Molekulare Bionik: Der Zellkern als Vorbild für DNA-basierte Computerchips

Im menschlichen Körper verarbeiten Stammzellen genetische Informationen äußerst verlässlich und sehr schnell. Dazu greifen sie gezielt auf bestimmte Abschnitte der DNA im Zellkern zu. Wie das DNA-basierte Informationssystem funktioniert, haben Forschende des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT) untersucht. Ihre Ergebnisse zeigen, dass dieser Vorgang mit Prozessen in modernen Computern vergleichbar ist und somit als Vorbild für neue Arten von DNA-basierten Computerchips dienen könnte. Veröffentlichung in „Annals of the New York Academy of Sciences".

In menschlichen Zellen befinden sich circa 20 000 Gene auf einem zwei Meter langen DNA-Faden – fein aufgewickelt in einem etwa 10 Mikrometer kleinen Kern. Zum Vergleich: Das entspricht einem 40 Kilometer langen Faden, der in einen Fußball verpackt wird. Trotz dieser Enge schaffen es Stammzellen, blitzschnell innerhalb weniger Minuten, die richtigen Gene zu finden und zu aktivieren. Welche Gene das sind, unterscheidet sich von Zelle zu Zelle. Dabei ist die präzise Aktivierung entscheidend, denn Fehler in der Genauswahl können zu Krankheit oder Zelltod führen.

Die Untersuchungen der Forschenden des KIT zeigen, dass biomolekulare Kondensate das schnelle und trotzdem zuverlässige Aktivieren der richtigen Gene ermöglichen. „Biomolekulare Kondensate sind winzige Tropfen, die sich ähnlich wie die Tröpfchen am Badezimmerspiegel nach einer heißen Dusche an bestimmten Stellen der DNA bilden und sich dabei wie Öl in Wasser verhalten", sagt Professor Lennart Hilbert vom Institut für Biologische und Chemische Systeme (IBCS) des KIT. „Sie enthalten molekulare Maschinen, also eine Ansammlung bestimmter Moleküle, die für das Aktivieren von Genen nötig sind." Dieser Vorgang erinnert an ein zentrales Prinzip der Informatik, das modernen Computern und auch Smartphones zugrunde liegt: die Von-Neumann-Architektur. In dieser Architektur kann sich ein einziger Prozessor mit hoher Geschwindigkeit gezielt mit einer einzigen Adresse in einem großen Arbeitsspeicher – oft auch RAM genannt – verbinden. Dieses Prinzip wollen die Forschenden nun auf künstliche, DNA-basierte Computerchips übertragen, um damit zukünftig etwa die Steuerung biotechnologischer und biomedizinischer Anwendungen zu ermöglichen.

Oberflächen, die rechnen

„Um solche biomolekularen Kondensate, also die Rechenzentren der Zellkerne, nachbilden und künstliche DNA-Nanostrukturen für Computerchips bauen zu können, kombinieren wir klassische Laborexperimente mit modernen Computersimulationen. Mit den digitalen Modellen der DNA-Nanostrukturen können wir das Verhalten der Kondensate nachvollziehen und sogar vorhersagen", erklärt Mona Wellhäusser, Doktorandin am IBCS und eine Mitautorin des Papers.

Dazu simulieren die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler am Computer ein System, in dem Enzyme wie kleine Maschinen arbeiten und spezifische Aufgaben erledigen, zum Beispiel Rechnungen ausführen. Damit diese Enzyme an den richtigen Ort auf der DNA gelangen, nutzen sie die Oberflächenkondensation, bei der sich die Enzyme wie von selbst an bestimmten Stellen auf der DNA ansammeln – genau dort, wo sie gebraucht werden. Wurden in der Simulation Kandidaten identifiziert, die sich korrekt verhalten, werden sie real synthetisiert und in Reagenzgläsern auf ihre tatsächlichen Eigenschaften geprüft. „Das beschleunigt den Forschungsprozess ungemein, da Computersimulationen sehr viel weniger Zeit erfordern, als Laborexperimente", so Hilbert. „Bisher konnten wir nur eine Adresse ansteuern. Aber mit unserer Forschung ebnen wir den Weg, um ein umfassenderes Adresssystem und völlig neue, DNA-basierte Speicher- und Computersysteme zu entwickeln, deren Architektur sich am Vorbild der Natur orientiert."

Der Corona-mRNA-Impfstoff und eine kürzlich erfolgreiche patientenspezifische, „programmierte" Gentherapie würden schon heute das Potenzial von durch DNA und RNA programmierbaren Biotechnologien zeigen, so die Forschenden. Ein weiteres vielversprechendes Anwendungsfeld seien „DNA-Chips" zur intelligenten Steuerung von Krebstherapien. Sie könnten Immunzellen gezielt umprogrammieren, sodass diese aktiv werden, sobald sie auf Krebszellen treffen.

Publikation:
Lennart Hilbert, Aaron Gadzekpo, Simon Lo Vecchio, Mona Wellhäusser, Xenia Tschurikow, Roshan Prizak, Barbara Becker, Sandra Burghart, Ewa Anna Oprzeska-Zingrebe: Chromatin-associated condensates as an inspiration for the system architecture of future DNA computers. Annals of the New York Academy of Sciences,

2025.
DOI: 10.1111/nyas.15415

Pressemitteilung

09.09.2025
Quelle: Karlsruher Institut für Techologie (KIT)

Weitere Informationen

- Karlsruher Institut für Technologie (KIT)