

Membranmodelle wurden durch neue Befunde schrittweise verbessert

Die Hauptbestandteile der Membranen sind Lipide und Proteine, aber daneben enthalten sie auch Kohlenhydrate. Das derzeit anerkannte Modell für die Anordnung dieser Moleküle in den Membranen bezeichnet man als „**Fluid-Mosaic**“-Modell. Seine Entwicklung soll nun ein wenig genauer nachgezeichnet werden, denn es ist ein gutes Beispiel dafür, wie Wissenschaftler auf früheren Beobachtungen und Ideen aufbauen und Modelle als Arbeitshypothesen entwickeln.

Die ersten Modelle des molekularen Aufbaus von Biomembranen entwickelte man schon Jahrzehnte, bevor man diese Gebilde in den fünfziger Jahren erstmals im Elektronenmikroskop sehen konnte. OVERTON postulierte bereits 1895, Membranen müssten aus Lipiden bestehen; das schloss er aus seiner Beobachtung, dass fettlösliche („lipophile“) Substanzen viel einfacher in Zellen eindringen können als solche, die sich nicht in Fett lösen (die „lipophob“ sind). Die niederländischen Wissenschaftler GORTER und GRENDEL kamen 1925 auf die Idee, dass Zellmembranen Lipid-Doppelschichten sein müssten, die zwei Moleküle dick sind. Eine solche Doppelschicht könnte eine stabile Abgrenzung zwischen zwei wässrigen Kompartimenten bilden, weil die hydrophoben Schwänze der Phospholipide durch die Anordnung gegen das Wasser abgeschirmt sind, während die hydrophilen Köpfe freiliegen. Im **GORTER-GRENDEL-Modell** (s. Abb.1) blieben die Proteine als Bestandteile von Membranen zunächst unberücksichtigt. Die Köpfe der Phospholipide sind zwar hydrophil, aber die Oberfläche einer künstlichen Membran aus einer Phospholipiddoppelschicht haftet nicht so stark an Wasser wie eine wirkliche biologische Membran.

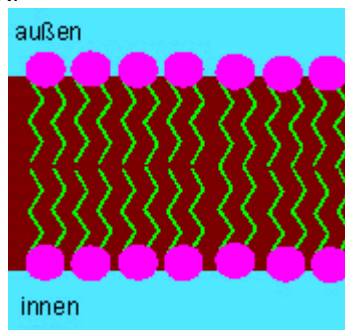


Abbildung 1: GORTER-GRENDEL-Modell

Dieser Unterschied lässt sich mit der Annahme erklären, dass die Membran auf beiden Seiten von Proteinen bedeckt ist, eine Hypothese, die DAVSON und DANIELLI 1935 in das Modell der Membranstruktur aufnahmen. Nach dem **DAVSON-DANIELLI-Modell** (s. Abb. 2) war die Membran wie ein Sandwich gebaut, mit einer Phospholipiddoppelschicht zwischen zwei Schichten aufgelagerter Proteine (= periphere Proteine). In den fünfziger Jahren konnte man Membranen endlich im Elektronenmikroskop sehen. Mit einer Dicke von 7 bis 8 nm war die Zellmembran ein wenig zu dünn für die Sandwichstruktur, die DAVSON und DANIELLI vorausgesagt hatten. Aber nach einer geringfügigen Abwandlung, bei der man geschlossene Schichten aus flachen an Stelle von peripheren Proteinen annahm, stimmte das Modell mit der beobachteten Dicke der Membranen überein. In den sechziger Jahren waren das DAVSON-DANIELLI-Modell als Strukturmodell allgemein anerkannt. Gegen Ende jenes Jahrzehnts erkannte man jedoch immer deutlicher, dass das Modell zwei Schwachpunkte besaß. Erstens ergaben sich Zweifel, dass alle

Membranen der Zelle gleich aufgebaut sind. Im Elektronenmikroskop sehen sie nämlich keineswegs einheitlich aus. Außerdem besitzen Mitochondrienmembranen einen deutlich höheren Proteingehalt als die Zellmembran, und es gibt auch Unterschiede in der Lipidzusammensetzung. Das zweite Problem des Sandwichmodells betraf die Lage der Proteine. Membranproteine sind im Gegensatz zu den Proteinen im Cytosol schlecht wasserlöslich. Sie besitzen hydrophobe und hydrophile Regionen, sind also ebenso amphipatisch wie die Phospholipide, mit denen sie assoziiert sind. Lägen die Proteine als durchgehende Schicht auf der Membran, befänden sich nicht nur ihre hydrophilen, sondern auch ihre hydrophoben Bereich in einer wässrigen Umgebung. Im Jahre 1972 schlugen SINGER und NICOLSON ein verändertes Membranmodell vor. Sie hatten die Proteine in einer Weise angeordnet, die mit ihrem amphipatischen Charakter vereinbar war. Die Phospholipiddoppelschicht ist in diesem Modell nicht von festen Proteinschichten bedeckt, sondern die Membranproteine sind einzeln in die Phospholipiddoppelschicht eingelagert und ragen nur mit ihren hydrophilen Bereichen in das umgebende Wasser. Nach dieser Vorstellung ist die Membran ein Mosaik aus Proteinmolekülen, die in einer flüssigen Doppelschicht aus Phospholipiden liegen; deshalb spricht man auch vom „**Fluid-Mosaic**“- Modell.

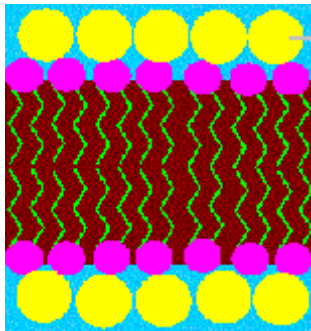


Abbildung 2: DAVSON-DANIELLI-Modell

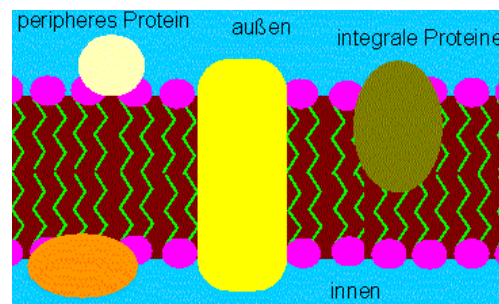


Abbildung 3: "Fluid-Mosaic"-Modell nach SINGER und NICOLSON

Die Entwicklung der Erkenntnisse über die Membranstruktur ist ein gutes Beispiel dafür, wie naturwissenschaftliche Forschung funktioniert. Forscher schlagen Modelle vor, um damit die bisherigen Beobachtungen zu bündeln und zu erklären. Dass ein Modell der Membranstruktur von einem anderen verdrängt wurde, bedeutet nicht, das erste Modell wäre nutzlos gewesen. Ob ein Modell anerkannt oder abgelehnt wird, hängt davon ab, wie genau es zu den Beobachtungen passt und wie gut es die experimentellen Befunde erklärt. Ein gutes Modell erlaubt außerdem Voraussagen, die als Richtschnur für weitere Forschungsarbeiten dienen. Modelle veranlassen zu Experimenten, und die wenigsten Modelle überstehen eine solche Überprüfung ohne Abwandlungen. Durch neue Befunde kann ein Modell veralten, aber auch dann lässt man es unter Umständen nicht völlig fallen, sondern es wird so abgewandelt, dass es mit den neuen Erkenntnissen vereinbar ist. Wie seinen Vorgänger, der fast 35 Jahre überdauerte, so wird man vielleicht auch das „Fluid-Mosaic“-Modell eines Tages umgestalten müssen, damit es zu neuen Daten passt. Zur Zeit ist es jedoch die geeignetste Arbeitsgrundlage für die Erforschung der Membranstruktur.