiel von Proteinen?

Forscher des Biotechnologischen Zentrums der TU Dresden hat erstaunliche Parallelen gefunden - Eine der großen wissenschaftlichen Herausforderungen unserer Zeit ist es, die lebende Materie zu verstehen, unter anderem die Organisation des Lebens in Molekülen, Zellen und Geweben. Dr. Carlo Vittorio Cannistraci vom Biotechnologischen Zentrum (BIOTEC) der Technischen Universität Dresden erforscht, ob Gehirnzellen nach den gleichen Prinzipien zusammenwirken wie Moleküle innerhalb einer Zelle.

In seiner neuesten Studie, die er im Wissenschaftsmagazin Nature veröffentlichte, zeigt er auf, dass die Abläufe in beiden Systemen nach gleichen Prinzipien von statten gehen - egal wie groß die Strukturen sind und unabhängig davon, welche Körperfunktionen sie unterstützen. Er konnte diese komplexen Abläufe in einem mathematischen Modell darstellen, das das Zusammenspiel von Protein-Molekülen bei veränderten Bedingungen vorhersagen kann.

„Mit Hilfe meines Modells können die Ergebnisse von Experimenten verbessert werden, indem unvermeidbare Fehlerquellen mathematisch bereinigt werden. Und: Die Prinzipien der Selbstorganisation von Proteinen, die ich modelliert habe, können auch zur Erforschung anderer komplexer Netzwerke angewendet werden, z.B. in der systemischen Biologie, der vernetzten Medizin und sogar der Beschreibung von menschlichen Interaktionen in großen sozialen Netzwerken“, sagt Dr. Carlo Vittorio Cannistraci, der als Gruppenleiter für Biomedizinische Cybernetik am Biotechnologischen Zentrum der TU Dresden tätig ist. Ob die Mechanismen in sozialen Netzwerken ähnlich funktionieren wie das Zusammenspiel von Zellen oder die Abläufe innerhalb von Zellen - darauf wird Dr. Cannistraci sein Augenmerk auch in Zukunft richten und weiter an der Entschlüsselung der mathematischen Prinzipien in lebender Materie forschen.

Originalpublikation:

Modelling self-organization in complex networks via a brain-inspired network automata theory improves link reliability in protein interactomes.

Carlo Vittorio Cannistraci

Scientific Reports 2018; www.nature.com/articles/s41598-018-33576-8