

# Zusammenfassung

Das Bakterium *Bacillus subtilis* lebt im Boden und ist dort verschiedenen Umweltreizen ausgesetzt. Ein Teil dieser Reize wird durch das Stressosom aufgenommen. Diese komplexe Struktur von pseudo-ikosahedraler Geometrie besteht aus drei Proteinklassen: 1) dem Sensor RsbR, 2) dem Gerüstprotein RsbS und 3) der Kinase RsbT. Durch Stimulation des Stressosoms verändert sich sein Phosphorylierungsmuster, was die Interaktionen der Proteine verändert und zur Dissoziation von RsbT führt. Das frei-werdende, cytoplasmatische RsbT aktiviert eine weitere Signalkaskade, die schließlich zur Freisetzung des Transkriptionsfaktors  $\sigma^B$  und zur allgemeinen Stressantwort führt. Durch biochemische und molekularbiologische Ansätze konnten die Reaktionen und Interaktionen aufgeklärt werden, jedoch sind diese Techniken ungeeignet, Informationen zu strukturbezogenen Funktionen zu liefern. Obwohl im Gegensatz mathematische Modelle die Geometrie des Stressosoms berücksichtigen können, gab es bisher noch kein Modell zum Stressosom. In dieser Arbeit stelle ich die ersten rechnerbasierten Modelle zum Stressosom auf Basis zellulärer Automaten vor. Zusätzlich kann dessen ikosahedrale Struktur durch ein geometrisches Modell auf Basis von Origami-Falttechniken reproduziert werden, was Informationen zu Domänenbewegungen liefert. Die Bedingungen der Freisetzung von  $\sigma^B$  erlauben die Anwendung von Differentialgleichungen, mit denen ich die Dynamik eines Reporterproteins nachvollziehe. Meine Analysen zeigen, dass unterschiedliche Signale identisch verarbeitet werden, was nahelegt, dass diese Signale auch identisch aufgenommen werden. Die theoretische Reproduktion einer Reporterproteindynamik zeigt, dass der proteolytische Abbau des Reporterproteins Teil der  $\sigma^B$  induzierten allgemeinen Stressantwort ist, was durch nachfolgende Experimente bestätigt wurde. Die vorgestellte Kollapshypothese beschreibt den Informationstransfer zwischen RsbR und RsbT, und legt eine koordinierte Bewegung von drei Proteindimeren nahe. Die Modellierungsarbeiten verdeutlichen eine Aktivierungsschleife von RsbT, die eine Trennung der Dauer der Stressantwort von der Signaldauer bewirkt. Damit stellt diese Arbeit neue Erkenntnisse zur  $\sigma^B$ -induzierten allgemeinen Stressantwort vor und vertieft unser Verständnis der Umweltanpassung von *B. subtilis*.