



Leibniz-Institut

DSMZ-Deutsche Sammlung
von Mikroorganismen
und Zellkulturen GmbH

home of more than 79,000 biological resources

JAHRESBERICHT 2021

SAMMLUNG • FORSCHUNG • SERVICE



Mitglied der

Leibniz
Leibniz
Gemeinschaft



Kollegium

des Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH



VORWORT

Bettina Fischer | Administrative Geschäftsführerin
Prof. Dr. Jörg Overmann | Wissenschaftlicher Direktor

Liebe Leserschaft,

auch das Jahr 2021 war für das Leibniz-Institut DSMZ stark durch die SARS-CoV-2-Pandemie und die damit verbundenen Einschränkungen geprägt. Mit einem umfassenden Maßnahmenpaket konnten die Vorgaben zum Home Office umgesetzt, die Mitarbeitenden bei den vielfachen Herausforderungen durch die Kinderbetreuung und das Homeschooling unterstützt und die Betriebsabläufe unserer Forschungsinfrastruktur weitgehend aufrechterhalten werden. Wie in allen anderen wissenschaftlichen Instituten waren aber die Feldforschung und die Durchführung von Praktika für Studierende stark eingeschränkt. Erfreulicherweise blieb die Nachfrage nach den Bioressourcen, Services und Expertisen des Leibniz-Instituts DSMZ auf einem hohen Niveau. Das zeigt einmal mehr, dass Forschungsinfrastrukturen wie die DSMZ auch in Krisenzeiten systemrelevant für die globale Forschung und Entwicklung bleiben.

Neben der kontinuierlichen Erweiterung der Sammlung von Bioressourcen lag der Arbeitsschwerpunkt der DSMZ im vergangenen Jahr auf der Etablierung eines neuartigen digitalen Angebots. Im Oktober 2021 startete das von der Deutschen Forschungsgemeinschaft finanzierte Konsortium *NFDI4Microbiota* und

komplettiert nun die bereits ein Jahr zuvor begonnen Arbeiten im Konsortium *NFDI4Biodiversity*. Die DSMZ ist damit integraler Bestandteil der großen Nationalen Forschungsdateninfrastruktur NFDI und unterstützt die mikrobiologische Forschungscommunity in Deutschland mit einem essentiellen Beitrag zur Digitalisierung in den Lebenswissenschaften. Die NFDI schafft in den kommenden fünf Jahren Zugänge zu Daten, stellt Tools zur Daten-Analyse bereit, entwickelt Standards für Daten sowie Metadaten und macht ein umfassendes Trainingsangebot in den Datenwissenschaften. Ein zweiter wichtiger Themenschwerpunkt der DSMZ lag im vergangenen Jahr auf der Beratung der Politik zur Bedeutung von digitaler Sequenzinformationen für die Lebenswissenschaften. Zusammen mit anderen Institutionen hat die DSMZ federführend in verschiedenen Veröffentlichungen und Veranstaltungen klargestellt, dass der freie Zugang zu diesen Informationen auch weiterhin zwingend erforderlich ist, um Biodiversität zukünftig besser erforschen und erhalten zu können.

Wir wünschen eine aufschlussreiche Lektüre und freuen uns über Ihr Interesse am Leibniz-Institut DSMZ.

Ihr Prof. Dr. Jörg Overmann
Wissenschaftlicher Direktor

Ihre Bettina Fischer
Administrative Geschäftsführerin



Das DSMZ-Hauptgebäude auf dem Science Campus Braunschweig-Süd

INHALTSVERZEICHNIS

Das Leibniz-Institut DSMZ – Einführung	6
Geschichte und Entwicklung im Überblick	8
Organigramm	10
Sammlung und Forschung im Jahr 2021	12
Sammlungsabteilung Mikroorganismen	14
Sammlungsabteilung Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung	23
Sammlungsabteilung Menschliche und Tierische Zellkulturen	32
Sammlungsabteilung Pflanzenviren	42
Services	48
Forschungsabteilung Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung	53
Forschungseinheit Mikrobielle Genomforschung	61
Unabhängige Nachwuchsgruppen	64
Abteilung Bioinformatik und Datenbanken	68
Administration	73
Stabsstellen	78
Vertretung der Beschäftigten	84
Anhang	88
Gremien	89
Beschäftigte der DSMZ	90
Publikationen und Gutachtertätigkeiten	91
Sammlung und Entwicklung des Sammlungsbestands	92
Mikroorganismen und Zellkulturen für die Welt – Kunden der DSMZ	96
Zahlen, Daten, Fakten	98
Standort DSMZ und aktuelle Forschungspartner in Deutschland, Europa und der Welt	100
Standorte der DSMZ in Braunschweig	102

DAS LEIBNIZ-INSTITUT DSMZ – EINFÜHRUNG

Das Leibniz-Institut DSMZ ist das deutsche Kompetenzzentrum für die Erforschung, Bereitstellung und Nutzung biologischer Ressourcen. Das systematische Sammeln der taxonomischen Vielfalt kultivierter Bakterien ist eine der Kernaufgaben der DSMZ seit der Gründung im Jahr 1969. Im Jahr 1987 entstand zunächst durch die Zusammenführung von insgesamt sieben deutschlandweit verteilten universitären und außer-universitären Sammlungen eine zentrale Einheit mit Bakterien-, Archaea-, Bakteriophagen- und Pilzkulturen in Braunschweig. Auf diese Weise konnten Arbeitsprozesse standardisiert sowie ein übergreifendes Qualitätsmanagement und ein effektiver Versand der Bioressourcen etabliert werden. Seit 1987 wurden die Sammlungsgebiete um Menschliche und Tierische Zellkulturen und zuletzt um Pflanzenviren erweitert. Im Jahr 2016 erfolgte die Etablierung der neuen Sammlungsabteilung **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung**, um dem wachsenden Bedarf an mikrobiellen Bioressourcen für die angewandte Forschung Stand halten zu können. Heute ist die DSMZ die weltweit vielfältigste Bioressourcen-Sammlung. Zudem ist diese Sammlung eine der größten der Welt.

Grundvoraussetzung zur verlässlichen Arbeit im Bereich der Lebenswissenschaften ist der Zugang zu langfristig gesicherten Hinterlegungsmöglichkeiten für Mikroorganismen und Zellkulturen. Nicht nur innerhalb der Wissenschaftsgemeinschaft, sondern auch zunehmend gesamtgesellschaftlich werden Reproduzierbarkeit und Transparenz von Forschungsergebnissen eingefordert. In Bezug auf die Arbeit mit Biomaterialien kann dies nur durch eine unabhängige, öffentlich geförderte

Instanzen zur kostengünstigen Bereitstellung von qualitätskontrolliertem und gut dokumentiertem Referenzmaterial gewährleistet werden.

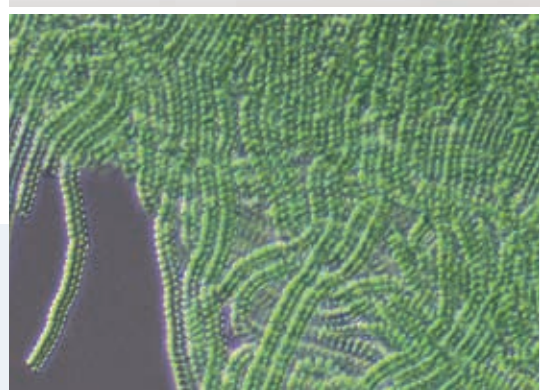
Rund 40.000 Bioressourcen werden jährlich vom Leibniz-Institut DSMZ an mehr als 4.100 Kunden in mindestens 80 Länder abgegeben. Diese Zahlen belegen eindrücklich die Relevanz der DSMZ-Sammlungen für Forschung und Entwicklung weltweit. Gleichzeitig übernimmt die DSMZ seit 1981 als internationale Hinterlegungsstelle für Patentzwecke gemäß Budapest Vertrag eine weitere Aufgabe von zentraler Bedeutung. In Deutschland ist die DSMZ die einzige Hinterlegungsstelle für Biomaterialien. Der seit dem Jahr 2011 bestehende Online-Shop vereinfacht den Zugang zu den verfügbaren Bioressourcen für legitimierte Kunden. Im Jahr 2018 wurde das Leibniz-Institut DSMZ als weltweit erste registrierte Sammlung nach EU-Richtlinie 511/2014 anerkannt und bietet ihren Nutzern damit die notwendige Rechtssicherheit im Umgang mit ihren Bioressourcen.

Um das Forschungsprofil der DSMZ zu schärfen, bestehende sammlungsrelevante Forschungsthemen zu entwickeln und dazu verstärkt drittmittelfinanzierte Projekte einwerben zu können, wurde im Jahr 2010 die eigenständige Forschungsabteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** aufgebaut.

Die rasante Entwicklung der molekularen Lebenswissenschaften und Datenwissenschaften wurde dabei vom Leibniz-Institut DSMZ konsequent genutzt, um modernste Forschungsansätze, innovative Technologien (Hochdurchsatzkultivierung und -sequenzierung) und neue Auswertungsmethoden der

Diversitätsforschung zu etablieren. Bestehende Lücken im Forschungsportfolio wurden in den vergangenen Jahren durch die Schaffung von zusätzlichen Forschungseinheiten in den großen Sammlungsabteilungen geschlossen, die sich der **Geomikrobiologie**, dem **Genome Mining** und **Genetic Engineering** und der Zellbiologie von Tumoren widmen. Zeitlich begrenzt werden diese Forschungsarbeiten um ausgewählte aktuelle Themen ergänzt, welche durch die unabhängigen Nachwuchsgruppen **Mikrobielle Biotechnologie** und **VirusInteract** (Interaktionen von Pflanzenviren mit ihren Wirten) bearbeitet werden. Die Einrichtung unabhängiger Nachwuchsgruppen bietet gleichzeitig hervorragende Qualifizierungsmöglichkeiten für den wissenschaftlichen Nachwuchs.

Mit dem positiven Evaluierungsergebnis durch den Senat der Leibniz-Gemeinschaft im Jahr 2020 hat die DSMZ Exzellenz bewiesen und wurde als **essentielle Forschungsinfrastruktur** gewürdigt. Der Umzug der Abteilung **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung** in das Zentrum für Wirkstoff- und Funktionelle Genomforschung auf dem Science Campus Braunschweig-Süd war 2020 zudem ein wichtiger Schritt für den Ausbau der interdisziplinären Forschung mit dem Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung. Mit dem beantragten Sondertatbestand *Digital Diversity* wird sich die DSMZ ab dem Jahr 2023 zukunftsorientiert auch in diesem wichtigen Bereich global als führende Institution positionieren.



GESCHICHTE UND ENTWICKLUNG IM ÜBERBLICK

1969

Beschluss zur Etablierung einer *Sammlung für Mikroorganismen Göttingen (SMG)* innerhalb der Abteilung *Ernährungsphysiologie der Mikroorganismen mit Mikrobensbank* am Göttinger Institut für Mikrobiologie der Gesellschaft für Strahlenforschung (GSF).

1972

Aufnahme des ersten Patentstamms in die Sammlung.

1973

Offizieller Name *Deutsche Sammlung von Mikroorganismen (DSM)*.

1974

Anerkennung als offizielle Hinterlegungsstelle durch das Deutsche Patentamt.

1976

Die DSM wird ausgegliedert und eigenständig am Institut für Mikrobiologie geführt.

1979

Ausgliederung der DSM aus der GSF, Transfer zur Gesellschaft für Biotechnologische Forschung (GBF) Braunschweig.

1981

Anerkennung der DSM als internationale Hinterlegungsstelle für Patentzwecke gemäß des Budapester Vertrags.

Bis 1987

Umzug der Kulturen von Göttingen nach Braunschweig. Integration der dezentralen DSM-Sammlungen von Actinomycetales (TH Darmstadt), Gram-positiven Nicht-Sporenbildnern und Enterobakterien (Milchforschungsanstalt Freising-Weihenstephan, LMU München), Pseudomonaden und marinen Bakterien (Bayreuth) und Hefen (Institut für Gärungsgewerbe und Biotechnologie, Berlin).

1987

Etablierung von Pflanzenzelllinien sowie von Menschlichen und Tierischen Zellkulturen als neue Sammlungsgebiete.

1988

Umbenennung in *Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen*. Ausgliederung aus der GBF. Die DSMZ wird zur GmbH mit dem Land Niedersachsen als einzigen Gesellschafter.

1990

Aufnahme der Pflanzenviren-Sammlung von Prof. Dr. Rudolf Bercks.

1992

Beginn der Überführung von IMET-Patentstämmen und ausgewählten Sammlungsstämmen: die IMET Kulturensammlung des Zentralinstituts für Mikrobiologie und experimentelle Therapie (ZIMET) in Jena wird temporär Außenstelle der DSMZ.

1996

Förderung der DSMZ als Einrichtung der „Blauen Liste“. Sie wird in der Nachfolge Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft.



2004

Etablierung eines Qualitätsmanagementsystems nach DIN EN ISO 9001:2000.

2010

Einrichtung eines sammlungsunabhängigen Forschungsbereichs: die Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung**.

2011

Umbenennung in *Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH*. Einrichtung der Abteilung **Bioinformatik** und Etablierung der Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung. Etablierung eines Online-Shops für den Versand biologischer Ressourcen.

2012

Die neuartige phänotypische Datenbank *BacDive* der DSMZ geht online.

2012–2014

Einrichtung der drei unabhängigen Nachwuchsgruppen **Mikrobielle Zellbiologie und Genetik**, **Einzelzellgenomik** und **Molekulare Tumorforschung**.

2014

Einrichtung der Forschungseinheit **Mikrobielle Genomforschung** im Rahmen der Beteiligung der DSMZ am Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF). Im Zuge der Vergrößerung der DSMZ wird das Stammgebäude Z um ein Stockwerk erhöht.

2016

Etablierung der neuen Sammlungsabteilung **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung**.

2017

Einrichtung der drei unabhängigen Nachwuchsgruppen **Bakterielle Metabolomik**, **Mikrobielle Biotechnologie** und **VirusInteract**.

2018

Einführung einer dualen Geschäftsführung an der DSMZ. Die DSMZ wird die erste registrierte Sammlung zur Umsetzung des Nagoya-Protokolls in der EU.

2019

Die DSMZ feiert das 50-jährige Institutsjubiläum.

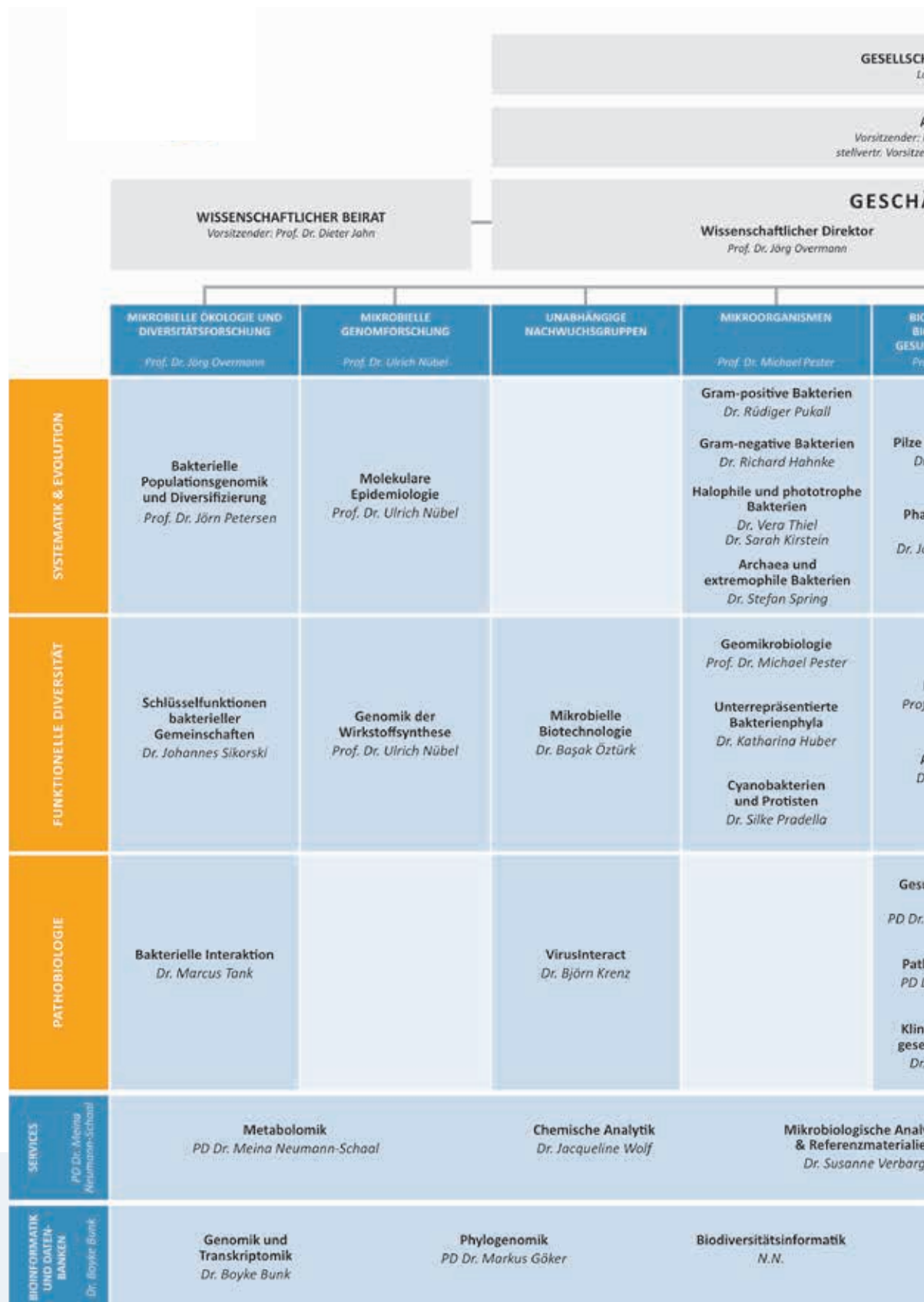
2020

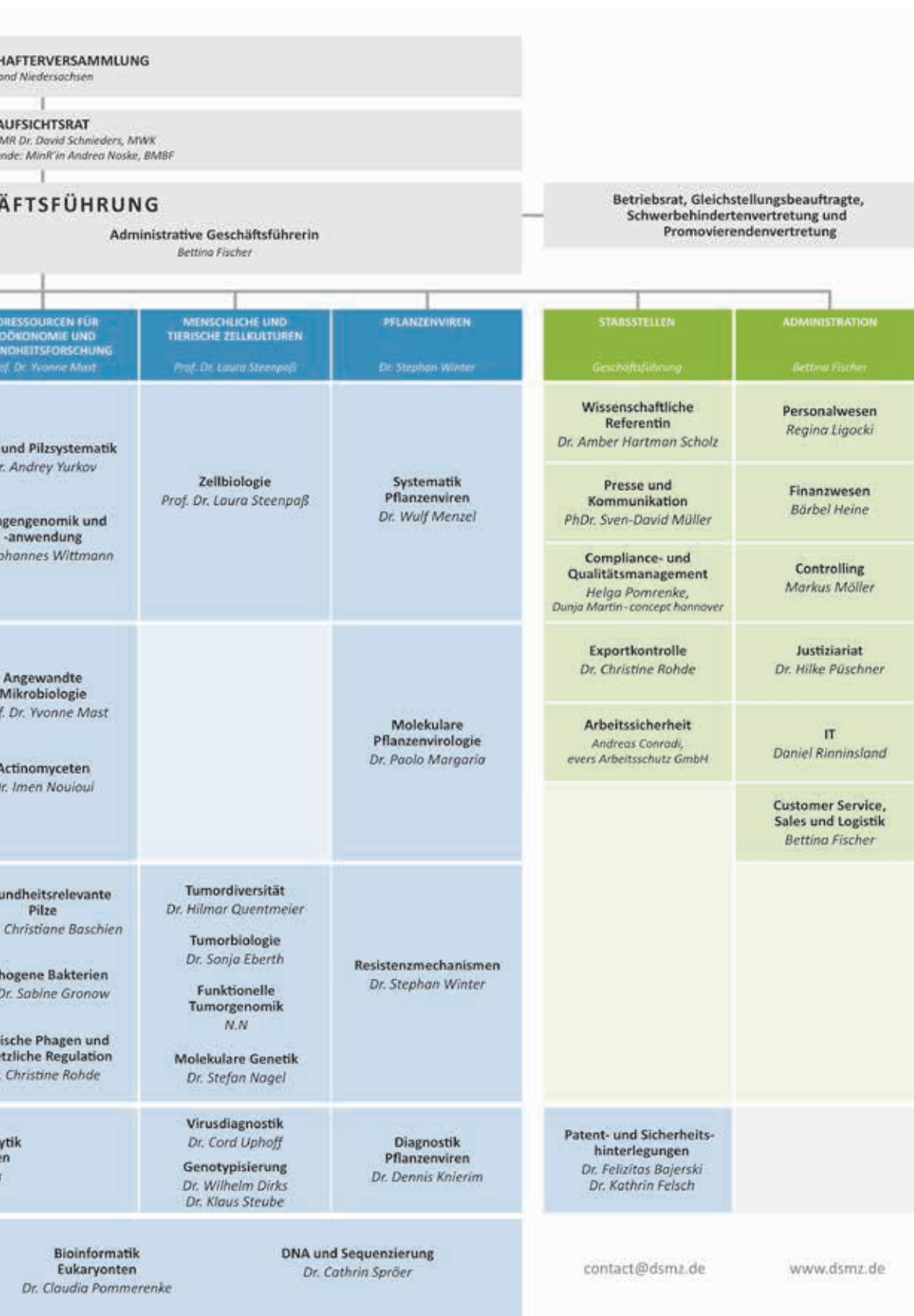
Einzug der Abteilung **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung** in das neue *Zentrum für Wirkstoff- und Funktionelle Genomforschung* auf dem Science Campus Braunschweig-Süd. Erfolgreiche Evaluierung durch den Senat der Leibniz-Gemeinschaft.

2021

Die Zahl der bei der DSMZ hinterlegten Bioressourcen liegt bei über 79.000. Launch der Website des *German Nagoya Protocol HuB*. Start der von der DFG geförderten Nationalen Forschungsdaten-Infrastruktur *NFDI4Microbiota*; Miterstellung des Positionspapiers zur Erhaltung der Biodiversität durch OpenDSI im Rahmen des Leibniz-Forschungsnetzwerk *Biodiversität*.

ORGANIGRAMM





SAMMLUNG UND FORSCHUNG IM JAHR 2021

GESAMTKONZEPT UND PROGRAMMSTRUKTUR

Entsprechend seiner Aufgabenstellung als global tätiges Biologisches Ressourcenzentrum richtet das Leibniz-Institut DSMZ sein Programm in der Forschung und Entwicklung auf die Bereiche Biotechnologie, Umweltschutz, Landwirtschaft und Gesundheitswesen aus. In Übereinstimmung mit den Richtlinien der OECD (*Organization for Economic Co-Operation and Development*) und den im Gesellschaftsvertrag festgelegten Grundaufgaben werden fünf Themengebiete abgedeckt:

- **Akquise, Konservierung und Bereitstellung von biologischen Ressourcen für die universitäre, industrielle, landwirtschaftliche und medizinische Forschung**
- **Bedarfsgeleitete Weiterentwicklung der Sammlung biologischer Ressourcen**
- **National und international anerkannte Hinterlegungsstelle von biologischem Material im Rahmen von Patentverfahren**
- **Bereitstellung von Expertenwissen und Informationen, Formulierung von Richtlinien**
- **Bereichsübergreifende, themengeleitete Forschungsarbeiten und Entwicklung neuer Analysemethoden**

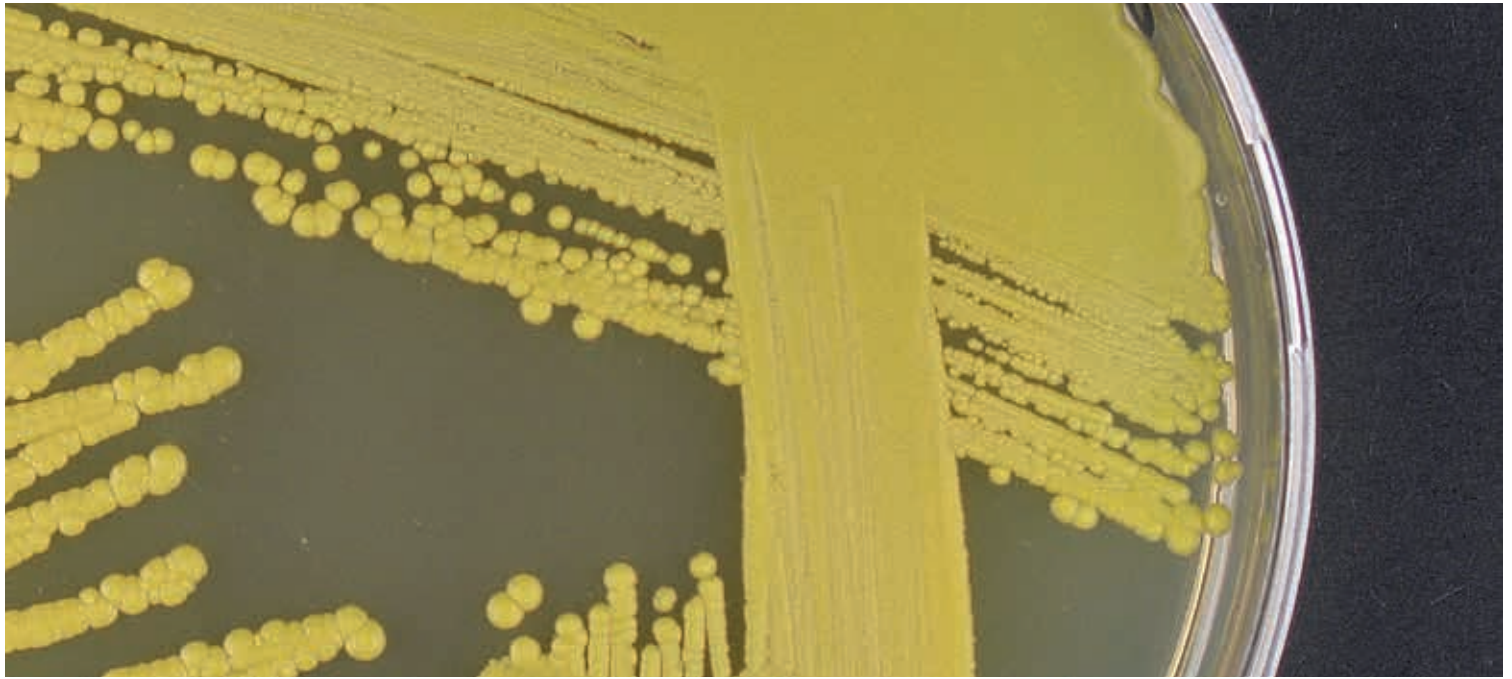
Aus diesen Themengebieten ergibt sich ein übergeordnetes Aufgabenspektrum, das sich in drei Programmbereiche gliedert:

- **Ressourcenmanagement (Sammlung)**
- **Forschung und Wissenstransfer**
- **Service**

Das Aufgabenspektrum wird durch folgende sammlungs- und forschungsbezogene Einheiten abgedeckt:

- **Sammlungsabteilung *Mikroorganismen***
- **Sammlungsabteilung *Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung***
- **Sammlungsabteilung *Menschliche und Tierische Zellkulturen***
- **Sammlungsabteilung *Pflanzenviren***
- ***Services und Forschungssupport***
- **Forschungsabteilung *Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung***
- **Forschungseinheit *Mikrobielle Genomforschung***
- **Unabhängige Nachwuchsgruppen**
- **Abteilung *Bioinformatik und Datenbanken***

Während die grundlegenden Aufgaben der DSMZ als nationales Bioressourcenzentrum seit fünf Jahrzehnten trotz kontinuierlicher Weiterentwicklung vergleichbar geblieben sind, fand in den letzten Jahren ein signifikanter Ausbau des Programmbereichs Forschung und Wissenstransfer statt. Dabei wurden ***Systematik und Evolution, Funktionelle Diversität*** und ***Pathobiologie*** als die drei übergreifenden, wissenschaftlich aktuellen Leitthemen für das Institut entwickelt. Gleichzeitig konnten so modernste Technologien etabliert und die Sammlungsaktivitäten themenbezogen erweitert werden. Angestrebt ist, die DSMZ von einem Biologischen Ressourcenzentrum zu einem Kompetenzzentrum mit integriertem Bioressourcen- und Datenmanagement, spezifischer Expertise in den Bereichen modernster Serviceleistungen und Biodiversitätsinformatik sowie einer führenden Rolle in der Diversitäts- und Interaktionsforschung auszubauen. Die DSMZ ist eine Non-Profit Organisation und vom Finanzamt Hannover als gemeinnützig anerkannt.



SAMMLUNGSABTEILUNG MIKROORGANISMEN

Mikroorganismen global

Die Abteilung erfüllt mit der Sammlung der breiten Diversität an kultivierten Mikroorganismen und der Erforschung neuartiger, nicht kultivierter Mikroorganismen zwei zentrale Aufgaben des Leibniz-Instituts DSMZ. Die große Vielfalt der gesammelten Mikroorganismen erfordert eine breite mikrobiologische Expertise, welche in sechs thematisch ausgerichteten Kuratorien angesiedelt ist. Komplementär dazu werden Mikroorganismen mit großer Relevanz für natürliche Prozesse und Klimawandel in der Arbeitsgruppe Geomikrobiologie erforscht.

Prof. Dr. Michael Pester





Dr. Stefan Spring

Die Sammlung von Archaea und Extremophilen Bakterien umfasst vorwiegend Kulturen, die von extremen Standorten wie heißen Tiefseequellen, sauren Schwefelquellen oder extrem salzhaltigen anoxischen Sedimenten isoliert wurden. Diese Mikroorganismen stellen entsprechend hohe Anforderungen bei der *in vitro*-Kultivierung und benötigen spezielle Kultivierungsmethoden. Die Diversität an anaeroben und extremophilen Mikroorganismen, die von diesem Kuratorium bereitgestellt wird, ist weltweit einzigartig. Durch die Anpassung an extreme Wachstumsbedingungen sind einige Enzyme dieser Bakterien sehr stabil und daher von kommerziellem Interesse. Bestimmte Gruppen von Prokaryonten, wie beispielsweise die methanogenen Archaea, spielen bei der Erderwärmung durch die Produktion des Treibhausgases Methan eine ausschlaggebende Rolle. Die Sammlung von methanogenen Stämmen an der DSMZ stellt daher eine wichtige Grundlage für Forschungsprojekte auf diesem Gebiet dar.

TÄTIGKEITSBEREICHE

In der Sammlungsarbeit wird ein Schwerpunkt auf die Entwicklung und Optimierung von Kultivierungsmedien für besonders anspruchsvolle Stämme gelegt. Die hohe Diversität der Mikroorganismen in der Arbeitsgruppe **Archaea und Extremophile Bakterien** führte zur Entwicklung von über 700 verschiedenen Medienrezepten. Diese Rezepte sind bisher nur als PDF-Dateien verfügbar und sollen in Zukunft in einer Datenbank (*BacMedia*) erfasst werden, die das Entwickeln und die Optimierung von Medien in Zukunft erleichtern soll. Die Überführung komplexer Medien in ein Datenbankformat ist allerdings schwierig zu automatisieren, sodass in Zusammenarbeit mit der **IT Abteilung** das Ergebnis für jedes Medium kontrolliert und gegebenenfalls korrigiert werden muss. Zusätzlich besteht eine intensive Forschungstätigkeit, die auf die

Isolierung und Charakterisierung anaerober Mikroorganismen aus extremen Standorten, wie beispielsweise hypersaline Salzseen, fokussiert ist.

HIGHLIGHTS

Vertreter der *Deferribacteres* sind eine Gruppe anaerober Bakterien, die eine wichtige Funktion bei dem Abbau von Acetat in anoxischen Sedimenten spielen. Aus der anoxischen Zone einer photosynthetisch-aktiven mikrobiellen Matte eines hypersalinen Sees auf dem Kiritimati Atoll wurde ein *Deferribacteres*-Stamm isoliert, der eine neue Gattung und Art repräsentiert. Das neue Isolat kann mit Acetat und Nitrat in Medien mit hohem Salzgehalt wachsen, während die meisten Sulfat-reduzierenden Bakterien dazu nicht in der Lage sind. Vergleichende Genomanalysen zeigten, dass diesem Stamm und verwandten Arten eine klassische Nitrit-Reduktase (NrfA) fehlt. Genexpressionsanalysen deuten darauf hin, dass die Induktion eines Enzymkomplexes der äußeren Membran in Abhängigkeit von Nitrat erfolgt und mit der Expression der Nitrat-induzierbaren Formatehydrogenase (Fdh-N) gekoppelt ist. Weiterhin wurde ein Enzymkomplex der äußeren Membran identifiziert, der an dem Redoxzyklus von Sulfid und Schwefel beteiligt sein könnte. Elektronentransportkomplexe in der äußeren Membran von *Deferribacteres*-Arten wurden bisher nicht näher beschrieben und könnten dieser Bakteriengruppe einen Wettbewerbsvorteil an besonders oligotrophen oder extremen Standorten bieten, da das elektrochemische Protonenpotential durch eine Verlagerung der Reaktion nach außen verbessert wird.



CYANOBAKTERIEN UND PROTISTEN

Eine sehr alte Bakteriengruppe ist in en vogue



Dr. Silke Pradella

Cyanobakterien sind als „Erfinder“ der Photosynthese für die Anreicherung von Sauerstoff in unserer Atmosphäre vor 2,3 Milliarden Jahren verantwortlich und gelten als Ursprung der pflanzlichen Chloroplasten. An der Basis der Nahrungskette haben sie in den Ökosystemen als hoch effiziente Primärproduzenten durch ihre Photosynthese eine essentielle Bedeutung. Viele Cyanobakterien sind in der Lage, Sekundärmetabolite zu produzieren, die als zukünftige Arzneistoffe in Frage kommen. Viele dieser Sekundärstoffe stellen zum Teil aber auch gefährliche Toxine dar. Diese können beispielsweise in Trinkwasservorkommen zu massiven Problemen führen, wenn es zur Massenentwicklung von toxischen Cyanobakterien kommt, die das Trinkwasser verderben. Die Erforschung der Toxinbildung in Cyanobakterien sowie der Faktoren, die eine Vermehrung von toxinbildenden Arten in Trinkwasserreservoirs beeinflussen, stellt eine wichtige Zukunftsaufgabe dar.

TÄTIGKEITSBEREICHE

In den letzten Jahren hat die DSMZ ihr Portfolio erweitert und die wichtige Gruppe der Cyanobakterien in die Sammlung von Mikroorganismen aufgenommen. Aktuell befinden sich mehr als 900 Cyanobakterien-Stämme aus verschiedenen Lebensräumen an der DSMZ, die etwa 100 Gattungen repräsentieren. Darunter sind unter anderem rund 360 marine und brackische Nordsee-Stämme aus der ehemaligen Sammlung von Lucas J. Stal (NIOZ - Royal Netherlands Institute of Marine Research) sowie 250 terrestrische und extremophile Stämme aus der Sammlung von Burkhard Büdel (TU Kaiserslautern, Deutschland). Durch die Übernahme dieser beiden renommierten Sammlungen hat die DSMZ wertvolle biologische Ressourcen gesichert.

Rund 98 % der vorhandenen Cyanobakterien sind nicht-axenische Mischkulturen, die folglich nicht nach den gängigen mikrobiologischen Methoden charakterisiert werden können. An der Etablierung sammlungstauglicher Verfahren zur Charakterisierung der gemischten Cyanobakterien-Kulturen, die den hohen Qualitätsansprüchen des

Leibniz-Instituts DSMZ gerecht werden, wird gearbeitet. Als besonders vielversprechend hat sich dabei die Metagenomsequenzierung von cyanobakteriellen Mischkulturen mittels der PacBio Sequel IIe Technologie erwiesen, die im Rahmen eines Pilotprojekts in Zusammenarbeit mit verschiedenen Abteilungen der DSMZ durchgeführt wurde. Aus Kulturen von Vertretern der Gattungen *Planktothrix*, *Phormidium* und *Oculatella* wurden die vollständigen Genomsequenzen des jeweils innewohnenden Cyanobakteriums etabliert. Sie wurden analysiert, um die Cyanobakterien taxonomisch zu bewerten und ihr metabolisches und toxigenes Potential zu bestimmen.

Die Arbeitsgruppe betreut zudem 130 ökologisch relevante Protistenkulturen (Diatomeen und Protozoa) und ist die einzige Hinterlegungseinrichtung bzw. Bezugsquelle für Protozoa in Deutschland.

HIGHLIGHT

Das rot-braun gefärbte Cyanobakterium *Planktothrix rubescens*, das umgangssprachlich auch unter dem Namen „Burgunderblutalge“ bekannt ist, lebt schwebend in Süßwasserseen und ist ein besonders gefürchteter Giftproduzent, beispielsweise des Cyanotoxins Microcystin. Immer wieder werden in heimischen Süßgewässern rostrote Blüten dieser Spezies beobachtet, die eine tödliche Gefahr für Mensch und Tier darstellen, wenn von Microcystin verseuchtem Wasser getrunken wird. In Zusammenarbeit mit dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ) in Magdeburg ist es der Arbeitsgruppe gelungen, *Planktothrix rubescens* aus einem regionalen Trinkwasservorkommen anzureichern und das Genom des Isolats komplett zu entschlüsseln. Die Analyse der Genomsequenz zeigte, dass der Organismus die vollständige genetische Ausstattung zur Synthese von Microcystin trägt und dieses Toxin – belegt durch massenspektroskopische Analysen – in hohen Konzentrationen produziert. Die Arbeitsgruppe hat damit die Basis für weiterführende toxikologische, ökologische und genetische Untersuchungen an diesem Organismus gelegt, die zur Sicherung der Trinkwasserqualität in unserer Region beitragen können.



Prof. Dr. Michael Pester

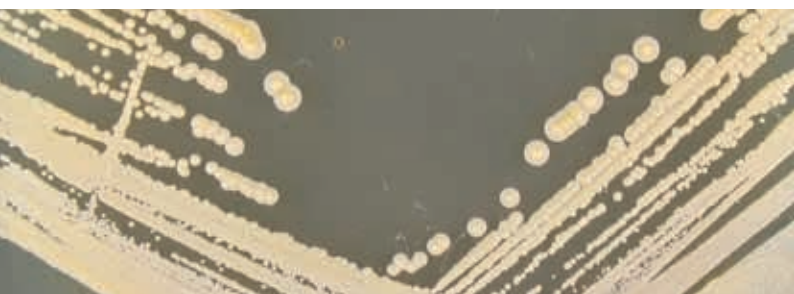
TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Forschung in der Arbeitsgruppe umfasst die Ökologie und Physiologie von umweltrelevanten Mikroorganismen mit Fokus auf deren Funktion in biogeochemischen Kreisläufen. Insbesondere werden Mikroorganismen im Schwefel- und Stickstoffkreislauf von aquatischen und terrestrischen Habitaten untersucht. Derzeitige Projekte umfassen die Aufklärung des Stoffwechselweges der mikrobiellen Pyritbildung, die Analyse mikrobieller Gemeinschaften in Süßwasserseen und Talsperren mit besonderem Fokus auf nitrifizierende Mikroorganismen und die Relevanz von Nukleotid-Abbauwegen sowie die Analyse nitrifizierender Mikroorganismen und der tiefen Biosphäre auf dem tibetischen Hochplateau. Die Arbeitsgruppe ist ebenfalls stark in die Lehre des Bachelor- und Masterstudiengangs der Fakultät für Lebenswissenschaften an der TU Braunschweig eingebunden.

HIGHLIGHTS

Die Arbeitsgruppe konnte mit zwei eingeworbenen Drittmittelprojekten weiter stark ausgebaut werden. Eines dieser Drittmittelprojekte wird sich mit dem Einfluss von Umweltviren auf biogeochemische Prozesse, im Speziellen auf die Nitrifikation, beschäftigen. Das zweite eingeworbene Projekt ist ein Querschnittsprojekt zwischen der Arbeitsgruppe

Geomikrobiologie, der Arbeitsgruppe **Unterrepräsentierte Phyla** und der Abteilung **Services**. In diesem interdisziplinären Projekt soll ein synthetisches Bodenmikrobiom etabliert werden, mit dem sich die Grundlagen des Energie- und Kohlenstoffflusses in Böden besser verstehen lassen. Weiterhin wurde die Arbeitsgruppe um eine DAAD-Stipendiatin erweitert, die den Einfluss des Klimawandels auf tibetischen Hochlandböden analysieren wird. Ein Forschungshighlight war eine zur Einreichung vorgelegte Arbeit über Ammonium-oxidierende Archaea im Bodensee. Der Bodensee versorgt in der 4-Länderregion Deutschland, Österreich, Schweiz und Liechtenstein über fünf Millionen Menschen mit Trinkwasser. Der mikrobielle Prozess der Nitrifikation stellt dabei sicher, dass der Grenzwert von 0,5 mg Ammonium pro Milliliter Wasser nicht überschritten wird. Unsere Forschung konnte zeigen, dass eine einzelne Art von Ammonium-oxidierenden Archaea aus dem Phylum *Thaumarchaeota* den Prozess der Ammonium-oxidation und somit die gesamte Nitrifikation im Tiefenwasser des Bodensees vorantreibt. Dabei konnten wir die Ammoniumoxiderationsraten erstmalig auf der Einzelzell-, der Populations- sowie auf der Ökosystemebene quantifizieren. Es stellte sich heraus, dass Ammonium-oxidierende Archaea bis zu 40% des Tiefenwasser-Bakterioplanktons ausmachen, was circa 12% des organischen Kohlenstoffs entspricht, der jährlich durch das Phytoplankton gebildet wird. Weiterhin konnten wir zeigen, dass diese Mikroorganismen im Bodensee jährlich 1800 Tonnen N-Ammonium umsetzen, was circa 11% der durch Phytoplankton produzierten N-Biomasse entspricht. Unsere Arbeiten stellen die erste quantitative Analyse dieser Prozesse in eurasischen Seen dar.





GRAM-NEGATIVE BAKTERIEN

Im Wandel – Von Pseudomonas und Sphingomonas zu Schlüsselorganismen in der Ökosystemdienstleistung



Dr. Richard Hahnke

Die Sammlung der Gram-negativen Bakterien findet sich in vielen Bereichen der Forschung wieder. Bei der Hälfte der Stämme handelt es sich um Typstämme von taxonomisch beschriebenen Arten, welche aus vielen Teilen der Erde und unterschiedlichsten Habitaten stammen. Diese bilden die Grundlage für die Erfassung und die Beschreibung der Diversität der Mikroorganismen. Gram-negative Bakterien dieser Sammlung sind Referenzstämme und wichtig für die Forschung im Bereich der Medizin, Pflanzenpathogene, der Biotechnologie und der Ökologie.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Dieser Sammlungsteil beinhaltet zum Großteil aerobe Gram-negative Bakterien aus den Taxa *Gammaproteobacteria* (z. B. *Enterobacteriaceae*, *Pseudomonas*, *Vibrio*, *Comamonas*, *Thauera*, *Lysobacter* und *Xanthomonas*) und *Alphaproteobacteria* (z. B. *Sphingomonas* und *Novosphingobium*). Viele Stämme in diesem Teil der Sammlung können spezielle organische Verbindungen abbauen. Ein zusätzlicher Fokus in diesem Sammlungsteil liegt bei den *Myxococcales* (*Deltaproteobacteria*), den Ammonium-oxidierenden Bakterien (AOB, z. B. *Nitrosomonas*, *Nitrosomonas*, *Nitrospira*) und den *Xenobiotika* abbauenden Gram-negativen Bakterien. Derzeit befinden sich insgesamt 6.270 Stämme in der Sammlung, von denen 5.551 Stämme der Wissenschaftsgemeinde im Online-Katalog zur Verfügung stehen. Das Kuratorium kümmert sich weiterhin um die Sammlung der pflanzenpathogenen Bakterien und die Erschließung der noch zum Großteil unbekannten Sammlung von *Myxobacteria* vom Mikrobiologen Prof. Dr. Reichenbach.



HIGHLIGHTS

Es werden weiterhin gezielt Ammonium-oxidierende Bakterien und Archaea in die öffentliche Sammlung der DSMZ aufgenommen und selber isoliert. Darunter zählen die Typstämme der Spezies in den Gattungen *Nitrosotalea* und *Nitrosocosmicus*. Das Kuratorium war an der Beschreibung der neuen Gattung *Natronoglycomyces* beteiligt. In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von PD Dr. Wink (HZI) wurde eine neue halophile Thiopeptid-produzierende Spezies *Streptomonospora litoralis* und die aus der Tiefsee isolierte neue Spezies *Streptomyces bathyalis* beschrieben. In Zusammenarbeit mit Dr. Houfani (Université de Bejaia, Bejaia, Algérie) wurden Actinobakterien-Stämme charakterisiert, die ein hohes Potential aufweisen, Zellulose und Hemizellulose abzubauen. Seit 2021 ist der Leiter des Kuratoriums stellvertretender Fachgruppensprecher in der VAAM Fachgruppe Identifizierung und Systematik und weiterhin der einzige nationale Vertreter im International Committee on Systematics of Prokaryotes (ICSP). Die in 2020 und 2021 von der Abteilung Mikroorganismen koordinierte Beantragung der Ausnahmegenehmigung nach EU 2019/2072 (Maßnahmen zum Schutz vor Pflanzenschädlingen) wurde bewilligt. Damit wurde sichergestellt, dass auch in Zukunft solche Stämme in die Sammlung aufgenommen und die zurzeit 134 Stämme von Unionsquarantäneschädlingen verkauft werden dürfen.



Dr. Rüdiger Pukall

Die Bedeutung der aeroben Endosporenbildenden Bakterien leitet sich aus der Fähigkeit zur Sporenbildung ab. Sporen stellen Überdauerungsstadien dar, deren Langlebigkeit und Verbreitung dazu führen, dass Sporenbildner von nahezu jedem Substrat isoliert werden können und daher für die Nahrungsmittel- und Getränkeindustrie von besonderer Bedeutung sind. Außerdem weisen Sporen erhöhte Resistenzen gegen Strahlungen, Hitzeeinwirkungen und Chemikalien auf, sodass diese bevorzugt als biologische Indikatoren für Sterilitätsstudien, aber auch zur Entwicklung neuer Sterilisationsmethoden eingesetzt werden können.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Arbeitsgruppe beschäftigt sich schwerpunktmäßig mit der Langzeiterhaltung und Charakterisierung Gram-positiver Bakterien aus den Taxa *Firmicutes* und *Actinobacteria*. Hierbei handelt es sich um Bakterienstämme, die aerob, mikroaerophil oder unter strikt anaeroben Bedingungen kultiviert werden müssen. Zudem stellt die Arbeitsgruppe Referenz- und Qualitätskontrollstämmen sowie Genomsequenzen vieler Typstämmen für spezifische Anwendungen in Industrie und Forschung zur Verfügung. Sie betreut derzeit rund 6.838 Bakterienstämme. Davon sind circa 5.602 Stämme im Online-Katalog der DSMZ gelistet. Die Digitalisierung der Stammdaten wurde initiiert und wird nach und nach fortgesetzt. Bei den Verkäufen steigt weiterhin die Nachfrage nach anaeroben Bakterien aus dem Darmmikrobiom. Untersuchungen zum Einfluss der Darmbakterien auf die Gesundheit des Menschen stehen hierbei oft im Vordergrund und einige Bakterienstämme aus den Gattungen *Bacteroides*, *Blautia*, *Roseburia*, *Faecalibacterium* und *Prevotella* werden bevorzugt nachgefragt. Außerdem zeichnet sich derzeit ein Trend bei der Hinterlegung von Stämmen aus Mikrobiom-Analysen ab. Hier konnte der Sammlungsbereich durch Stämme aus dem Arabidopsis- und Lotus-Mikrobiom sowie aus dem Kefir-Mikrobiom erweitert werden. In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Geomikrobiologie** konnte aus der Pyritkultur J5 ein

neues Isolat angereichert werden. Dieses wurde nun als *Seramatator thermalis* identifiziert, eine Art die erst kürzlich beschrieben worden ist. Die Genome von J5-Isolats und *Seramatator thermalis* sind nahezu identisch und unterscheiden sich nur in wenigen Genen, z.B. durch das Vorhandensein von Enzymen die am Abbau von Pektin beteiligt sind. Allerdings konnten bei den beiden Stämmen bisher experimentell keine Unterschiede bei der Substratverwertung festgestellt werden.

Die Arbeitsgruppe betreut außerdem die von der Europäischen Raumfahrtbehörde (ESA) geförderte Stammsammlung von extremophilen Bakterien aus Reinräumen. Die ESA stellt diese Bakterien, im Gegensatz zur NASA, öffentlich über die DSMZ zur Verfügung. Die Stämme sind von zentraler Bedeutung, um Resistenzmechanismen und Anpassungsstrategien an extreme Bedingungen im Detail analysieren und verstehen zu können. Auch in diesem Bereich verstärken sich die Genomanalysen zur Charakterisierung der Stämme deutlich. Vertreter der Gattung *Staphylococcus* werden sehr häufig aus Reinräumen isoliert. Daher wurden gemäß der Empfehlung der *Planetary Protection group* der ESA 23 *Staphylococcus epidermidis*-Isolate aus den Reinraumstudien zur Sequenzierung der Genome weitergeleitet. Die Genomsequenzen der Stämme liegen nun vor und sollen entsprechend eingehender analysiert werden.

HIGHLIGHTS

Das Projekt zur Erweiterung der ESA-Stammsammlung ist thematisch dem Bereich „Planetary Protection“ zugeordnet. Im Rahmen der *ExoMars Mission* wird ein Rover erstmals in zwei Metern Tiefe eine Bodenprobe vom Mars nehmen, die auf die Erde zurück gebracht werden soll. Der Mars Rover wurde an mehreren Standorten gefertigt (Turin, Stevenage und Toulouse). Aufgrund der Covid-19 Pandemie wurden die Probenahmen in den jeweiligen Reinräumen bis Ende 2021 nahezu eingestellt. Im Dezember 2021 konnten erstmals wieder Beprobungen in einem Turiner Reinraum und direkt am Rover stattfinden.



HALOPHILE UND PHOTOTROPHE BAKTERIEN

Salzliebende und Bakterien mit anderen Vorlieben



Dr. Vera Thiel



Dr. Brian J. Tindall



Dr. Sarah Kirstein

Bakterien und Archaea aus dieser Teilsammlung sind von biotechnologischer Bedeutung. *Thermus aquaticus* war die Quelle der ersten für die PCR kommerziell genutzten thermotoleranten DNA-Polymerase. Neuere Innovationen umfassen die Herstellung von Bionade unter Verwendung eines Stammes der Gattung *Gluconacetobacter*. Diese Bakterien spielen auch in der Fermentation anderer Getränke, z. B. Kombucha, eine Rolle und besitzen die Fähigkeit bakterielle Zellulose herzustellen. *Cupriavidus necator* weist großes Potential in verschiedenen Bereichen der Biotechnologie auf. Er kann aus Abfall, wie z.B. altem Frittierfett, Rohstoffe für die Produktion biologisch abbaubarer Kunststoffprodukte herstellen und wurde kürzlich als potentieller ‚Game Changer‘ im Kampf mit den globalen Herausforderungen des Klimawandels und der Plastikproblematik bezeichnet.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Sammlung der halophilen und phototropen Bakterien umfasst eine breite Palette von Bakterien und Archaea von ca. 3.500 im Katalog gelisteten Stämmen. Neben den genannten funktionalen Gruppen beinhaltet sie auch acidophile und alkaliphile, psychrophile und thermophile, aerobe und anaerobe, oligotrophe und autotrophe Mikroorganismen sowie eine einzigartige Sammlung von morphologisch ungewöhnlichen Organismen, die sogenannten knospenden Bakterien (*budding and appendaged bacteria*). Angesichts dieser Vielfalt erfordert die Sammlung die Verwendung mehrerer hundert verschiedener Nährmedien sowie ein breites Spektrum an Wissen, um diese Organismen zu kultivieren, zu lagern und an Kunden auf der ganzen Welt zu versenden. Die Sammlung enthält eine große Anzahl an Typstämmen (> 950), deren Genome innerhalb der GEBA (Genome Encyclopedia of the Bacteria and Archaea) und seinen Folgeprojekten sequenziert und der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt wurden. Das Kuratorium

ist ebenfalls auf den Gebieten der Klassifikation und Nomenklatur tätig. So sind z.B. die Regeln für die Benennung von Bakterien und Archaea im *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* festgehalten, an dem das Kuratorium mitgewirkt hat. Auch zu Artbeschreibungen inklusive genomischer und phenotypischer Charakterisierung neuer (phototropher) Bakterien sowie dem Standardwerk auf dem Gebiet der Taxonomie von Mikroorganismen, *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, trägt das Kuratorium mit seiner Expertise bei.

HIGHLIGHTS

Frau Dr. Vera Thiel leitet das Kuratorium seit Oktober 2020, übergangsweise und zur Unterstützung der Vereinbarkeit von Beruf und Familie als Doppelspitze, zunächst bis August 2021 mit Dr. Brian Tindall und seit November 2021 in Zusammenarbeit mit Dr. Sarah Kirstein. Mit der neuen Führung hat sich auch der Forschungsschwerpunkt des Kuratoriums geändert. In Zukunft wird die wissenschaftliche Ausrichtung die funktionale Gruppe der anoxygenen phototropen Bakterien in den Fokus schieben. Dazu gehören sowohl die Aufnahme und die Isolierung neuartiger phototropher Bakterien als auch Studien zur Bakterieninteraktion in natürlichen Gemeinschaften beziehungsweise in kontrollierten Mischkulturen im Labor sowie die Überprüfung des biotechnologischen Potentials dieser Gruppe. Laufende Arbeiten beschäftigen sich mit metagenomischen, metatranskriptomischen und metabolomischen Analysen phototropher Bakterienmatten an heißen Quellen. Die Forschungsarbeiten erfolgen in Zusammenarbeit mit der Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung**, sowie externen, internationalen Kooperationspartner. Weitere internationale Kooperationen beinhalten z.B. die Analyse der polygonalen Zellmorphologie halophiler Archaea und den biologischen Ursprung des Isoprenoids Phytan in fossilen Funden.



Dr. Katharina Huber

Durch den Aufbau einer Sammlung unterrepräsentierter Bakterienphyla soll der sich wandelnden Wissenschaftslage entsprochen werden. Unterrepräsentierte Taxa im Bereich der Mikroorganismen können bislang noch unentdeckte, wissenschaftlich oder wirtschaftlich relevante Stämme enthalten. Deren Konservierung und Bereitstellung ist von großer Bedeutung für die Wissenschaftslandschaft.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Arbeitsgruppe betreut derzeit 2.474 Stämme, von denen 1.850 im öffentlichen Katalog zugänglich sind. Neben der Bereitstellung von wissenschaftlich relevanten Mikroorganismen und den taxonomischen Arbeiten innerhalb des unterrepräsentierten Phylums Acidobacteria, der Acidimicrobiaceae und der Nitrosomonadales, ist die Arbeitsgruppe auch für die 16S rRNA Amplicon Sequenzierung mitverantwortlich und betreut Nachwuchsforschende an der DSMZ in Fragen der ARB Software und Erstellung von Übersichtskarten mit der Software R. Bestehende und neue Kooperationen mit Forschenden der Technischen Universität Braunschweig, dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung in Leipzig und den Universitäten Tübingen und Oldenburg untersuchen die Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaft in unterschiedlichsten Proben, die teilweise bereits veröffentlicht wurden oder derzeit für die Publikation vorbereitet werden. Zudem wird in der Arbeitsgruppe die Zusammensetzung und Aktivität der mikrobiellen Gemeinschaft und deren Auswirkung auf die Nährstoffkreisläufe in subtropischen Savannenböden erforscht. Ein weiterer Schwerpunkt sind die Charakterisierung von Anpassungsmechanismen von Acidobacteria an Trockenheit und Genomvergleichsarbeiten innerhalb der Acidobacteria.

HIGHLIGHTS

Nach einjähriger Elternzeit übernahm die eigentliche Arbeitsgruppenleitung wieder die Leitung der Arbeitsgruppe **Unterrepräsentierte Bakterienphyla**. In einem Projekt zur Isolierung neuer Acidobacteria-Arten aus Moorbodenproben, das in enger Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Geomikrobiologie** etabliert wurde, konnten drei neue Acidobacteria-Arten isoliert und charakterisiert werden, welche derzeit für die Publikation vorbereitet werden. Im Rahmen des Special Research Topics „Acidobacteria – Towards Unraveling the Secrets of a Widespread, Though Enigmatic, Phylum“ bei Frontiers, das die Arbeitsgruppen **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** und **Geomikrobiologie** mit weiteren externen Acidobacteria-Forschenden editieren, wurden sechs Studien erfolgreich veröffentlicht. An zweien dieser Veröffentlichungen war die Leitung der Arbeitsgruppe **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** als Co-Autor beziehungsweise sogar als Erstautor beteiligt. Bei dem DFG Projekt SPP Soil Systems - „Systems soil ecology with a synthetic microbial community“, dessen Antrag zusammen mit den Leitungen der Abteilungen **Mikroorganismen** und **Services** erfolgreich gestellt worden war, konnte im Berichtszeitraum die ausgeschriebene Doktorandenstelle besetzt werden.



Klotz F., Kitzinger K., **Ngugi D.K.**, **Buesing P.**, Littmann S., Kuypers M.M., Schink B., **Pester M.** (2021) Quantification of archaea-driven freshwater nitrification: from single cell to ecosystem level. *bioRxiv*: doi.org/10.1101/2021.07.22.453385

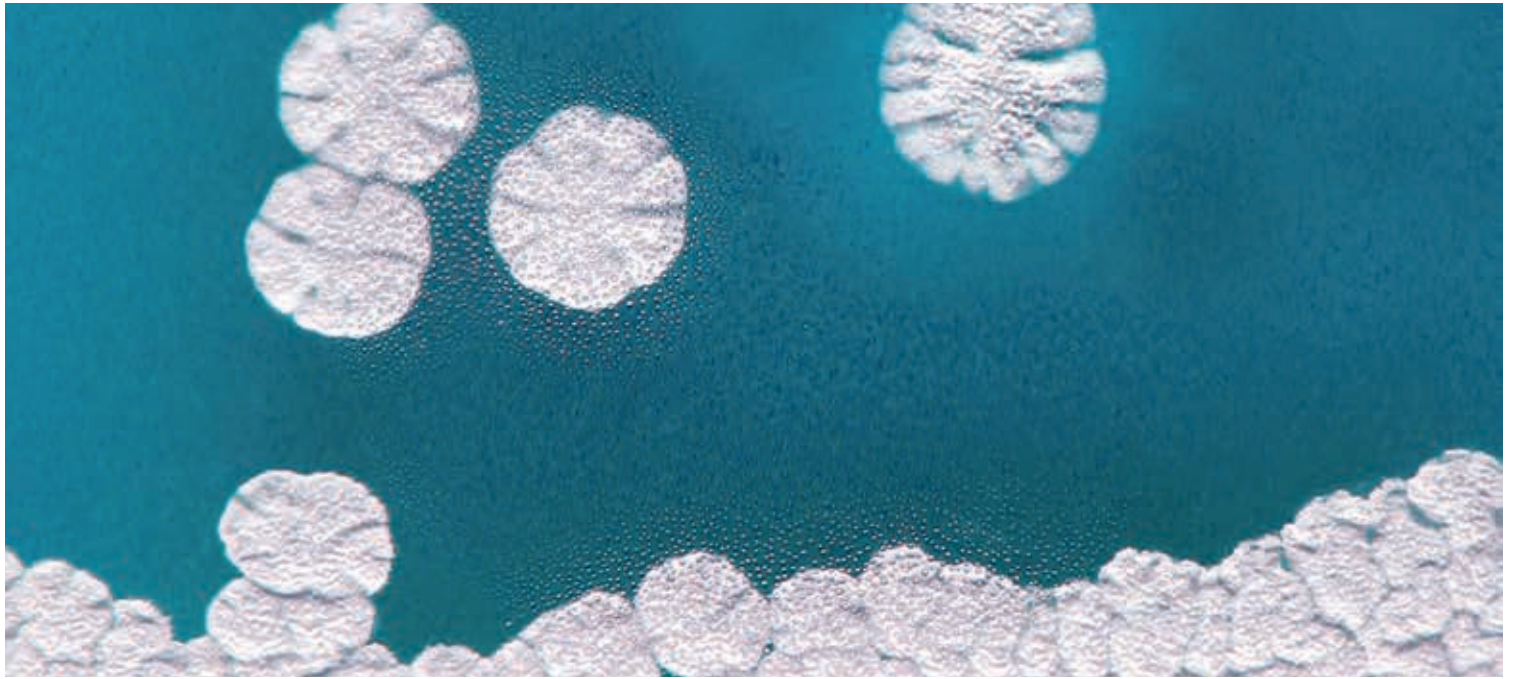
Spring S. (2021) *Caldisalibacter*. *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01982

Li R., Yang L., **Pukall R.**, Neumann-Schaal M., Mu C.-G., Shi Y.-J., Wang Y., Jiang G.-Q., Zhou Y.-G., Cai M., Yin M., Zhu W.-Y., Tang S.-K. (2021) *Alkalibacillus aidingensis* sp. nov., an Bacterium Isolated from Aiding Lake in Xinjiang Province, North-West China. *Curr Microbiol* 78: 3307-3312.

Kawai S., Martinez J.N., Lichtenberg M., Trampe E., Kuhl M., Tank M., Haruta S., Nishihara A., Hanada S., **Thiel V.** (2021) *In-Situ* Metatranscriptomic Analyses Reveal the Metabolic Flexibility of the Thermophilic Anoxygenic Photosynthetic Bacterium *Chloroflexus aggregans* in a Hot Spring Cyanobacteria-Dominated Microbial Mat. *Microorganisms* 9: 9652.

Khodamoradi S., **Hahnke R.L.**, Mast Y., Schumann P., Kämpfer P., Steinert M., Rückert C., Surup F., Rohde M., Wink J. (2021) *Streptomonospora litoralis* sp. nov., a halophilic thiopeptides producer isolated from sand collected at Cuxhaven beach. *Antonie Van Leeuwenhoek* 114: 1483-1496.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SAMMLUNGSABTEILUNG BIORESSOURCEN FÜR BIOÖKONOMIE UND GESUNDHEITSFORSCHUNG

Forschung für die Anwendung

Die Abteilung untersucht das Potential von biologischem Material für die Anwendung in der Humanmedizin und Biotechnologie. Die Arbeitsgruppen widmen sich dem Biosynthesepotential verschiedener Wirkstoffproduzenten, den antiinfektiösen Eigenschaften von Sekundärmetaboliten gegen klinische Krankheitserreger und dem antibakteriellen Potential von Bakteriophagen. Dabei finden verschiedene biotechnologische Strategien Einsatz, darunter Genome Mining, Gentechnik und Synthetische Biologie, um das Biosynthese- und Anwendungspotential der Mikroorganismen bestmöglich zu erschließen.

Prof. Dr. Yvonne Mast





Prof. Dr. Yvonne Mast

Actinomyceten sind neben Pilzen die wichtigsten und potentesten Antibiotikaproduzenten. Zwei Drittel der heutzutage genutzten Antibiotika werden von Actinomyceten produziert. Die Vielfalt an Substanzen, die von diesen Mikroorganismen gebildet werden, findet unter anderem Einsatz in der Medizin, beispielsweise als Antiinfektiva, Zytostatika oder auch als Herbizide in der Landwirtschaft. Insbesondere in diesen Tagen kommt der Antibiotikaforschung große Bedeutung zu, da in den Industrienationen Europas die bakteriellen Infektionskrankheiten wieder zunehmen. Die Weltgesundheitsorganisation erachtet dabei das Problem der Antibiotikaresistenzen als eines der größten Bedrohungen für die menschliche Gesundheit. Um der Resistenzproblematik zu begegnen, ist es zwingend notwendig neue Antibiotika zu finden. Dabei kommt dem sogenannten *Genome Mining*-Ansatz immer größere Bedeutung zu. Hierbei werden bakterielle Genome auf das Vorhandensein von Antibiotikabiosynthese-Genclustern durchsucht. Vor allem die Zunahme an verfügbaren Genomsequenzdaten und deren Analyse durch neue bioinformatische Software-Tools haben in den letzten Jahren offenbart, dass insbesondere Actinomyceten ein viel größeres genetisches Potential zur Antibiotika-Produktion haben als zuvor angenommen. Es wird vermutet, dass weniger als 10% aller Antibiotikabiosynthese-Gencluster exprimiert werden, während der überwiegende Teil als sogenannte „stille Gencluster“ vorliegt. Diese stillen Gencluster sind eine vielversprechende Quelle für neue Wirkstoffe. Durch gentechnische Manipulation der Wirtsstämme lässt sich das genetische Potential der Actinomyceten für die Wirkstoffforschung nutzbar machen.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Der Forschungsschwerpunkt der Arbeitsgruppe liegt im Bereich der angewandten Mikrobiologie,

speziell in der Erforschung und Nutzung des Biosynthesepotentials von Actinomyceten als potente Wirkstoffproduzenten. Hierbei werden Actinomyceten basierend auf Genomsequenzdaten mit Hilfe von bioinformatischen Tools auf das Vorhandensein und Potential der kodierten Biosynthesegencluster untersucht. Von ausgesuchten Wirkstoffproduzenten werden Biosyntheseprozesse genetisch manipuliert, um unter anderem die Produktion zu optimieren oder neuartige Derivate mit besseren Eigenschaften zu erzeugen (z.B. durch Mutasyntese). Ein besonderer Schwerpunkt der Arbeitsgruppe liegt in der Erforschung von Regulationsmechanismen der Antibiotika-Biosynthese. Als Modellorganismus dient hierfür der Actinomyceten-Stamm *Streptomyces pristinaespiralis*, welcher das Streptogramin-Antibiotikum Pristinamycin produziert, das als Notfall-Medikament gegen resistente pathogene Bakterien in der Humantherapie eingesetzt wird. Die Erkenntnisse aus den Arbeiten zur Antibiotika-Regulation lassen sich für generelle Ansätze in Bezug auf die Optimierung von Antibiotika-Produktionsprozessen sowie auf die Aktivierung stiller Gencluster übertragen.

HIGHLIGHTS

Im Rahmen des von der Baden-Württemberg-Stiftung geförderten Projektes „Herstellung neuartiger, resistenzbrechender Wirkstoffe durch Mutasyntese-Verfahren“ konnten zwei neue bioaktive Pristinamycin I-Derivate durch einen Mutasyntese-prozess hergestellt und in Kooperation mit Dr. Frank Surup (Arbeitsgruppe Mikrobielle Wirkstoffe, HZI) strukturaufgeklärt werden. Für das Herstellungsverfahren wurde 2021 eine Erfindungsmeldung eingereicht. Darüber hinaus war die Arbeitsgruppe an der Etablierung und Validierung eines neuen Bioreporter-Assays beteiligt, der es erlaubt in einem Primärscreening schnell und effizient Informationen zu Bioaktivitäten und Wirkungsweisen von

Naturstoffen zu erhalten. Die Projektarbeiten hierzu wurden in Kooperation mit der Arbeitsgruppe Mikrobielle Wirkstoffe der Universität Tübingen durchgeführt und vom Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) gefördert. In einem weiteren vom DZIF geförderten Verbundprojekt mit dem Titel „Precision Access to Antibiotic Compounds and Targets“ (PAACT) wird unter anderem in Kooperation mit der Arbeitsgruppe **Mikrobielle Genomforschung** der DSMZ in einem Genome-Mining-Ansatz nach neuen Phosphonat-Antibiotika aus genomsequenzierten Stämmen der DSMZ-Stammsammlung gescreent. Darüber hinaus wird in der Arbeitsgruppe generell nach neuen Wirkstoffproduzenten gesucht. Hierzu konnte die Arbeitsgruppe mit kombinierten Genome Mining- und molekularen Netzwerkanalysen das Wirkstoff-Biosynthesepotential zahlreicher neuer Actinomyceten-Isolate beschreiben, die von biodiversitätsreichen Standorten Indonesiens isoliert wurden. Gemeinsam mit der Arbeitsgruppe Mikrobielle Stammsammlung, HZI, Braunschweig und den Kuratorien **Actinomycetales** beziehungsweise **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** (Abteilung Mikroorganismen) und der Abteilung **Bioinformatik** der DSMZ wurden mehrere Arbeiten zur Charakterisierung neuer Wirkstoffproduzierender Actinomyceten publiziert. Im September 2021 hat die Arbeitsgruppe Angewandte Mikrobiologie gemeinsam mit dem Lehrstuhl Mikrobiologie/Biotechnologie der Universität Tübingen die VAAM-Fachgruppentagung „Biologie bakterieller Naturstoffproduzenten“ als Online-Veranstaltung mit rund 200 Teilnehmenden aus circa 30 verschiedenen Ländern ausgerichtet.





ACTINOMYCETEN

Auf der Suche nach Wirkstoffproduzenten



Dr. Imen Nouioui

Actinomyceten sind bekannt als potente Naturstoffproduzenten. Die Sammlung der DSMZ beherbergt zahlreiche unterschiedliche Vertreter der Actinomyceten mit großem Potential für die Wirkstoffforschung.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Forschungsexpertise der Arbeitsgruppe Actinomyceten fokussiert sich auf die Verbesserung von Identifizierungs- und Klassifizierungsansätzen von industriell und medizinisch relevanten Actinomyceten unter Verwendung moderner Methoden wie Gesamtgenom-Sequenzanalysen und Phänotyp-Microarrays als Hochdurchsatztechnologie für phänotypische Testungen. Die Arbeitsgruppe arbeitet an der Erweiterung der *Actinomycetales*-Sammlung mit besonderem Schwerpunkt auf Naturstoffproduzenten wie Streptomyceten- und Actinobakterien-Stämme mit klinischer Bedeutung. Die Arbeitsgruppe befasst sich auch mit Bakterien der Gattung *Frankia*, schwer zu kultivierende Organismen, die mutualistische Interaktionen mit zahlreichen kommerziell bedeutenden zweikeimblättrigen Pflanzen eingehen. Vorarbeiten haben gezeigt, dass *Frankia*-Stämme indirekt die Bodenfruchtbarkeit verbessern und potentiell als Ersatzstoffe für chemische Düngemittel verwendet werden können. Die DSMZ ist weltweit die einzige Sammlung mit einer Vielzahl von *Frankia*-Arten, darunter alle beschriebenen Typstämme. In der Arbeitsgruppe werden mehrere Hundert nicht näher beschriebene Actinomyceten-Stämme, welche vor 1990 in der Sammlung hinterlegt wurden, phylogenetisch charakterisiert und im Online-Katalog veröffentlicht. Um die Sammlung weiter auf dem neuesten Stand zu halten, wurden einige der jüngsten und gültig benannten Typstämme von anderen Kultursammlungen wie JCM, KCTC und NRRL angefordert und der Actinomyceten-Sammlung der DSMZ hinzugefügt.

Der Fokus lag hier auf wirkstoffproduzierenden Stämmen sowie Stämmen mit biotechnologischer und agrarwirtschaftlicher Relevanz. Die Arbeitsgruppe Actinomyceten arbeitet in engem Austausch mit der Arbeitsgruppe Angewandte Mikrobiologie und ist selbst an mehreren Kooperationsprojekten zur Beschreibung neuer Actinomyceten-Spezies beteiligt, unter anderem mit Prof. Kurtböke, University of the Sunshine Coast, Australia; Prof. Goodfellow, Newcastle University, UK; Dr. Vartul Sangal, Northumbria University, UK, Dr. Karlyshev, Kingston University, UK, Prof. Wink, HZI Braunschweig, Dr. Bouras, Université de Ghardaia, Algeria, oder Prof. Gross, University of Tübingen.

HIGHLIGHTS

In der Arbeitsgruppe Actinomyceten wird das antimikrobielle Potential einiger Actinomyceten-Stämme der Sammlung auf Grundlage von antimikrobiellen Agar-Plug-Bioassays untersucht und dokumentiert. Hierzu wurden gram-positive und gram-negative pathogene Referenzstämme sowie repräsentative Hefe- und Pilzstämme als Teststämme aus den Arbeitsgruppen **Pathogene Bakterien** und **Pilze** herangezogen. Ziel ist es, das antimikrobielle Potential der Actinomyceten zu bestimmen und diese Bioaktivitätsdaten als Dienstleistung zur Verfügung zu stellen. Im Rahmen von Kooperationsprojekten zur Beschreibung neuer Actinomyceten-Spezies mit biotechnologischem Potential war die Arbeitsgruppe an mehreren Publikationen beteiligt. Mit der Firma M Plus Life Sciences AG wurde ein gemeinsames Projektvorhaben zum Thema „Selektive Isolierung und Charakterisierung neuer, schnell-wachsender Mycobakterien *sensu lato*“ ausgearbeitet, das ab Februar 2022 vom Industriepartner gefördert wird.



PD Dr. Sabine Gronow

Die Arbeitsgruppe betreut fast alle an der DSMZ vorhandenen Organismen der Risikogruppe 2. Aufgrund der einzigartigen Diversität der zur Verfügung stehenden Bakterien bietet das Kuratorium eine sehr gut genutzte Bezugsquelle für in der medizinischen Forschung verwendeten Pathogene. Durch die Angliederung einer Stammsammlung des Deutschen Zentrums für Infektionsforschung (DZIF) bietet die Arbeitsgruppe zudem eine qualitätsgesicherte Konservierung von Krankenhausisolaten und Mikrobiomproben.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Neben der Erweiterung der Sammlung um medizinisch interessante Isolate und der Mitwirkung an Neubeschreibungen von potentiell neuen Arten und Gattungen gehört die Betreuung von Kunden im medizinischen Bereich zu den wichtigen Tätigkeiten der Forschenden. Eine gestiegene Nachfrage wird für definierte Mischungen von lebenden Mikroorganismen registriert. So wurden für die Injektion von keimfreien Mäusen in der Mikrobiomforschung mehrere, kombinierbare Sets von genomsequenzierten bakteriellen Isolaten aus der Maus zusammengestellt. Diese sogenannten Oligo-MM-Mixe wurden von verschiedenen Forschungsgruppen auf Funktionalität und Bestand hin getestet und werden aktuell in einem größeren Umfang hergestellt. In Zusammenhang mit dem DZIF ist die Arbeitsgruppe unter anderem auch an Genomsequenzierungsprojekten von multiresistenten Pathogenen beteiligt. Ein weiterer Fokus ist die Charakterisierung seltener und kürzlich erstmals beschriebener humanpathogener Bakterien anhand der Isolierung und Sammlung mehrerer Stämme der entsprechenden Art. Weiterhin ist die Arbeitsgruppe in die Digitalisierungsprozesse in der Mikrobiologie mit eingebunden. Hierbei werden sowohl große Mengen Daten bereits vorhandener Stämme digital aufbereitet und abgelegt als auch Protokolle und Prozesse für die Aufnahme neuer Stämme

entwickelt. Die Aktualisierung der Einträge in der hauseigenen Datenbank im Bereich Mikrobiologie (DORO) ist ebenfalls ein wesentlicher Bestandteil der Arbeit in diesem Kuratorium.

HIGHLIGHTS

Im Kuratorium Pathogene Bakterien wurden mehr als 400 Stämme aufgenommen und knapp 200 Stämme für den Katalog freigegeben. Das Kundeninteresse an diversen pathogenen Stämmen resultierte in mehreren Spezialaufträgen für Anzuchten, die in enger Verknüpfung mit der Abteilung **Services** der DSMZ durchgeführt wurden. Die Nachfrage aus der wissenschaftlichen Gemeinschaft nach den hier betreuten Spezies hat im Berichtszeitraum weiterhin zugenommen. Das angegliederte *DZIF Pathogen Repository* wurde unter anderem durch die Aufnahme einer großen Anzahl besonderer Krankenhausisolate der Gattungen *Delftia*, *Roseomonas*, *Elizabethkingia*, *Wohlfahrtiimonas* und *Streptococcus* erweitert. Außerdem wurden aus dem Bundeswehrkrankenhaus Berlin gut charakterisierte, multiresistente, klinische *Staphylococcus aureus* (MRSA) und *Escherichia coli* (3 MRGN) Isolate aufgenommen. Ebenfalls in den Berichtszeitraum fiel die Aufnahme einer umfangreichen Sammlung verschiedener Isolate aus der humanen Mikrobiomforschung. Die bereits etablierte Sammlung von Isolaten aus dem Gastrointestinaltrakt der Maus wurde im Jahr 2021 erweitert. Abgeschlossen werden konnte die in Zusammenarbeit mit Prof. Thomas Clavel (Universitätsklinikum RWTH Aachen) aufgebaute Sammlung von Darmisolaten aus dem Huhn. Die taxonomische Beschreibung von drei neuen Gattungen und vier neuen Spezies wurde im Mai 2021 erfolgreich publiziert. Gemeinsam mit der Arbeitsgruppe Actinomyceten und dem DZIF Pathogen Repository wurde eine Sammlung von ca. 7.000 klinisch relevanten Actinomyceten der ehemaligen Arbeitsgruppe Prof. Schaal, Universität Bonn, an die DSMZ überführt.



KLINISCHE PHAGEN & GESETZLICHE REGULATION

PHAGENGENOMIK & -ANWENDUNG

Deutsche Phagenbank an der DSMZ: Ergänzung und Alternative zu Antibiotika



Dr. Christine Rohde

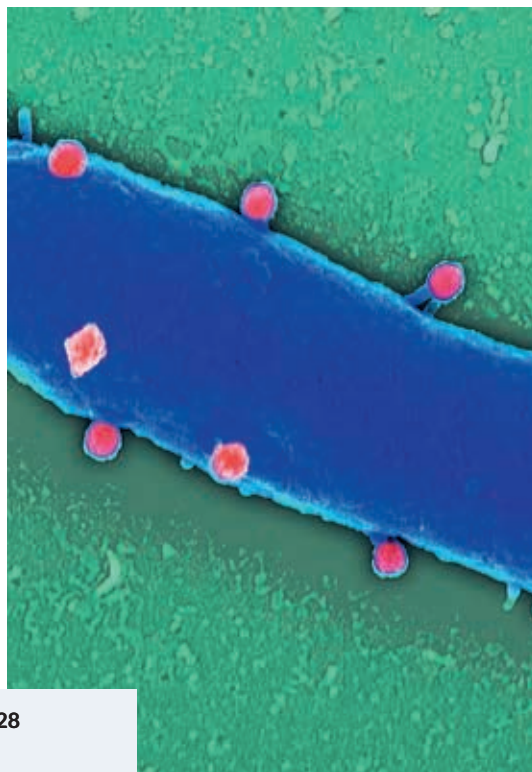


Dr. Johannes Wittmann

Vor dem Hintergrund weiterhin zunehmender lebensbedrohlicher und durch Antibiotika-resistente Bakterien hervorgerufener Infektionen wird dringend nach Alternativen zur Therapie in der Humanmedizin gesucht. Dies zeigt sich seit Jahren durch die hohe Zahl von Anfragen durch Erkrankte und ärztliches Fachpersonal. Um dem Multiresistenzproblem als einem der größten globalen Herausforderungen zu begegnen, erwähnt die WHO in ihrem letzten Report auch Phagen. Sie stehen daher im Fokus beider Arbeitsgruppen, die zwar eine Priorisierung von Phagen gegen die „ESKAPE“-Gruppe innerhalb der WHO-Liste der gefährlichsten Antibiotika-resistenten Bakterien verfolgen, aber das Anwendungsziel, neben der WHO-Liste, an den Bedarf bezüglich weiterer Bakterienspezies anpassen. Die drei öffentlich geförderten Projekte Phage4Cure, PhagoFlow und IDEAL-EC mit zukünftigem Anwendungsbezug in der Humanmedizin zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung von Phagen gegen die nosokomial bedeutsame ESKAPE-Gruppe ab. Die Phagensammlung der DSMZ ist in Deutschland und auch europaweit die einzige, die hinsichtlich bakterieller Spezies betont vielseitig aufgestellt ist und die Phagenbank auch für die allgemein wachsende, nicht unmittelbar klinische Forschung an Phagen erweitert. Der Phagenbestand betrug zum Jahresende 2021 rund 1.000 Phagen gegen etwa 150 bakterielle Spezies in 81 Gattungen. In beiden Kuratorien werden kontinuierlich neue Phagen für die Sammlungserweiterung isoliert und charakterisiert, um sie öffentlich nutzbar zu machen, Forschungsk Kooperationen anzustreben, die Datenlage zu bereichern und durch wachsende *in vitro*-Erfahrung das *in vivo*-Verhalten der Phagen in der Anwendung abzuschätzen.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Durch die gestiegene Anzahl neuer Forschungsprojekte und Kooperationen haben die beiden Arbeitsgruppen die Phagenbank durch eigene Initiativen gezielt erweitert. Aufgrund der humanmedizinischen Ausrichtung der Forschungsprojekte wurden zahlreiche Phagen, insbesondere gegen die ESKAPE-Gruppe, aber auch gegen andere opportunistisch pathogene Bakterien, neu isoliert und charakterisiert, wie beispielsweise gegen *Stenotrophomonas maltophilia* oder *Enterococcus faecium*. Durch die Aufnahme in die öffentliche Sammlung oder in die Phagenbanken der Forschungsprojekte entstanden substanzielle Datenmengen für die wissenschaftliche Beschreibung neuer Phagen. In der Arbeitsgruppe **Klinische Phagen und gesetzliche Regulation** stehen Phagen gegen klinische Patientenisolat von *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* und *Staphylococcus*





aureus für die laufenden klinischen Projekte und die Vorbereitung eines nationalen Zulassungsweges im Fokus. Die DSMZ ist am ersten Vorhaben einer deutschen klinischen Studie mit Phagen (Phage4Cure) beteiligt sowie an der Umsetzung der magistralen Phagenanwendung (PhagoFlow) und am DZIF-geförderten Projekt IDEAL-EC. Die Projektarbeiten tragen zur translationalen Phagenforschung und Realisierung von Phagentherapie in Deutschland bis hin zur behördlichen (BfArM) Arzneimittel-Zulassung von Phagen-Präparaten bei. Durch die sich in den letzten Jahren verändernden Methoden in der Taxonomie von Viren (*Genomics* und *Proteomics* statt morphologischer Analysen) und der allgemein gestiegenen Verfügbarkeit an Daten wurden in der Arbeitsgruppe **Phagengenomik und -anwendung** weiterhin verstärkt Analysen zur Vertiefung der viralen Taxonomie durchgeführt.

HIGHLIGHTS

Im Projekt Phage4Cure wurden alle präklinischen Versuche im *in vivo* Maus-Lungenmodell (Charité-Universitätsmedizin Berlin) und im zulassungsbezogen vorgeschriebenen Ratten-Inhalationsmodell (Fraunhofer ITEM Hannover) in 2021 erfolgreich und ohne nennenswerte Nebenwirkungen beendet. Die Herstellung der Phagen-IMPs (*investigational medicinal product*) verlief wunschgemäß, sodass die Vorbereitung der klinischen Phase I und die Rekrutierung von Probandenkohorten beginnt (Charité Research Organisation GmbH, Berlin). Das translationale präklinische Projekt IDEAL-EC wurde im Rahmen eines „Clinical Leave“-Stipendiums vom DZIF bewilligt und begann im April 2021. Darin befasst sich Frau Dr. med. Annika Y. Claßen (freigestellt vom Universitätsklinikum Köln)

in der Arbeitsgruppe **Phagen** mit der Identifizierung und Evaluierung eines Phagen-Cocktails gegen Extended-Spectrum-Beta-Lactamase (ESBL) *E. coli* für präklinische Studien. Der bei der DFG eingereichte Antrag zur Einrichtung eines Schwerpunktprogramms zur Erforschung verschiedener Aspekte von Phagenbiologie (SPP2330 - „New concepts in prokaryotic virus-host interaction“) wurde bewilligt, das Kickoff-Meeting fand im Oktober 2021 statt. Die Arbeitsgruppe **Phagen** wird dort als infrastrukturelles Z-Projekt die einzelnen Forschungsprojekte des Verbunds mit etablierten Technologien und Bioressourcen unterstützen. Zudem wird die DSMZ als Hinterlegungsstelle der im Schwerpunktprogramm isolierten Bioressourcen agieren und zusammen mit dem Aufbau einer Virus-gewidmeten Datenbank für die Nachhaltigkeit des Programms sorgen. In diesem Rahmen nicht-medizinischer Fragestellungen wurde begonnen, die Sammlung zielgerichtet an die Bedürfnisse der verschiedenen Forschungsgruppen des Schwerpunktprogramms angepasst zu erweitern, unter anderem verstärkt auch mit Phagen gegen anaerob zu kultivierende Organismen. In 2021 konnte die Arbeitsgruppe **Phagen** die „Basel-Collection“ von Dr. A. Harms (Biozentrum der Uni Basel), eine Sammlung von 65 taxonomisch diversen und detailliert charakterisierten Phagen gegen *Escherichia coli*, akquirieren und auch die Übernahme der ebenfalls bereits publizierten „Nahant“-Sammlung von Phagen gegen diverse *Vibrio*-Spezies initiieren. Der aus der ICTV-Tätigkeit im Vorjahr resultierende Vorschlag zur Schaffung einer neuen Virusfamilie „*Schitoviridae*“ wurde in 2021 erfolgreich ratifiziert. Pandemiebedingt war eine starke Nachfrage an RNA-Phagen der Sammlung zu beobachten, die für Forschungszwecke als Virus-Modelle für den SARS-CoV-v2-Erreger verwendet werden.



GESUNDHEITSRELEVANTE PILZE

PILZE & PILZSYSTEMATIK

Einzigartige Mykologie-Expertise in Deutschland und darüber hinaus



PD Dr. Christiane Baschien



Dr. Andrey Yurkov

Die Arbeitsgruppen **Gesundheitsrelevante Pilze** sowie **Pilze und Pilzsystematik** bilden an der DSMZ die Mykologie ab. Damit sind diese Kuratorien die einzigen in Deutschland, die über die taxonomische und technische Expertise verfügen, mit allen Gruppen kultivierbarer Pilze zu arbeiten.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Arbeitsgruppen beinhalten das Referenzlabor für Lebensmittel- und Innenraum-relevante Pilze, in dessen Rahmen die wissenschaftliche Beratung und die Qualitätskontrolle internationaler Ringversuche erfolgen. Somit sind beide Arbeitsgruppen wichtige Ansprechpartner für Behörden, wie zum Beispiel die Zentrale Kommission für Biologische Sicherheit. In den letzten Jahren ist die Pilzsammlung der DSMZ zur primären Hinterlegungsstelle für Pilze in Deutschland geworden. Durch Hinterlegung von Kulturen aus großen Studien deutscher Universitäten und Forschungsinstituten sowie durch die Übernahme von umfangreichen Pilzsammlungen wächst die Sammlung. Die Arbeitsgruppen sind unter anderem maßgeblich an der Entwicklung von Tools für eine effektive Strukturierung von Arbeitsprozessen im Rahmen der Digitalisierung der DSMZ beteiligt. Die wissenschaftliche Relevanz der Arbeitsgruppen zeigt sich auch in der Funktion beider Kuratoren als Editoren in mykologischen und mikrobiologischen Zeitschriften (beispielsweise *Current Microbiology*, *Frontiers in Microbiology*, *Fungal Diversity*, *Fungal Ecology*, *mdpi Diversity*, *PLoS One* und *Studies in Mycology*) sowie der aktiven Mitgliedschaft in internationalen Kommissionen (WFCC, IMA, ICY und ICTF, ISO) und der akademischen Lehrtätigkeit an der TU Braunschweig.

HIGHLIGHTS

Im Berichtszeitraum setzte sich die Zunahme der Hinterlegungen von Pilzstämmen weiter fort. Dabei handelte es sich um umfangreiche Hinterlegungen aus übernommenen Pilzsammlungen sowie umfassenden Forschungsprojekten (Ludwig-Maximilians-Universität München, Universität Tübingen, Universität Frankfurt, German Barcoding of Life, Senckenberg Museum, Bundesanstalt für Materialforschung und -prüfung, Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung und TU Braunschweig). Durch die Kooperation in Forschungsprojekten zur Mykodiversität und Ökosystemfunktion unterschiedlichster Habitate wie Fließgewässer (Umweltbundesamt, Nationalpark Bayerischer Wald und Uni Landau), Baumlöcher, Troposphäre und Innenräume (Referenzlabor) sowie Nektar werden jährlich mehr als 800 Pilzstämmen aufgenommen. Zu den Highlights der Forschung gehörten der Projektstart des umfangreichen Projektvorhabens zur Phylogenomik und Sicherung historischer Sammlungen aquatischer Pilze im DFG Schwerpunktprogramm Taxon-Omics (SPP 1991), das von zwei Promovierenden bearbeitet wird, sowie die Fortführung der drittmittelfinanzierten Projekte „Aquatische Pilze in der Risikobewertung von Pestiziden“ mit Promovierenden am Umweltbundesamt und an der Universität Landau. Hier konnte unter anderem gezeigt werden, dass der Laubabbau in Fließgewässern durch Pestizideinsatz nicht beeinflusst wird, sich aber die Diversität der Pilze durch mikrobielle Interaktionen signifikant verändert. In einer Kooperation zwischen der TU Braunschweig und dem Institut für Bienenschutz am Julius Kühn-Institut wird der Einfluss von Pflanzenschutzmitteln auf mikrobielle Nektargemeinschaften, auf das Bienenmikrobiom und dadurch auch auf die Fitness und Effektivität eines Bienenvolkes untersucht. Außerdem wird in einer seit 2020 bestehenden Kooperation mit der LMU über Innenraum- und lebensmittelrelevante Pilze die Evolution der Gendcluster für die Mykotoxinbildung in *Stachybotrys*-Stämmen untersucht.



Boekhout T., Aime M.C., Begerow D., Gabaldón T., Heitman J., Kemler M., Khayhan K., Lachance M.A., Louis E.J., Sun S., Vu D., **Yurkov A.** (2021) The evolving species concepts used for yeasts: from phenotypes and genomes to speciation networks. *Fungal Diversity* 109:27-55.

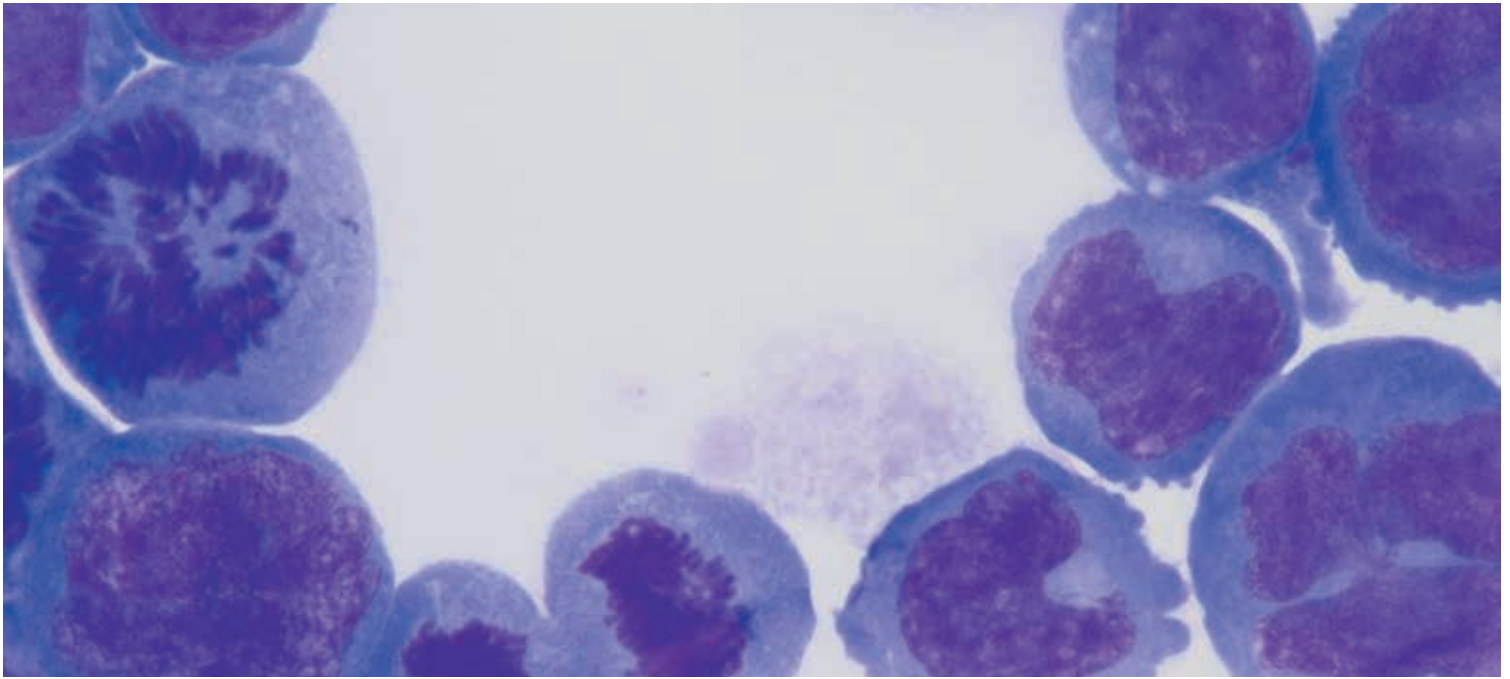
Lücking R., Aime M.C., Robbertse B., Miller A.N., Aoki T., Ariyawansa H.A., Cardinali G., Crous P.W., Druzhinina I.S., Geiser D.M., Hawksworth D.L., Hyde K.D., Irinyi L., Jeewon R., Johnston P.R., Kirk P.M., Malosso E., May T.W., Meyer W., Nilsson H.R., Öpik M., Robert V., Stadler M., Thines M., Vu D., **Yurkov A.M.**, Zhang N., Schoch C.L. (2021) Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. *Nature Microbiology* 6:540-548.

Handayani I., Saad H., Ratnakomala S., Lisdiyanti P., Kusharyoto W., Krause J., Wohleben W., Kulik A., Aziz S., Gross H., Gavrilidou A., Ziemert N., **Mast Y.** (2021) Mining Indonesian microbial biodiversity for novel natural compounds by a combinatory genome mining and molecular networking approach. *Mar Drugs*. 19:316.

Cortés-Albayay C., Sangal V., Klenk H-P., **Nouioui I.** (2021) Comparative Genomic Study of Vinyl Chloride Cluster and Description of Novel Species, *Mycolicibacterium vinylchloridicum* sp. nov. *Frontiers in Microbiology* 12.

Wienhold S.-M., Brack M.C., Nouailles G., Krishnamoorthy G., **Korf I.H.E.**, Seitz C., Wienecke S., Dietert K., Gurtner C., Kershaw O., Gruber A.D., Ross A., Ziehr H., Rohde M., Neudecker J., Lienau J., Suttorp N., Hippenstiel S., Hocke A.C., **Rohde C.**, Witzent-rath M. (2021) Preclinical Assessment of Bacteriophage Therapy against Experimental *Acinetobacter baumannii* Lung Infection. *Viruses* 2022, 14, 33.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SAMMLUNGSABTEILUNG MENSCHLICHE UND TIERISCHE ZELLKULTUREN

Zelllinien für die weltweite Forschung

Zellkulturen und Zelllinien sind unschätzbare Werkzeuge in der lebenswissenschaftlichen und medizinischen Forschung, denn sie liefern Material in unlimitierter Menge und können für Experimente verwendet werden. Bioressourcen müssen für die Forschung geeignet und gut charakterisiert sein, um als verlässliche Modellsysteme dienen zu können, die reproduzierbare Ergebnisse liefern. Die Abteilung stellt sich den Anforderungen der Charakterisierung, Anwendung und Sammlung von Zelllinien mit hoher Motivation und Qualität und leistet so einen nicht zu unterschätzenden Beitrag zur Ressourcenversorgung in der biomedizinischen Forschung.

Prof. Dr. Laura Steenpaß





Derzeit sind 883 Zelllinien, davon ungefähr drei Viertel humanen Ursprungs, im Katalog der Abteilung gelistet und jedes Jahr kommen etwa 20 Linien neu hinzu. Der überwiegende Teil der humanen Zellkulturen wurde aus verschiedensten Tumoren von Patienten etabliert und bildet ein breites Spektrum von Tumorentitäten ab. Krebserkrankungen sind die zweithäufigste Todesursache weltweit, so dass die Krebsforschung von hoher gesellschaftlicher Bedeutung ist. Das molekulare Verständnis dieser heterogenen Gruppe von Erkrankungen kann mit gut charakterisierten zellulären Modellsystemen verbessert werden und somit zur Optimierung der Diagnostik sowie neuer gezielterer Therapieansätze beitragen. Ebenso werden Zellkulturen standardmäßig in der Qualitätskontrolle von Arzneimitteln eingesetzt. Auch hierfür ist eine kontrollierte Qualität der Kulturen unerlässlich. Ergänzt wird die Sammlungsaufgabe durch die Nutzung von Modellsystemen für Tumorerkrankungen des Menschen in der Forschung, hier mit besonderem Fokus auf Leukämien und Lymphomen. Durch ihre Vielseitigkeit sind Zellkulturen jetzt und in Zukunft essentieller Bestandteil der biomedizinischen Forschung und die Abteilung wird ihre wichtige Rolle in der Ressourcenversorgung und Forschung weiterhin behaupten und ausbauen.

Auch 2021 beeinflusste die Corona-Pandemie noch den internationalen Warenverkehr und die Forschungsaktivitäten weltweit. Dennoch konnte die Abteilung ihre Versandzahlen stabil halten und im Vergleich zu 2020 sogar etwas steigern. Neu in die öffentliche Sammlung aufgenommen wurden im Jahr 2021 insgesamt 23 Zelllinien.

Das Projekt zur Digitalisierung von Schriftstücken ist weitestgehend abgeschlossen. Die Repräsentation der Sequenzdaten des LL-100-Projektes

über ein Webportal hat sich inzwischen so weiterentwickelt, dass eine Website entwickelt wird, die die bestehenden und zukünftigen Sequenzdaten der Abteilung insgesamt zugänglich und durchsuchbar machen wird. Außerdem wird hier auch die Datenbank zur Online-STR-Suche angeschlossen werden. Diese Plattform könnte dann auch um weitere Datensätze erweitert werden und stellt somit ein wichtiges Tool für die Darstellung der Zelllinien der Abteilung dar. Die Etablierung eines *Certificate of Analysis* (CoA) ist intern abgeschlossen.

Um die Verwendung von Hochdurchsatz-Daten in Forschung und Sammlung auszubauen, ist die enge Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten**, Abteilung **Bioinformatik und Datenbanken**, unersetzlich. Die enge Verzahnung der Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten** mit der Abteilung **Menschliche und Tierische Zellkulturen** fand in verschiedenen Projekten Ausdruck, insbesondere durch die Analysen von RNA-Sequenzierungsdaten für die Arbeitsgruppen **Tumorbiologie**, **Molekulare Genetik**, **Zellbiologie** und **Tumordiversität**. Darüber hinaus besteht eine Kooperation der Arbeitsgruppen **Bioinformatik der Eukaryonten** und **Virusdiagnostik** mit der Abteilung Vakzinologie und angewandte Mikrobiologie am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung, um mit der Suche nach geeigneten Zelllinien für die SARS-CoV-2 Forschung einen Beitrag zur Beherrschung der Corona-Pandemie zu leisten.



GENOTYPISIERUNG

*Wichtige Maßnahme gegen nicht reproduzierbare Daten:
Identitätsprüfungen!*



Dr. Wilhelm Dirks

Die Reproduzierbarkeit wissenschaftlicher Ergebnisse ist die Grundlage der Zuverlässigkeit und der Glaubwürdigkeit in der Forschung. Um die weltweite Nutzung von authentischen Modellsystemen zu fördern, werden von der Arbeitsgruppe die Analysetechniken für humane *short tandem repeat* (STR) Genotypisierung sowie animales *Cytochrome Oxidase I DNA-Barcoding* für menschliche und tierische Zellkulturen ständig weiterentwickelt. Die Kopplung der STR- und COI-Datenbanken an eine kostenfreie und web-basierte STR-Suchmaschine erlaubt der internationalen Wissenschaftsgemeinschaft und Industrie eine kostenfreie Echtheitsprüfung von eingesetzten Biomaterialien.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Aufarbeitung hochreiner genomischer DNA für die interne Routine und für den Service von externen Proben wurde durch die Anschaffung eines QIACube-Roboters voll automatisiert. Die STR-Analytik wurde von 8 auf 17 STR-Orte erweitert und die Detektion von Nagerzellen integriert. Die Proben werden nun in einer PCR mit sechs Fluoreszenzmarkern amplifiziert und auf einer erneuerten Kapillarelektrophorese ausgewertet. Unter dem Vorsitz eines internationalen Expertengremiums des *Standards Development Organization* (SDO) wurde die Revision des Standards ASN-0002-2010 dem *American National Standards Institute* (ANSI) vorgelegt. Diese wurde zum Jahresende 2021 positiv beschieden. Der Standard regelt die globale Verwendung der genomischen Orte für die STR-Genotypisierung, die als Teil einer ISO-Zertifizierung für öffentliche Biorepositorien geplant ist. In den weltweit bedeutenden Zellbanken ATCC (USA),

CBA (AUS), DSMZ, JCRB (JPN), ECACC (GBR), KCLB (KOR) und RIKEN (JPN) wurde der Standard bereits vorab erfolgreich implementiert.

Certificates of Analysis (CoA) enthalten die Ergebnisse der Sterilitäts- und Identitätsprüfung sowie der Tests auf Mycoplasmen, die im Rahmen der Qualitätskontrolle bei der Wiederauffüllung einer Zellliniencharge durchgeführt werden. Aufgrund der steigenden Anfragen von CoAs durch QM-Systeme von Instituten oder Firmen, wurde in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Virusdiagnostik** eine automatische Abfrage generiert, die entsprechende CoA-Daten aus verschiedenen Datenbanken zusammenstellt. Diese Zwischenlösung federt die steigende Belastung der Arbeitsgruppe ab, so wurden 2021 über 200 CoAs erstellt und versendet.

HIGHLIGHTS

Mit den zunehmenden Möglichkeiten der *Next-Generation-Sequencing*-Technik kann die Mikroheterogenität innerhalb von Zelllinienpopulationen analysiert werden. Aufgrund des Detektionslimits ist dies mit den derzeitigen Authentifizierungsnachweisen nicht möglich. Im Rahmen von zwei mit Studierenden der TU Braunschweig durchgeführten Forschungspraktika wurde die DNA-Einzelzellanalyse etabliert. So konnte das ~6 pg schwere Einzelgenom einer diploiden humanen bzw. murinen Zelle 106-fach amplifiziert werden. Die anschließende Analyse mit Hilfe der STR-Typisierung beziehungsweise Speziesverifizierung durch COI-Barcoding zeigte eine fehlerfreie Authentifizierung und fehlerfreie DNA-Sequenzen des murinen COI-Gens.



Dr. Stefan Nagel

Krebserkrankungen stellen eines der größten Gesundheitsprobleme unserer Bevölkerung dar. Zur Entwicklung neuer Therapien bedarf es eines grundlegenden Verständnisses der molekularen Ursachen der Tumorentstehung. Zelllinien stellen Tumormodelle dar, mit denen viele Fragestellungen zu Genveränderungen, Wachstumsverhalten oder Differenzierung bearbeitet werden können. Sie tragen chromosomale Veränderungen und Genmutationen, die vom Tumor des Patienten stammen und so ein genetisches Abbild der malignen Situation zeigen. Die Verfügbarkeit von vielen verschiedenen und qualitativ gut charakterisierten Zelllinien ist daher wichtig für die Erforschung der Tumorgenese. Homeobox-Gene kodieren Transkriptionsfaktoren, die fundamentale Prozesse in Entwicklung und Differenzierung steuern. Fehlgeleitete Differenzierung stellt eine grundlegende Eigenschaft von Tumoren dar, die durch veränderte Aktivitäten von Homeobox-Genen ausgelöst werden kann. Somit trägt die Erforschung der Expression von Homeobox-Genen in normalen und abnormalen Zellen zum Verständnis von Differenzierungsvorgängen und der Tumorentstehung bei und leistet so einen wichtigen Beitrag zur Krebsforschung.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Im Bereich der Sammlung führt die Arbeitsgruppe den Nachweis über tumorspezifische Aberrationen und Mutationen in Zelllinien. Bei diesen Veränderungen handelt es sich zum Beispiel um Fusionsgene, die durch chromosomale Umlagerungen entstanden sind. Diese Onkogene haben eine große funktionelle Bedeutung für den Tumor und kommen nur in bestimmten Subtypen

vor. Sie sind für die Diagnose klinisch bedeutsam und dienen bei Zelllinien der Authentifizierung. Der Nachweis erfolgt mittels der PCR-Technologie und muss für jede Mutation etabliert werden. Die Darstellung und Bewertung von Zelllinien einer Tumorgruppe soll Forschenden geeignete Modelle aufzeigen, die für ihre Arbeit hilfreich sein können. Die meisten Tumortypen haben bestimmte chromosomale Aberrationen und mutierte oder deregulierte Gene, die für sie besonders relevant sind. In der Forschung werden die Subgruppen der NKL- und TALE-Homeobox-Gene in Leukämie- und Lymphom-Zelllinien untersucht. Die Arbeitsgruppe hat die Bedeutung dieser Gengruppen in hämatopoetischen Tumoren entdeckt und untersucht Mechanismen der Deregulation sowie die Funktion einzelner Gene. Durch die grundlegende Analyse der Aktivitäten von Homeobox-Genen in der normalen Hämatopoese hat die Arbeitsgruppe kürzlich die Begriffe der NKL- und TALE-Codes geprägt. Diese Codes umfassen 11 NKL und 12 TALE Homeobox-Gene, die jeweils in einem spezifischen Muster in Stammzellen, Vorläuferzellen und reifen Immunzellen exprimiert sind. Sie dienen der Unterscheidung von physiologischen und aberranten Aktivitäten dieser Homeobox-Gengruppen und haben somit diagnostisches Potential.

HIGHLIGHTS

Die Definitionen der NKL- und TALE-Codes legen die Basis für neue zusätzliche molekulare Diagnosemöglichkeiten von hämatopoetischen Tumoren. Weiterhin leisten diese Gen-Codes einen erheblichen Beitrag zum Verständnis der normalen und abnormalen Hämatopoese.



Dr. Sonja Eberth

Tumore haben typischerweise krankhafte (aberrante) Genexpressionsmuster, die charakteristisch für die jeweilige Krebserkrankung sind. Diese Muster spiegeln sich auch in entsprechenden Tumorzelllinien wider, weshalb sie hervorragende Modelle für mechanistische Untersuchungen darstellen. Die Analyse der veränderten Expression und Regulation von Transkriptionsfaktoren und microRNAs in Tumorzelllinien trägt dazu bei, die Pathologie der Tumore besser zu verstehen, neue Biomarker zu identifizieren sowie neue potentielle Targets für die (personalisierte) Krebstherapie zu finden.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Im Bereich der sammlungsbezogenen Arbeit kümmert sich die Arbeitsgruppenleitung um die Akquise neuer Zelllinien für die offene Sammlung. Hierbei gilt es auch, gezielt neuartige Zelllinienmodelle zu identifizieren, die das Spektrum der Sammlung inhaltlich erweitern. In diesem Zusammenhang wird derzeit eine neue Kooperation mit der Cancer Cell Line Factory (CCLF) vom Broad Institut (USA) aufgebaut. Am CCLF wurden kürzlich sogenannte „*next-generation cancer models*“ etabliert, welche idealerweise in den Katalog der Abteilung aufgenommen werden sollen. Diese neuen Modelle repräsentieren insbesondere auch seltene Tumorentitäten. Weiterhin werden in der Arbeitsgruppe Alternativen zum fetalen Rinderserum im Kulturmedium erprobt. Hierbei geht es, neben einer Verbesserung der Reproduzierbarkeit von Zellkulturbedingungen, auch um die Reduktion von Tierversuchen und Tierleid in der Forschung, im Sinne der 3R-Prinzipien (*Replace, Reduce, Refine*).

In ihren Forschungsprojekten beschäftigt sich die Arbeitsgruppe mit der Bedeutung transkriptioneller Deregulation in der Pathogenese von hämatologischen Neoplasien, insbesondere der

von B-Zell Lymphomen. In Tumorzellen kommt es grundsätzlich aufgrund verschiedener genetischer und epigenetischer Veränderungen zur Deregulation Protein-kodierender sowie nicht-Protein-kodierender Gene, deren aberrante Aktivitäten gleichermaßen zur Tumorgenese beitragen können. Die Arbeitsgruppe untersucht Mechanismen, die zur Deregulation von Transkriptionsfaktoren und kleinen nicht-Protein-kodierenden RNAs, wie microRNAs, führen. MicroRNAs spielen eine essentielle Rolle auf der Ebene der post-transkriptionellen Genregulation und haben jeweils eine Vielzahl von Targets. Sie sind damit, ebenso wie Transkriptionsfaktoren, Multiplikatoren, die das transkriptionelle Netzwerk einer Zelle pathologisch beeinflussen können.

HIGHLIGHTS

Es konnten erste Tumorzelllinien aus den Gruppen der Leukämien und Mammakarzinome (z.B. MOLM-13 und MDA-MB-231) erfolgreich an chemisch definierte Medien adaptiert werden. Transkriptomanalysen sollen jetzt zeigen ob beziehungsweise inwieweit spezifische molekulare Charakteristika und Biomarker der Zelllinien durch den Ersatz des Rinderserums im Medium beeinflusst wurden. Die Arbeitsgruppe hat die globalen microRNA-Expressionsprofile (*miRNome*) und Transkriptionsfaktoraktivitäten in 100 Leukämie- und Lymphom-Zelllinien (LL-100) umfassend charakterisiert. Hierbei wird derzeit gemeinsam mit der Arbeitsgruppe **Virusdiagnostik** ein besonderes Augenmerk auf die von tumor-assoziierten Viren kodierten microRNAs gelegt. Solche wurden beispielsweise in Epstein-Barr-Virus-positiven Tumorzelllinien gefunden und gehören zu den am stärksten exprimierten microRNAs in diesen Zellen.



Dr. Hilmar Quentmeier

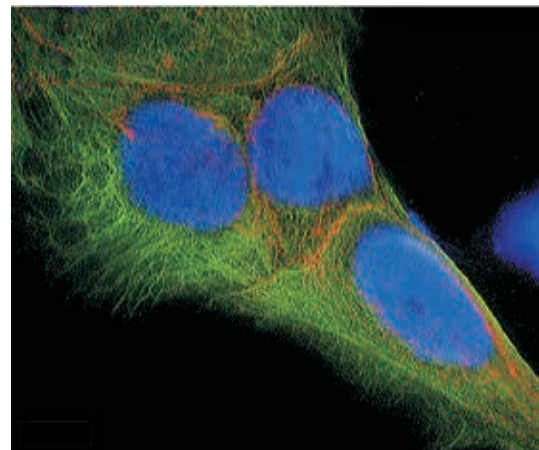
Die Arbeitsgruppe forscht im Bereich der „personalisierten Medizin“, die das Ziel hat, Erkrankten eine individuelle Therapie zu ermöglichen. Bei Krebserkrankungen bedeutet das Prinzip dieser zielgerichteten Behandlung, dass das verwendete Medikament die tumorfördernde Aktivität eines in den malignen Zellen des Patienten exprimierten und mutierten Gens hemmen soll.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Im Sammlungsbereich betreut die Arbeitsgruppe alle bei der DSMZ hinterlegten Patentzelllinien. Lebens- und Wachstumsfähigkeit der Zelllinien werden sofort nach der Ankunft und danach in regelmäßigen Abständen überprüft. Auch die Betreuung der Sicherheitshinterlegungen (Zweitlager) für Hinterlegende aus Forschung und Wirtschaft ist Aufgabe der Arbeitsgruppe. Im Rahmen der Qualitäts- und Identitätsüberprüfung der Zelllinien des DSMZ-Katalogs werden alle humanen Zelllinien einer Immunphäotypisierung unterworfen. Mit dieser Methode können histologischer Ursprung sowie Entwicklungsstufe der Zellen überprüft werden. In der Forschung werden Zelllinien als Modellsysteme für Tumorzellen verwendet und dienen dazu, die Folgen von Mutationen für die Funktion der betroffenen Zellen aufzuklären. Ferner dienen Zelllinien als Testsysteme für die Wirksamkeit neu entwickelter Medikamente. Die in Kooperation mit dieser Arbeitsgruppe charakterisierten Leukämie- und Lymphom-Zelllinien (LL-100 Panel) stellen ein bisher einzigartiges Portfolio für die forschende Pharmaindustrie dar. Für alle 100 Zelllinien stellt die DSMZ *Whole Exome*- und RNA-Sequenzdaten zur freien Verfügung. Damit wird das Panel die Basis für eine Vielzahl von Studien auf dem Feld der Tumorforschung bieten.

HIGHLIGHTS

Der Fokus unserer aktuellen Forschung liegt darauf, die Konsequenzen der Überexpression antiapoptotischer BCL2-Familienmitglieder in Zelllinien eines T-Zell Lymphoms (ALCL, *Anaplastic Large Cell Lymphoma*) und eines seltenen, hoch malignen B-Zell Lymphoms (PEL, *Primary Effusion Lymphoma*) zu untersuchen. Die Wirksamkeit neuer, die Funktion dieser Onkogene inhibierender Substanzen (sogenannte *BH3-Mimetics*) auf Viabilität und Wachstum der Zelllinien wurde getestet. Mit dieser Studie wurde belegt, dass Zelllinien geeignete Modellsysteme sind, um die Wirksamkeit von *BH3-Mimetics* zu überprüfen. Klinische Studien müssen zeigen, ob der Einsatz dieser Substanzen eine Strategie für die Therapie von Patienten mit ALCL und PEL sein könnte.





VIRUSDIAGNOSTIK

*Bakterielle und virale Kontaminationen:
Infektionen von Zellkulturen*



Dr. Cord Uphoff

Kontaminationen, bakteriell oder viral, verändern den Zellstoffwechsel und beeinflussen somit die Ergebnisse, die in einem Zellkulturmodell gewonnen werden. Der Nachweis von Kontaminationen - beziehungsweise deren Nichtvorhandensein - ist daher zentral für die Qualitätskontrolle einer Zellbank. Infektionen der Zellen mit humanpathogenen Viren stellen unter Umständen ein Sicherheitsrisiko dar und deren Bestimmung ist für die Sicherheitseinstufung von Zelllinien relevant.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Sammlungsbezogen wird die Bestimmung der bakteriellen und viralen Kontaminationen als Serviceleistung von der Arbeitsgruppe angeboten und von vielen Forschungsinstituten sowie der pharmazeutischen Industrie nachgefragt. Von besonderem Interesse sind Kontaminationen mit Mycoplasmen und anderen langsam wachsenden Bakterien, die in Zellkulturen nur mit speziellen Methoden detektiert werden können. Des Weiteren ist die Bestimmung von Infektionen mit humanpathogenen Viren und deren Produktion für die Sicherheitseinstufung der Zellen von Bedeutung. Die zugehörigen diagnostischen Verfahren werden in diesem Umfang international bisher nur von dieser Arbeitsgruppe angeboten. Die Sicherheitseinstufung ist integraler Bestandteil der vom Bundesministerium für Arbeit und Soziales und der Berufsgenossenschaft Rohstoffe und chemische Industrie (BG-RCI) veröffentlichten Liste von Zelllinien. Damit können Anwendende und Überwachungsbehörden die vorgesehenen Tätigkeiten korrekt einstufen und Maßnahmen der Arbeitssicherheit festlegen. Die Risikobewertung von Zelllinien findet in kontinuierlicher Kooperation mit den Ausschüssen und Arbeitskreisen der Berufsgenossenschaft Rohstoffe und

chemische Industrie (BG-RCI), der Deutschen Gesellschaft für Unfallverhütung (DGUV) und dem Bundesministerium für Arbeit und Soziales (BMAS) statt. Im Berichtszeitraum wurde eine Aktualisierung der Zelllinienlisten des Merkblatts Zellkulturen der BG-RCI und der TRBA 468 mit mehr als viertausend Einstufungen unter maßgeblicher Beteiligung der Arbeitsgruppe erstellt und abschließend beraten.

Mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung können virale Nukleotidsequenzen in Zellkulturen bestimmt werden. Virusinfektionen werden bei einigen Tumorarten als initialer Schritt für deren Entwicklung angesehen. In Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen **Tumorbiologie** und **Bioinformatik der Eukaryonten** wurde die Auswirkung von Infektionen mit Herpesviren auf die Wirtszellen untersucht. Im Verlauf der SARS-CoV-2-Pandemie wurden in Kooperation mit der Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten** und der Abteilung Vakzinologie und angewandte Mikrobiologie des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung die Untersuchungen zur Permissivität humaner Zelllinien für SARS-CoV-2 mit einer Publikation abgeschlossen.

HIGHLIGHTS

Transkriptomanalysen mit Sequenzierdaten der „Cancer Cell Line Encyclopedia“ des Broad-Instituts ergaben Hinweise auf eine Infektion der humane Brustkrebszelllinie SK-BR-3 (ACC 736) mit dem bovinen Polyomavirus. In Untersuchungen zur Verbreitung der Viren in Zelllinien konnte eine verbreitete Verunreinigung der zur Kultivierung der Zellkulturen essenziellen Rinderseren nachgewiesen werden. Eine Übertragung der Rinder-viren auf humane Zellkulturen und insbesondere eine Vermehrung der Viren in den Zellen konnte jedoch nicht bestätigt werden.



Prof. Dr. Laura Steenpaß

Unter der Arbeitsgruppe Zellbiologie finden sich zwei Bereiche, der Forschungs- und Sammlungsbereich Stammzellen sowie der Customer Service der Abteilung Menschliche und Tierische Zellkulturen.

CUSTOMER SERVICE

Die Bereitstellung von permanent wachsenden Zelllinien, vorwiegend aus menschlichem Tumorgewebe, aber auch zu circa 15% aus tierischen Zellen, erfolgt durch alle Arbeitsgruppen der Abteilung gemeinsam. Dies umfasst Auffüllen, Vorhalten und Charakterisierung der *Distribution Stocks* und die Serviceleistungen wie der Authentifizierung durch STR-Fingerprinting, verschiedene Analysen für humanpathogene Viren und Mycoplasmen sowie das umfangreiche Beratungsangebot. Die Beratung umfasst unter anderem Fragen zur Kultivierung, Medienzusammensetzungen, Etablierung von Mycoplasmentests und deren Analyse. Der Austritt Großbritanniens aus der EU, verstärkte und geänderten Anforderungen der US-Behörden und der globale Anstieg an Warensendungen stellten im Jahr 2021 besondere Herausforderungen dar, welche mit einer erhöhten Zahl an zu spät zugestellten Sendungen einherging. Eine verspätete Zustellung von Trockeneisendungen führt zum Verlust der Ware, da die Zellkulturen dann aufgetaut und unbrauchbar beim Kunden eintreffen.

STAMMZELLEN ZUR MODELLIERUNG VON GENETISCHEN ERKRANKUNGEN

Pluripotente Stammzellen repräsentieren Zellen aus der frühen Embryonalentwicklung des Menschen, die sich noch in alle Zellen des Körpers differenzieren können. Dieses Potential besitzen Stammzellen auch in der Zellkultur. Durch

die Verwendung von gezielten Differenzierungsprotokollen können somit Zellen von fast allen menschlichen Organen in der Kulturschale erzeugt werden. Dies erlaubt die Verfolgung von Vorgängen während der Differenzierung und an den Zielzellen. Damit wurde es möglich, komplexe Erkrankungen des Menschen zu erforschen, deren Zielgewebe wie beispielsweise Nervenzellen des Gehirns oder des Auges, bisher nicht zugänglich waren. Zusammen mit der CRISPR/Cas9-Genomeditierung, die gezielte Veränderungen in der DNA von Zellen erlaubt, sind Stammzellen eine essentielle Ressource in der Entwicklung von Modellen für menschliche Erkrankungen geworden.

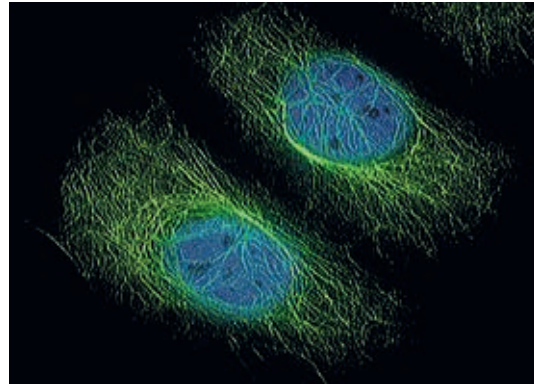
TÄTIGKEITSBEREICHE

Es ist ein Ziel dieser Arbeitsgruppe, induzierte pluripotente Stammzellen (iPSCs) des Menschen und differenzierte Derivate in die Sammlung einzubringen und diese als Ressource aufzubauen. Die Diskussion darüber, wie diese iPSC-Ressourcen beschaffen sein sollen, läuft derzeit noch. Die Etablierung der Kulturbedingungen und Qualitätskontrollen sowie die Schulung von Beschäftigten der Abteilung im Umgang mit Stammzellen sind bereits erfolgt, sodass die entsprechenden Techniken für Forschungsarbeiten zur Verfügung stehen. Im vergangenen Jahr wurden Fibroblasten einer gesunden Kontrollperson zu iPSCs reprogrammiert, um diese für ein Projekt zur Etablierung von DNA-Methylierung am Prader-Willi-/Angelman-Syndrom-Lokus nutzen zu können. Die Charakterisierung der erhaltenen iPSCs ist unterwegs und kann demnächst abgeschlossen werden.

Auch in der Forschung liegt der Schwerpunkt auf der Verwendung von humanen pluripotenten Stammzellen für die Modellierung von Erkrankungen. Im Fokus standen in den letzten Jahren Imprinting-Erkrankungen (Angelman-Syndrom) und das Retinoblastom, ein Augentumor



bei Kindern unter fünf Jahren. Aufbauend auf den Vorarbeiten sollen hierzu Forschungsprojekte in der Abteilung aufgelegt werden. Für das Retinoblastom wurde in den vergangenen Jahren in Essen ein Stammzellmodell etabliert, das die Differenzierung in neurale Retina in 3D-Organoiden umfasst. Dieses Modell soll nun in der Arbeitsgruppe aufgebaut werden. Dazu muss allerdings erst eine Genomeditierung in iPSCs erfolgen, womit bereits begonnen wurde. Zudem wurde das DFG-Projekt zur Etablierung von DNA-Methylierung am Prader-Willi-/Angelman-Syndrom-Lokus gestartet. Hier steht zunächst die Herstellung einer CRISPR/Cas9-editierten Zelllinie im Vordergrund, die im weiteren Verlauf zur Untersuchung von RNA-Expression und DNA-Methylierung genutzt werden wird.



HIGHLIGHTS

Mit Unterstützung durch die Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten** wurden Transkriptomdaten zum Stammzellmodell des Retinoblastoms und von genomeditierten Zelllinien des Aderhautmelanoms analysiert und aufbereitet. Diese Daten werden als Basis für die Konzeption weiterer Projekte dienen. Zudem konnte mittels der long-read PacBio-Sequenzierung die Phase von zwei unabhängigen Edits im *BAP1*-Gen bestimmt werden. Die erste erfolgreiche Reprogrammierung von Fibroblasten zu iPSC-Zellen in der Abteilung stellt ein besonderes Highlight dar, denn es legt die Basis für die weitere Arbeit mit iPSCs oder daraus abgeleiteten Derivaten in der AG und der Abteilung.



Dirks W.G., Capes-Davis A., **Eberth S., Fährnrich S.,** Wilting J., **Nagel S., Steenpass L.,** Becker J. (2021) Cross contamination meets misclassification: Awakening of CHP-100 from sleeping beauty sleep-A reviewed model for Ewing's sarcoma. *Int J Cancer*. 2021. doi: 10.1002/ijc.33474.

Nagel S., Pommerenke C., Meyer C., MacLeod R.A.F., Drexler H.G. (2021) Establishment of the TALE-code reveals aberrantly activated homeobox gene PBX1 in Hodgkin lymphoma. *PLoS One*. 2021;16(2):e0246603.

Pommerenke C., Rand U., **Uphoff C.C., Nagel S., Zaborski M., Hauer V., Kaufmann M., Meyer C., Denkmann S.A.,** Riese P., Eschke K., Kim Y., Safranko Z.M., Kuroit I.C., Markotic A., Cicin-Sain L., **Steenpass L.** (2021) Identification of cell lines CL-14, CL-40 and CAL-51 as suitable models for SARS-CoV-2 infection studies. *PLoS One*. 2021;16(8):e0255622.

Nagel S., Pommerenke C., Meyer C., MacLeod R.A.F. (2021) NKL Homeobox Genes NKX2-3 and NKX2-4 Deregulate Megakaryocytic-Erythroid Cell Differentiation in AML. *Int J Mol Sci*. 2021;22(21):11434.

Quentmeier H., Pommerenke C., Drexler H.G. (2021) Molecular Genetics of Pre-B Acute Lymphoblastic Leukemia Sister Cell Lines during Disease Progression. *Curr Issues Mol Biol*. 2021;43(3):2147-2156. doi: 10.3390/cimb43030149.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SAMMLUNGSABTEILUNG PFLANZENVIREN

Die Abteilung Pflanzenviren fördert die Pflanzengesundheit durch die Unterstützung der Produktion gesunder Pflanzen, der Gewährleistung des Austauschs von Zuchtmaterial über Grenzen und Kontinente hinweg sowie die Bereitstellung von Expertenwissen zur Entwicklung von Bekämpfungsstrategien.

Dr. Stephan Winter





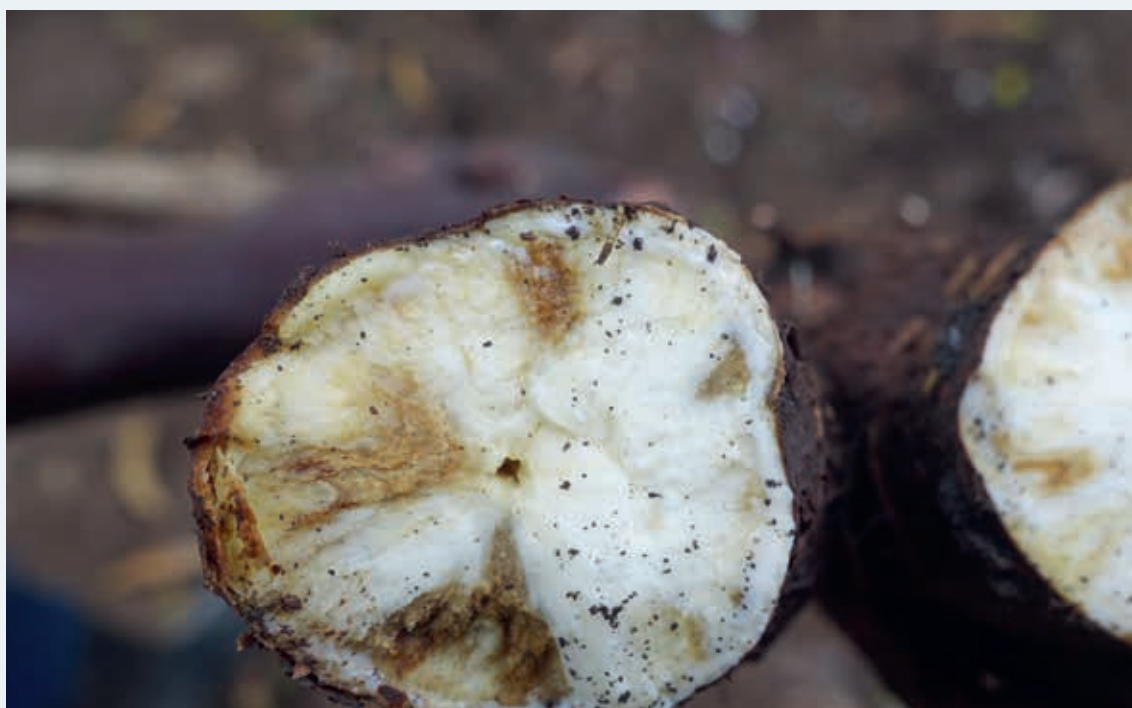
Basierend auf ihrer herausragenden Virussammlung und fachlichen sowie methodischen Kompetenz ist die Abteilung weltweit anerkannt und in entscheidende Entwicklungen eingebunden. Dazu gehören auf der Anwendungsseite die große und stetig steigende Nachfrage nach Virus-Referenzmaterialien sowie die Kooperationen mit nationalen und internationalen Referenz- und Diagnoselaboren, insbesondere bei Quarantäneviren und Krankheitsausbrüchen. Forschungsseitig dokumentiert die Einbeziehung in internationale Projekte den Beitrag der Abteilung zur Weiterentwicklung von Kulturpflanzen und zur ernährungsrelevanten Ertragssicherung.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Virussammlung der Abteilung Pflanzenviren verfügt über die weltweit umfassendste öffentlich zugängliche Pflanzenvirussammlung. Sie ist als einzige Virussammlung nach dem internationalen ISO 17034-Standard für die Herstellung von Referenzmaterial akkreditiert, was die angebotenen Virusmaterialien und die dahinterstehende Fachkompetenz besonders

auszeichnet. Weltweit wird das Auftreten von neuartigen Erkrankungen an Nahrungs- und Zierpflanzen verfolgt, verdächtige Pflanzmaterialien werden zur Virusidentifizierung analysiert und entsprechende diagnostische Nachweistests entwickelt. Diese werden dann als Viruskits zur Verfügung gestellt.

Die Forschungsaktivitäten der Abteilung konzentrieren sich auf die pflanzenpathogenen Eigenschaften von Viren, Pathogenität, Insektenübertragung und pflanzliche Resistenz. Besonders intensiv werden die biologischen Eigenschaften von neuartigen Viren untersucht, um deren Ausbreitungsdynamik und Bedrohung für Pflanzengesundheit und die Produktion von Kulturpflanzen in Europa abzuschätzen. Langjährige Forschung an Viruskrankheiten tropischer Pflanzenarten, insbesondere an Cassava, zeigen große Erfolge und in Braunschweig entwickelte resistente Pflanzen werden bereits in Afrika angepflanzt. Die Abteilung Pflanzenviren hat die drei Arbeitsschwerpunkte *Sammlung und Systematik von Pflanzenviren*, *Molekulare Pflanzenvirologie* und *Virus-Genomcharakterisierung* sowie *Mechanismen der pflanzlichen Virusresistenz und Virusbiologie*.





Dr. Paolo Margaria



Methoden und bioinformatische *workflows* zur Darstellung des pflanzlichen Viroms werden ständig weiterentwickelt, vor allem, um Prozesse zu beschleunigen und zu automatisieren. Die Sequenzierungsplattform *Oxford Nanopore Technologies (ONT)* wurde für die Genomsequenzierung infizierter Pflanzen und für die Sequenzierung von RCA- bzw. PCR Amplikons erprobt. Das skalierbare Format der *Nanopore*-Technologie erlaubt eine schnellere Verarbeitung der Proben, die direkt mit der Sequenzcharakterisierung viraler Populationen verknüpft werden kann und damit sehr schnelle Ergebnisse liefert. Der neue Ansatz erweitert unsere angebotenen Serviceleistungen und bietet neue Möglichkeiten zur Viromforschung der Abteilung. Weiterhin ist die Illumina-Sequenzierung (total RNA, NextSeq) Grundlage für eine zuverlässigen Authentifizierung und Reinheitskontrolle der Virusproben in der DSMZ-Sammlung und Basis der wissenschaftlichen Serviceleistungen. Die Hochdurchsatz-Sequenzierung von virusverdächtigen Pflanzen und die anschließende bioinformatische Bewertung ist ein Bindeglied zur Vernetzung mit ausländischen Forschungseinrichtungen in den europäischen Projekten (EVA-GLOBAL, Euphresco) und weltweit in der Zusammenarbeit mit nationalen und internationalen Forschungsorganisationen.



TÄTIGKEITSBEREICHE

Rekombinante genomische DNA Klone von unterschiedlichen Isolaten des *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV) wurden hergestellt und mittels Agrobakterieninfektion auf Pflanzen übertragen. ToLCNDV ist ein für Europa neuartiges Virus. Die Forschung der Abteilung soll das Gefährdungspotential abschätzen, das von der weiteren Einschleppung neuer Isolate ausgeht. Die ToLCNDV-Isolate infizieren unterschiedliche botanische Familien und es werden Genommanipulationen vorgenommen, um Fragen der Wirtsspezifität, Wirtswechsel sowie der Vektorübertragung zu klären.

Ein *workflow* für die Expression viraler Proteine in Pflanzen und die Erzeugung sogenannter virus-ähnlicher Partikel (*"virus-like particles"*, VLPs) wurde, mit Viren der Gattung *Ipomovirus* als Vorbild, etabliert. Die Plattform eröffnet neue Möglichkeiten für die Charakterisierung der Struktur viraler Proteine/Partikel und die Expression viraler Antigene zur Herstellung diagnostischer Reagenzien.





Dr. Stephan Winter

Neuartige Viren stellen eine fortwährende Bedrohung für die Pflanzenproduktion in allen Regionen der Welt dar. In Europa sind besonders die mediterranen Länder bedroht, da dort unter den warmen und subtropischen Bedingungen ein intensiver Anbau von Tomaten und Gurken- gewächsen mit idealen Bedingungen für virus- übertragende Insekten zusammentrifft. Unsere virologische Arbeit an für Europa neuartigen Viren konzentriert sich auf Wirtsspezifität, neue Zielkulturen und darauf, die Eigenschaften der Viren und bestehende Resistenzen in Kultur- pflanzen zu brechen. Für diese Arbeiten hat die Abteilung eine herausragende Infrastruktur und Kompetenz geschaffen, um unter S2 Be- dingungen Quarantäne-Viren und Insekten- vektoren zu studieren und Virusübertragungen mit genmanipulierten Viren durchzuführen. Der Schwerpunkt der Virus-Resistenzforschung liegt auf der bedeutenden Kulturpflanze Cassava, in die Resistenz gegen Cassava Mosaikviren (neun Spezies) und gegen *Cassava brown streak*-Viren (zwei Spezies und verschiedene Stämme) ein- gebracht werden soll. Kein Viruslabor der Welt verfügt über solch langjährige Erfahrungen mit viruskranken Cassava, eine nahezu komplette aktive Sammlung der Viren und eine heraus- ragende technische Infrastruktur sowie die Kompetenz, solche komplexen Untersuchungen durchzuführen.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Infektionen mit rekombinanten ToLCND-Virusi- solaten wurden in Tomaten und Gurken unter- sucht und zunächst festgestellt, dass die Iso- late einen wirtspflanzenspezifischen Wirtskreis haben. Pseudorekombination zwischen den Genomkomponenten DNA-A und DNA-B waren funktionsfähig und entsprechen dem Virus mit originärer DNA-A. Ein Austausch im viralen „Movementprotein“ der DNA-B Komponente be- wirkt einen Wirtswechsel, wobei die Infektiosität für den Ausgangswirt verloren geht. Positionen Aa129-132 im viralen Hüllprotein sind für die Vektorübertragung verantwortlich und bereits zwei Alanin-Austausche im Hüllprotein blockier- ten die Übertragbarkeit des Virus durch *Bemisia tabaci*-Insekten. Vorläufige Untersuchungen mit TYLCV-resistenten Tomaten zeigten, dass die in nahezu allen Tomatengenotypen vorhandene Ty-1 Resistenz gebrochen wird, sollten diese Virusisolate eingeschleppt werden.

Im Rahmen des Forschungsprojekts *Advan- cing cassava CBSD resistance breeding* wurden Resistenzprüfungen an Sämlingen, die aus Kreu- zungen resistenter Cassava-Linien entstanden sind, durchgeführt. In umfangreichen Unter- suchungen wurde in wenigen Sämlingen eine Resistenz gegen alle bekannten Cassava-Mosaik- viren und alle *Cassava brown streak*-Viren fest- gestellt. Diese Resistenzeigenschaften wurden mittels RNAscope-Analysen weiter beschrieben, die die Grundlage für biochemische und mole- kulare Untersuchungen über die Interaktion be- stimmter Virusproteine mit Plasmodesmata dar- stellen, um die Virusausbreitung in resistenten und anfälligen Pflanzen aufzuklären.





Dr. Wulf Menzel



TÄTIGKEITSBEREICHE

Die sehr gute Entwicklung der Nachfrage nach den Referenzmaterialien der Virussammlung der letzten Jahre hat sich im Berichtszeitraum fortgesetzt. Dies umfasst sowohl den Bereich der Viren selbst als auch die angebotenen serologischen Diagnostika. Zudem wurden im Bereich der angebotenen wissenschaftlichen Services insbesondere die im Rahmen des EU Horizon 2020 Projektes Europäisches Virusarchiv (EVA-GLOBAL) angebotenen Hochdurchsatzsequenzierungen mit spezifischer virologisch-bioinformatischer Auswertung nachgefragt. Dies hat auch zu einer intensiveren Vernetzung mit ausländischen Forschungseinrichtungen und Pflanzenschutzdiensten (Mauritius, Bulgarien, Elfenbeinküste, Ecuador) geführt. Da es sich hierbei häufig um Proben aus Outbreak-Situationen handelte, konnte auch der Sammlungsbestand um aktuell bedeutende Virusisolate erweitert werden. Darüber hinaus konnte eine beachtliche Virussammlung subtropischer Kulturpflanzen von der *Agricultural Research Organization*, dem Volcani Center in Israel, übernommen werden, deren sukzessive Überführung in die DSMZ-Sammlung weitgehend abgeschlossen ist. Im Berichtszeitraum konnte von der Alexander von Humboldt Foundation erfolgreich ein Kooperationsprojekt mit Prof. Abraham von der International University of Science and Technology (BIUST) in Botswana eingeworben werden. Neben der grundlegenden Untersuchung des Vorkommens und der Verbreitung der Leguminosen infizierenden Viren in Botswana, sollen diese langfristig in der DSMZ-Pflanzenvirussammlung gesichert und ebenfalls als Referenzmaterial verfügbar gemacht werden.

HIGHLIGHTS

Im Rahmen eines Forschungsprojekts wurde eine Virusresistenz gegen *Cassava brown streak*-Viren in südamerikanischen Cassava-Linien identifiziert, was einen Meilenstein in der Resistenzforschung bedeutete. Kreuzungen dieser resistenten Linien wurden in 2020/2021 intensiv untersucht und dabei festgestellt, dass die Virusresistenz bereits in F1 phänotypisch sichtbar wird, womit eine dominante Vererbung der Resistenzeigenschaften bewiesen wurde. Ein hocheffizientes Virustestverfahren wurde entwickelt, das eine präzise und hochsensible Phänotypisierung von Cassava-Zuchtlinien ermöglicht und die Virusresistenzzüchtung von drei bis vier Jahren auf sechs bis neun Monate beschleunigt. Die mit diesem Verfahren identifizierten virusresistenten Cassava-Linien stellen die genetischen Ressourcen für die weitere züchterische Verbesserung von Cassava dar.



Lindenau S., Winter S., Margaria P. (2021) The Amino-Proximal Region of the Coat Protein of *Cucumber Vein Yellowing Virus* (Family *Potyviridae*) Affects the Infection Process and Whitefly Transmission. *Plants* 2021, 10, 2771.

Menzel W., Winter S. (2021) Identification of novel and known tobamoviruses in tomato and other solanaceous crops using a new pair of generic primers and development of a specific RT-qPCR for ToBRFV. *Acta Horticulturae* 1316 :143-148.

Sheat S., Margaria P., Winter S. (2021) Differential Tropism in Roots and Shoots of Resistant and Susceptible Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) Infected by Cassava Brown Streak Viruses. *Cells* 10 (5)

Kutnjak D., Tamisier L., Adams I., Boonham N., Candresse T., Chiumenti M., De Jonghe K., Kreuze J.F., Lefebvre M., Silva G., Malapi-Wight M., **Margaria P. et al.** (2021) A primer on the analysis of high-throughput sequencing data for detection of plant viruses. *Microorganisms* 9:841.

Xylogianni E., **Margaria P., Knierim D., Sareli K., Winter S.,** Chatzivassiliou E.K. (2021) Virus Surveys in Olive Orchards in Greece Identify Olive Virus T, a Novel Member of the Genus *Tepovirus*. *Pathogens* 10 (5)

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SERVICES

Dienstleistungen für die wissenschaftliche Community

Die Abteilung wurde und wird umstrukturiert, Services werden modernisiert und das Angebot diversifiziert, sowohl für die Kundschaft als auch für Forschungsk Kooperationen innerhalb der DSMZ.

PD Dr. Meina Neumann-Schaal





PD Dr. Meina Neumann-Schaal



Dr. Jacqueline Wolf

Das analytische Spektrum der Arbeitsgruppe umfasst Technologien wie MALDI-TOF und hochauflösende Massenspektrometrie. Die Peptidoglykan-Strukturanalyse, die unter anderem in dieser Arbeitsgruppe durchgeführt wird, ist für die Beschreibung neuer Gattungen von Gram-positiven Bakterien erforderlich, kann aber weltweit nur von wenigen Labors durchgeführt werden. Damit ergänzt die chemische Analytik bestehende Methoden der mikrobiologischen Analytik. In den vergangenen Jahren wurde der analytische Teil von Dünnschichtchromatographie auf Massenspektrometrie umgestellt. Auch die Umstellung der Mykolsäure-Analytik auf Massenspektrometrie ermöglicht jetzt einen genaueren Einblick in das zelluläre Mykolsäurespektrum. Die MALDI-TOF-Massenspektrometrie ergibt insbesondere durch die ribosomalen

Proteine aus Mikroorganismen einen spezifischen Fingerabdruck zur zuverlässigen, schnellen und kostengünstigen Identifizierung von Bakterien und Pilzen auf dem Artniveau. Außer der kommerziellen Datenbank des MALDI Bio-Typers steht dem DSMZ-Identifizierungsdienst sowie der internen Qualitätssicherung eine umfangreiche Spektrendatenbank zur Verfügung, die durch diese Arbeitsgruppe im Rahmen der Qualitätskontrolle aufgebaut und kontinuierlich verbessert wird. Alle etablierten Methoden werden als Serviceleistungen angeboten und für die interne Qualitätskontrolle der DSMZ-Sammelbestände sowie für Kooperationsprojekte genutzt. Hinzu kommen komplexe metabolische Analysen in Forschungsoperationen innerhalb der DSMZ und darüber hinaus.





MIKROBIOLOGISCHE ANALYTIK & REFERENZMATERIALIEN

International führend



PD Dr. Meina Neumann-Schaal



Dr. Jacqueline Wolf

Die Charakterisierung von Mikroorganismen spielt eine zentrale Rolle in den verschiedenen mikrobiologischen Arbeitsgebieten, die sowohl die allgemeine mikrobiologische Forschung und Qualitätskontrolle als auch die medizinische Mikrobiologie umfassen. Die Mitarbeitenden des DSMZ Services sind Fachleute für den polyphasischen Ansatz einer Identifizierung oder einer Neubeschreibung von Mikroorganismen. Dabei erstreckt sich die Bandbreite der zu bearbeitenden Mikroorganismen nahezu über alle Taxa. Der Wissenschaft steht mit diesem Service ein breites Spektrum an klassischen und modernen Methoden und Technologien zur Verfügung, welche für viele Fragestellungen interessant sind und gezielt ausgewählt werden können.

Das vorhandene Spektrum an Methoden umfasst die individuelle Phänotypisierung, die auch chemotaxonomische Merkmale beinhaltet, und moderne Sequenzierungsmethoden. Diese Methoden werden sowohl für die Identifizierung unbekannter Mikroorganismen als auch für die Beschreibung neuer Taxa eingesetzt. Zusätzlich wird zunehmend die Produktion definierter Aliquots einzelner Stämme oder auch individueller Mischkulturen als Service nachgefragt. Die Abteilung arbeitet auch eng mit der **Patent- und Sicherheitshinterlegung** zusammen.

PATENT- UND SICHERHEITSHINTERLEGUNG

Geschützte Hinterlegung für die Welt



Dr. Felizitas Bajerski



Dr. Kathrin Felsch

Seit 1981 fungiert die DSMZ als International Depositary Authority (IDA) gemäß Budapester Vertrag und ist die einzige international anerkannte Patenthinterlegungsstelle Deutschlands. In Europa ist die DSMZ die IDA mit den meisten Hinterlegungen insgesamt und pro Jahr. Für die Hinterlegung gemäß Budapester Vertrag wird sämtliches zu hinterlegendes biologisches Material auf dessen Lebensfähigkeit und Reinheit überprüft. Für die Patenthinterlegung von menschlichen und tierischen Zelllinien untersucht die DSMZ mindestens eine Probe auf Lebensfähigkeit und mögliche Kontamination mit anderen Organismen (insbesondere *Mycoplasmen*). Die erfolgreich hinterlegten Kulturen werden nach den Bedingungen des Budapester Vertrags für mindestens 30 Jahre aufbewahrt und an autorisierte Parteien abgegeben. Die IDA (DSMZ) hält die Einzelheiten einer Hinterlegung und die Art des hinterlegten Materials geheim. Alle Materialien und Informationen werden streng vertraulich behandelt. Im Rahmen des Budapester Vertrags hinterlegtes biologisches Material ist daher nicht im DSMZ-Katalog enthalten.

Darüber hinaus bietet die DSMZ die Sicherheitshinterlegung als besonderen Service zur langfristigen und sicheren Aufbewahrung von biologischem Material an. Sicherheitshinterlegtes Material bleibt Eigentum des Hinterlegers, daher ist es nicht im DSMZ-Katalog enthalten und wird nur nach schriftlicher Aufforderung des Hinterlegers an Dritte weitergegeben. Bei der DSMZ ist die Patent- und Sicherheitshinterlegung von Archaea, Bakterien, Pilzen, Plasmid-DNAs, Bakteriophagen, Pflanzenviren, Pflanzenzelllinien sowie von menschlichen und tierischen Zelllinien möglich, die zur Risikogruppe 1 oder 2 gehören oder die als Organismen der Klasse 1 oder 2 eingestuft sind, wenn sie gentechnisch verändert wurden. Insgesamt beherbergt die DSMZ mehr als 10.000 Patenthinterlegungen und über 2000 (2.036) Sicherheitshinterlegungen (Stand 12/2021).



Wolf J., Koblitz J., Albersmeier A., Kalinowski J., Siebers B., Schomburg D., **Neumann-Schaal M.** (2021) Utilization of phenol as carbon source by the thermoacidophilic archaeon *Saccharolobus solfataricus* P2 is limited by oxygen supply and the cellular stress response. *Front Microbiol* 11:3386.

Hofmann J. D., Biedendieck R., Michel A.-M., Schomburg D., Jahn D., **Neumann-Schaal M.** (2021). Influence of L-lactate and low glucose concentrations on the metabolism and the toxin formation of *Clostridioides difficile*. *PLoS One* 16 e0244988.

Koblitz J., **Will S.E.**, Riemer S.A., Ulas T., **Neumann-Schaal M.**, Schomburg D. (2021): The Metano Modeling Toolbox MMTB: an intuitive, web-based toolbox introduced by two use cases. *Metabolites* 11(2), 113.

Rizk S., **Henke P.**, Santana-Molina C., **Martens G.**, Gnädig M., Nguyen N.G., Devos D.P., **Neumann-Schaal M.**, Saenz J.P. (2021): Functional diversity of isoprenoid lipids in *Methylobacterium extorquens* PA1. *Mol Microbiol*, mmi.14794

Osbelt L., Wende M., Almási É., Derksen E., Muthukumarasamy U., Lesker T. R., Galvez E.J.C., Pils M.C., Schalk E., Chhatwal P., Färber J., **Neumann-Schaal M.**, Fischer T., Schlüter D., Strowig, T. (2021). *Klebsiella oxytoca* causes colonization resistance against multidrug-resistant *K. pneumoniae* in the gut via cooperative carbohydrate competition. *Cell Host & Microbe*. doi: 10.1016/j.chom.2021.09.003

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



FORSCHUNGSABTEILUNG MIKROBIELLE ÖKOLOGIE UND DIVERSITÄTSFORSCHUNG

Entstehung und Bedeutung der bakteriellen Diversität

Prof. Dr. Jörg Overmann





Die wissenschaftliche Arbeit der Forschungsabteilung gliedert sich in die drei Themenbereiche

- **Bakterielle Populationsgenomik und Diversifizierung**
- **Schlüsselfunktionen bakterieller Gemeinschaften**
- **Bakterielle Interaktionen**

Damit werden zentrale Problemstellungen der aktuellen Diversitätsforschung aufgegriffen und wesentliche Beiträge zu den wissenschaftlichen Leitthemen des Leibniz-Instituts geleistet. In den Projekten der Forschungsabteilung werden auch bisher unbekannte Bakteriengruppen molekularbiologisch detektiert, gezielt angereichert und isoliert, und als wertvolle Ergänzung in die Sammlungsbestände der DSMZ aufgenommen. Mit ihrer spezifischen wissenschaftlichen Expertise bringt sich die Forschungsabteilung der DSMZ erfolgreich in große nationale und internationale Forschungsverbünde ein (Deutsches Zentrum für Infektionsforschung, DZIF; Deutsches Zentrum für Integrative Biodiversitätsforschung, iDiv; DFG Sonderforschungsbereich TRR51 Roseobacter, DFG Schwerpunktprogramm 1374 – Biodiversitäts-Exploratorien, Nationale Forschungsdaten Infrastruktur NFDI4BioDiversity). Schließlich treibt die Forschungsabteilung mit mehreren drittmittelgestützten bi- und multinationalen Projekten auch die Internationalisierung und

internationale Sichtbarkeit der DSMZ voran. Diese Kooperationsprojekte ermöglichen beispielsweise die Bearbeitung neuartiger Fragestellungen in wissenschaftlich kaum zugänglichen Ökosystemen, den Wissenstransfer in die Partnerländer, attraktive Weiterbildungsmöglichkeiten für Nachwuchsforschende und technisches Personal der DSMZ, bieten aber umgekehrt ebenso wichtige Trainingsmöglichkeiten für Forschende und den wissenschaftlichen Nachwuchs aus außereuropäischen Ländern an der DSMZ. Die gewonnenen Forschungsergebnisse zu bakteriellen Verbreitungsmustern und Funktionen sind zudem von direkter Bedeutung für den aktuellen politischen Diskurs zur Implementierung des Nagoya Protokolls und zur Rolle digitaler Sequenzinformation beim gerechten Vorteilsausgleich mit den Geberländern. Die Projektarbeit bereitet so den Weg für eine effiziente und vertrauensvolle bilaterale Zusammenarbeit auch im Bereich des Sammlungsaufbaus.

BAKTERIELLE POPULATIONSGENOMIK UND DIVERSIFIZIERUNG

Auf den Spuren der Artentstehung



Prof. Dr. Jörn Petersen

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Arbeiten in diesem Themenbereich haben zum Ziel, neue Einblicke in die Mechanismen der Entstehung bakterieller Diversität zu gewinnen. Vergleichende Genomanalysen, populationsgenomische Ansätze und phänotypische Analysen werden genutzt, um die molekulare Evolution der Genome und den Genfluss zwischen Genomen in Anpassung an verschiedene ökologische Nischen für ausgewählte Bakterienarten und -gattungen aufzuklären. Neueste Sequenzierungstechniken ermöglichen es dabei, schnell und kosteneffizient neben geschlossenen Bakterienchromosomen auch zuverlässig alle Elemente des sogenannten *Mobiloms* (Plasmide, Phagen und Transposons) zu identifizieren, die aufgrund ihrer schnellen Übertragung zwischen verschiedenen Arten auch kurzfristige Anpassungen ermöglichen. Parallel wurden bioinformatische Workflows zur vergleichenden Genomanalyse, zur Rekombinationsanalyse und zur Quantifizierung von Selektionsdrücken auf unterschiedliche Gene etabliert. Die untersuchten Modellsysteme reichen von marinen Bakterien der Gattungen *Phaeobacter* und *Sulfitobacter* über das wirtschaftlich bedeutende fischpathogene Bakterium *Piscirickettsia salmonis* bis zu dem medizinisch aktuell besonders relevanten Erreger *Clostridioides difficile*. Dadurch kann die Bedeutung unterschiedlicher Lebensweisen auf die Artentstehung bei Bakterien ermittelt werden.

HIGHLIGHTS

In der oberflächen-assoziierten Gattung *Phaeobacter* (bearbeitet im DFG Transregio 51 Roseobacter) konnten genetisch klar abgegrenzte Subpopulationen mit identischen 16S rRNA-Sequenzen, jedoch deutlich unterschiedliche

Genomsequenzen nachgewiesen werden. Die umfassende Charakterisierung des *Mobiloms* der gesamten Roseobacter-Gruppe ergab eine unerwartet hohe Diversität verschiedenster Plasmide (bis zu 13 Replikons pro Zelle) und zeigte eine Evolution der mobilen Plasmide zu stabil vererbten extrachromosomalen Replikons mit essentiellen Genen. Die multipartite Genomorganisation vieler *Proteobacteria* deutet darauf hin, dass der stabile Erwerb von Plasmiden in diesem Phylum eine entscheidende Rolle bei der Entstehung neuer Gattungen und Arten spielt. Die genombasierte Charakterisierung von über 30 Isolaten des verwandten und physiologisch vielfältigen Genus *Sulfitobacter* führte zur Identifizierung von sechs neuen Arten. Die sequenzbasierte Untersuchung der Plasmide bei *Sulfitobacter* ergab, dass ein signifikanter Anteil der ribosomalen RNA (*rrn*) operons der Genome jeweils auf Plasmiden verortet ist. Die Entdeckung und Beschreibung drei neuer Plasmid-Systeme ist Grundlage für ein umfassendes Verständnis der multipartiten Genomorganisation der *Roseobacteraceae* und deren Evolution. So korreliert der Ursprung von drei *Sulfitobacter*-Arten mit dem Erwerb eines spezifischen Plasmids und vergleichende Genomanalysen des Genus *Roseobacter* legen sogar nahe, dass dessen Ursprung auf den horizontalen Erwerb eines Photosynthese-Plasmides zurückzuführen ist.

Das fischpathogene Bakterium *Piscirickettsia salmonis* ist von erheblicher wirtschaftlicher Bedeutung in der Aquakultur von Lachsen; bis heute konnte jedoch die Biologie und Epidemiologie dieses Erregers nicht aufgeklärt werden. Basierend auf Genomsequenzierungen wurde in enger Zusammenarbeit mit der Pontificia Universidad Católica de Valparaíso aus Chile und der Bioinformatik-Einheit der DSMZ gezeigt, dass es sich bei diesem Fischpathogen um mindestens drei unterschiedliche Entwicklungslinien handelt, die



sich im Verlauf der Evolution in eigenständige, genetisch isolierte Arten aufgespalten haben und seitdem stabil nebeneinander existieren. Die verschiedenen Arten weisen einen extrem hohen Gehalt an Transposasen auf, der den Gehalt aller bisher bekannter Bakterienarten deutlich übertrifft und bei der Artentstehung eine zentrale Rolle spielte. Zudem wurden erste Anhaltspunkte für das natürliche Reservoir des Erregers außerhalb des Wirtsorganismus in der Umwelt gefunden. Diese Erkenntnisse sind von direkter Relevanz für die Prävention, Diagnostik und rechtliche Einstufung des Erregers.



SCHLÜSSELFUNKTIONEN IN KOMPLEXEN BAKTERIENGEMEINSCHAFTEN

Der Einfluss exogener Faktoren



Dr. Johannes Sikorski

TÄTIGKEITSBEREICHE

Nur ein verschwindend geringer Anteil ($< 0,1\%$) der Bakterienarten ist bisher kultiviert und damit physiologisch charakterisiert. Gleichzeitig sind die meisten natürlichen Bakteriengemeinschaften hochdivers. Deshalb stellt die Analyse des kausalen Zusammenhangs zwischen der Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft, den spezifischen Stoffwechselleistungen einzelner Arten und den makroskopisch beobachteten Stoffumsetzungen eine große wissenschaftliche Herausforderung dar. Ein wesentlicher Fokus der Arbeitsgruppe liegt auf der Erforschung der Ökologie und Aktivitätsmuster bisher unkultivierter Bakterien durch molekulare Methoden auf der Artebene. In den vergangenen Jahren konzentrierten sich die entsprechenden Arbeiten in diesem Bereich auf Bodenökosysteme. Daneben werden aber auch Mangroven-Ökosysteme und ungewöhnliche Standorte, wie beispielsweise mittelalterliche Handschriften untersucht.

HIGHLIGHTS

Mittels Hochdurchsatz-Sequenzierungen in Kombination mit aktuellen Auswertungsmethoden der Multivariaten Statistik und Modellierung wurde im Rahmen DFG-geförderter Drittmittelprojekte in den deutschen Biodiversitäts-Exploratorien systematisch die Bedeutung von

Umweltfaktoren in Böden, Mineraloberflächen, Pflanzenwurzeln und von tierischer organischer Substanz auf die Zusammensetzung und Aktivitätsmuster der bakteriellen Gemeinschaften aufgeklärt.

Acidobakterien stellen eine bisher kaum verstandene Gruppe von dominierenden Bodenbakterien dar und dienen daher als Modell zur Entwicklung geeigneter wissenschaftlicher Ansätze. Mit zwei Studien an mitteleuropäischen Grünlandflächen und afrikanischen Trockenböden des Kalahari-Beckens konnten die Umweltanpassungen von Acidobakterien durch Modellierung der ökologischen Nische auf Artenebene bestimmt werden. Eine Analyse der Evolution zeigte, dass sich Acidobakterien in ihrer Entwicklungsgeschichte fortlaufend an unterschiedliche Umweltbedingungen anpassten, dieser hochdynamische Prozess nicht abgeschlossen ist und zu einer vorher unbekannten Diversifizierung der einzelnen Entwicklungslinien geführt hat, wobei auch sehr nah verwandte Arten an sehr unterschiedliche Bedingungen angepasst sein können. Dies gilt auch für die Anpassungsfähigkeit der Acidobakterien an verlängerte Trockenzeiten die selbst bei nah verwandten Arten deutlich unterschiedlich ist.

Der Aktivitätszustand der Zellen einzelner Bakterienarten können im Hochdurchsatz anhand ihres rRNA/rDNA-Verhältnisses bestimmt



werden. Mit einem neu entwickelten statistisches Verfahren gelang hier ein technischer Durchbruch, da sich so erstmals echte Signale von dem statistischen Rauschen, das durch den Sequenzierprozesses erzeugt wird, unterscheiden lassen. Bisher wurde vermutet, dass vor allem wenig abundante Bakterienarten in natürliche Gemeinschaften am aktivsten seien. Mit den gefilterten Daten konnte nun nachgewiesen werden, dass sowohl wenig abundante als auch hochabundante Bakterienarten aktiv sein können, aber nur knapp 1% der in Böden vorhandenen Arten tatsächlich in einem aktiven Zustand sind. Von besonderem Interesse für das funktionelle Verständnis von Bakteriengemeinschaften sind die sogenannten Schlüsselarten, die sich durch einen überproportional hohen ökologischen Einfluss auszeichnen, insbesondere durch ihre Interaktionen mit anderen Arten. In mikrobiologischen Gemeinschaften werden Schlüsselarten häufig über statistische Analysen von Netzwerkstrukturen molekularer Sequenzdaten detektiert, während eine zusätzliche ökologische Bestätigung mangels verfügbarer kultivierter Vertreter meist ausbleibt. Mit der neu etablierten rRNA/rDNA-Methode konnte durch die Forschungsabteilung nun nachgewiesen werden, dass sich unter den Schlüsselarten überproportional viele aktive Arten befanden, was eine unabhängige Bestätigung für die Rolle dieser Arten im Ökosystem darstellt.



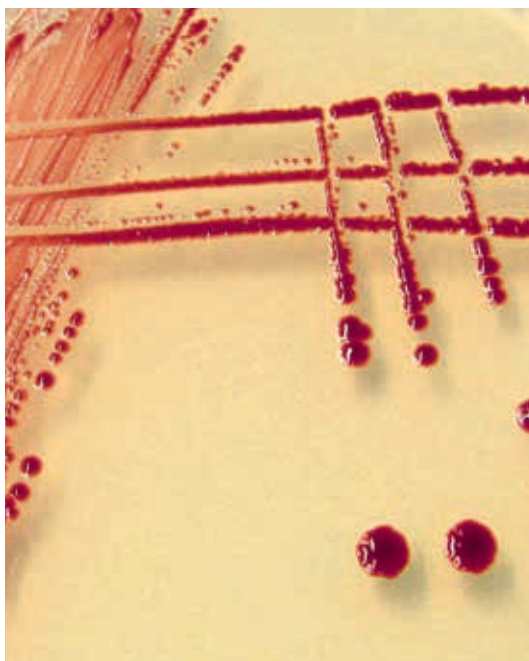


Dr. Marcus Tank



TÄTIGKEITSBEREICHE

Hier stehen die Evolution, Ökophysiologie und molekulare Basis der bakteriellen heterologen, also durch verschiedene Bakterien gebildeten, Multizellularität im Fokus der Forschung. Als Modellsystem werden phototrophe Konsortien als die höchstentwickelte Form der prokaryotischen Symbiose untersucht. Dieses zentrale Modellsystem lieferte ganz neue Erkenntnisse über die Mechanismen der gegenseitigen Zell-Zell-Erkennung, die Rolle von Symbioseproteinen bei der Adhäsion und Signaltransduktion, die Kopplung der Stoffwechselaktivitäten und die Koevolution beider Partnerbakterien. Eingesetzt werden hochauflösende mikroskopische Verfahren, neuartige Pulsmarkierungsmethoden, Isotopen-Analysen und Omics-Ansätze. Zudem werden in diesem Tätigkeitsbereich weitere Co-Kulturen, bakterielle Symbiosen in der Amphibienhaut und das menschliche Mikrobiom untersucht.



HIGHLIGHTS

Eine eingehende Genomanalyse des bakteriellen Symbionten *Pseudomonas* MPFS des brasilianischen Baumfrosches *Boana prasina* zeigte das Vorkommen zahlreiche biosynthetischer Gencluster, die der Synthese von antimykotischen Hemmstoffen und von Pheromonen (Methoxyppyrazinen) zugrunde liegen. Auffällig war insbesondere die Entdeckung von Resistenzmechanismen, mit denen *Pseudomonas* MPFS eine Resistenz gegen die antimikrobiellen Peptide des Amphibienwirts erlangt hat. Diese Resistenz konnte anschließend in Laborexperimenten bestätigt werden und findet sich nicht bei anderen nichtsymbiontischen *Pseudomonas*-Arten oder *Escherichia coli*.

Während der Co-Kultivierung von *Dinoroseobacter shibae* mit dem Dinoflagellaten *Prorocentrum minimum* wurde bei fortschreitender Seneszenz ein Übergang von Mutualismus zu Pathogenität beobachtet, welcher bereits auf die Präsenz eines Killer-Plasmids zurückgeführt werden konnte. Die gezielte Konjugation des funktionalen Killer-Plasmides zwischen den Modellorganismen *D. shibae* (Donor) und *Phaeobacter inhibens* (Rezipient) trug entscheidend dazu bei, den Pathogenitäts-Mechanismus zu verstehen. So entzieht das Bakterium dem Medium mit Hilfe eines Plasmid-kodierten Biotin-Importsystems das für den Dinoflagellaten essentielle Vitamin B7 und induziert damit indirekt den Tod der Alge.



Brunetti A.E., Bunk B., Lyra M.L., Fuzo C.A., Marani M.M., Spröer C., Haddad C.F.B., Lopes N.P., **Overmann J.** (2022) Molecular basis of a bacterial-amphibian symbiosis revealed by comparative genomics, modeling, and functional testing. *ISME J* 16, 788–800

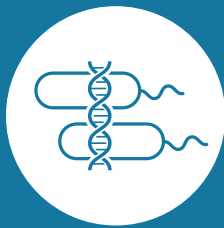
Freese H.M., Ringel V., Overmann J., Petersen J. (2022). Beyond the ABCs—Discovery of three new plasmid types in *Rhodobacterales* (RepQ, RepY, RepW). *Microorganisms* 10: 738

Huber K.J., **Vieira S., Sikorski J.**, Wüst P.K., Fösel B.U., Gröngröft A., **Overmann J.** (2022) Differential response of *Acidobacteria* to water content, soil type, and land use during an extended drought in African savannah soils. *Front Microbiol* 13, 750456

Scholz A.H., Freitag J., Lyal C.H.C., Sara R., Cepeda M.L., Cancio I., **Sett S., Hufton A.L.,** Abebaw Y., Bansal K., Benbouza H., Boga H.I., Brisse S., Bruford M., Clissold H., Cochran G., Coddington J., Deletoille A.-C., García-Cardona F., Hamer M., Hurtado Ortiz R., Miano D.W., Nicholson D., Oliveira G., Ospina Bravo C., Rohden F., Seberg O., Segelbacher G., Shouche Y., Sierra A., da Silva J., Mizrachi I., da Silva M., Hauea D., Suzuki M., Tesfaye K., Tiambo C.K., Tolley K.A., Varshney R., Zambrano M.M., Overmann J. (2022) Multilateral benefit sharing from digital sequence information will support both science and biodiversity conservation. *Nature Comm* 13, 1086

Sikorski J., Baumgartner V., Birkhofer K., Boeddinghaus R.S., Bunk B., Fischer M., Fösel B., Friedrich M.W., Göker M., Hölzel N., Huang S., Huber K.J., Kandeler E., Klaus V.H., Kleinebecker T., Marhan S., von Mering C., Oelmann Y., Prati D., Regan K.M., Richter-Heitmann T., Rodrigues J.F.M., Schmitt B., Schöning I., Schrumpf M., Schurig E., Solly E.F., Wolters V., **Overmann J.** (2022) The evolution of ecological diversity in *Acidobacteria*. *Front Microbiol* 13, 715637

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



FORSCHUNGSEINHEIT MIKROBIELLE GENOMFORSCHUNG

Neue Antibiotika und Ausbreitungswege entdecken

Der Forschungsbereich für Mikrobielle Genomforschung nutzt statistische Analysen bakterieller Genomsequenzen für die Suche nach Produzenten neuartiger, medizinisch anwendbarer Naturstoffe und zur Rückverfolgung der Ausbreitungswege pathogener Bakterien. Prof. Dr. Ulrich Nübel hat, neben der Abteilungsleitung, auch eine Professur für Mikrobielle Genomik im Deutschen Zentrum für Infektionsforschung und an der Technischen Universität Braunschweig inne.

Prof. Dr. Ulrich Nübel





Durch die Zunahme resistenter Krankheitserreger und den Rückzug der pharmazeutischen Industrie aus der Antibiotikaentwicklung kommt es zu einem Mangel an Therapieoptionen für viele bakterielle Infektionen. Die Forschungseinheit setzt die moderne Genomanalytik ein, um die Verbreitung von Antibiotikaresistenzen zu verstehen, zu überwachen und um die Antibiotika der Zukunft zu finden.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Forschungseinheit sucht nach Produzenten neuer Antibiotika unter den Myxobakterien. Diese Bakteriengruppe hat ein ähnliches Potential für die Synthese von Naturstoffen wie die Actinomyceten, wurde bisher allerdings wesentlich weniger gründlich untersucht. Für die Arbeiten an Myxobakterien ist die Arbeitsgruppe in einer ausgesprochen guten Position, da an der DSMZ eine große Sammlung dieser Organismen zur Verfügung steht. Durch die Expertise zur Nutzung bakterieller Genomsequenzen für die Rekonstruktion der Ausbreitung von Krankheitserregern ist die DSMZ zudem national und international ein gefragter Kooperationspartner. Die Arbeitsgruppe konnte im Berichtszeitraum medizinische Mikrobiologinnen und Mikrobiologen bei der Aufklärung von Infektionsausbrüchen mit den Erregern *Clostridioides difficile* und enterohämorrhagische *Escherichia coli* unterstützen. Darüber hinaus wurde in Zusammenarbeit mit dem Leibniz-Institut ATB (Potsdam), der Lehr- und Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung (Ruhlsdorf) sowie dem Leibniz-Forschungsverbund „Infections '21“, die Selektion von Antibiotikaresistenzen in der industriellen Schweinemast untersucht.

HIGHLIGHTS

Die in Zusammenarbeit mit der University of Warwick, England entwickelte, öffentlich zugängliche Datenbank für Genomsequenzen aus *Clostridioides difficile* (Enterobase) wurde auf Genomsequenzen aus 27.993 *C. difficile*-Isolaten

erweitert. Sie verschafft den Nutzenden einen hervorragenden Überblick über die enormen Datenmengen und bietet eine einheitliche Nomenklatur für *C. difficile*-Stämme auf der Grundlage ihrer genomischen Verwandtschaft, um die Erfassung von Ausbrüchen und internationalen Epidemien zu erleichtern.

In der Forschungseinheit werden außerdem Ausbreitungswege von Krankheitserregern in der Umwelt analysiert. Die Abteilung koordiniert das durch die Leibniz-Gemeinschaft geförderte Projekt *SOARiAL (Spread of Antibiotic Resistance in an Agrarian Landscape)*, in dem Forschende aus vier Leibniz-Instituten und der Freien Universität Berlin interdisziplinär zusammenarbeiten, um die Ausbreitung Antibiotika-resistenter Bakterien, ausgehend von landwirtschaftlichen Flächen, die mit Mist und Gülle gedüngt wurden, zu untersuchen.

Im Projekt *DUSTRISK (A risk index for health effects of mineral dust and associated microbes)* werden die Auswirkungen von Sahara-Staub auf die Gesundheit der Menschen auf den Kapverden untersucht. *DUSTRISK* wird vom TROPOS-Institut (Leibniz-Institut für Troposphärenforschung) koordiniert und die Forschungseinheit Mikrobielle Genomforschung beteiligt sich daran mit mikrobiologischen und molekularbiologischen Analysen der Staub-assoziierten Mikroorganismen. Die Staub-Ereignisse treten auf den Kapverden im Zeitraum Januar bis Februar jedes Jahres auf. Aufgrund der pandemiebedingten Reisebeschränkungen konnte die Mess-Kampagne 2021 nur eingeschränkt durchgeführt werden. Von unseren Kooperationsbeteiligten auf den Kapverden wurden jedoch an zwei Standorten (Mindelo, Praia) zahlreiche Staubproben gesammelt, die inzwischen toxikologisch und molekularbiologisch untersucht werden konnten. Erste Ergebnisse zeigten, dass biologische Bestandteile des Staubs starke Immunreaktionen von Lungen-Epithelzellen hervorrufen.

Im Dezember 2021 startete das BMEL-geförderte Projekt *MediCow*, in dem in Kooperation mit dem ATB und TEAGASC (Irland) Früherkennungsverfahren für die Mastitis bei Milchkühen entwickelt werden.



Münch S., Papke N., Leue M., Faust M., Schepanski K., Siller P., Roesler U., **Nübel U.**, Kabelitz T., Amon T., Funk R. (2021) Differences in the sediment composition of wind eroded sandy soils before and after fertilization with poultry manure. *Soil and Tillage Research* 215: 105205.

Frentrop M., Thiel N., Junker V., Behrens W., Münch S., Siller P., Kabelitz T., Faust M., Indra A., Baumgartner S., Schepanski K., Amon T., Roesler U., Funk R., **Nübel U.** (2021) Agricultural fertilization with broiler manure results in persistent environmental contamination with the pathogen *Clostridioides difficile*. *Environmental Microbiology* 23: 7591-7602, doi:10.1111/1462-2920.15601

Kabelitz T., Biniash O., Ammon C., **Nübel U., Thiel N.,** Janke D., Swaminathan S., Funk R., Münch S., Roesler U., Siller P., Amon B., Aarnink A. J. A., Amon T. (2021) Particulate matter emissions during field application of poultry manure - the influence of moisture content and treatment. *Science of the Total Environment* 780: 146652.

Siller P., Daehre K., Rosen K., Münch S., Bartel A., Funk R., **Nübel U.,** Amon T., Roesler U. (2021) Low airborne tenacity and spread of ESBL-/AmpC-producing *Escherichia coli* from fertilized soil by wind erosion. *Environmental Microbiology* 23: 7497-7511, doi:10.1111/1462-2920.15437.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



UNABHÄNGIGE NACHWUCHSGRUPPEN

Für eine bessere Zukunft

Dr. Başak Öztürk



Schadstoffbelastung in der Umwelt ist ein aktuelles Thema mit zunehmender Bedeutung. Die Untersuchung von schadstoffabbauenden Mikroorganismen ermöglicht es, diese Stoffe aus der Umwelt zu entfernen (im Fall von Xenobiotika) oder sogar bessere Kompostierungs- und Recyclingverfahren zu entwickeln. Die seit Januar 2018 unter der Leitung von Dr. Başak Öztürk bestehende unabhängige Nachwuchsgruppe arbeitet an kultivierungsabhängigen und -unabhängigen Methoden, um diesen Abbau von Schadstoffen in der Umwelt zu erforschen.

geforscht, mit denen Plastikabbau unter umwelt-relevanten Bedingungen, besonders in Süßwasser, gemessen werden kann. Der dritte Bereich ist die strukturelle Erklärung und biochemische Analyse von Plastik-abbauenden Enzymen. Die Grundlagenforschung führt zu einem besseren Verständnis von Abbau und Verbleib von industriellen Polymerstoffen. Die Forschung in der Arbeitsgruppe ist sehr interdisziplinär und es bestehen Kollaborationen mit Beteiligten aus verschiedenen Themenbereichen und Ländern.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Forschung der Arbeitsgruppe fokussiert sich auf drei Themenbereiche. Der erste Bereich ist die Untersuchung von Abbau, Verbleib und Verhalten von bioabbaubaren Kunststoffen im marinen Ökosystem. Zudem wird an neuen Methoden

HIGHLIGHTS

Im Berichtszeitraum hat die Arbeitsgruppe eine neue Industriekollaboration mit BASF über den Abbau von Plastik im Süßwasser-Ökosystem gestartet. Zurzeit besteht die Gruppe aus zwei Postdoktoranden, einer technischen Assistentin und einer Masterstudentin.





Dr. Björn Krenz

Pflanzenviren haben das Potential ihre Wirtszelle zu ihren Gunsten umzuprogrammieren. Dazu nutzen sie virale Proteine mit multiplen Funktionen, die mit verschiedenen Wirtsfaktoren interagieren, damit das pflanzliche Abwehrsystem aushebeln, um eine Virusinfektion erfolgreich zu etablieren.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Unser langfristiges Forschungsziel besteht daher darin, die multiplen Funktionen viraler Proteine, deren Interaktion mit der Wirtszelle und verschiedenen Wirtsfaktoren auf zellulärer Ebene vor allem im frühen Stadium des Infektionsverlaufs zu verstehen. Wichtig ist hier auch ein umfassendes Verständnis der Wirtskomponenten und molekularen Mechanismen zu erlangen, die die zelluläre Immunität von Pflanzen gegen Pathogene regulieren, um schließlich neue Strategien für die Pflanzengesundheit zu entwickeln. In den letzten Jahren haben wir dazu mit den Modellpflanzen *Nicotiana benthamiana* und *Arabidopsis thaliana* das Zusammenspiel von Pflanzenviren und pflanzlichen Stress Granula untersucht, sowie die Wirkung von geminiviralen Replikations- und Transportproteinen zur Umorganisation von Kerninhalt und -hülle. Ziel ist es, ein tieferes Verständnis in die Virus-induzierte Reorganisation der Zelle zu bekommen und die molekularen Mechanismen der Manipulation durch das Virus zu verstehen, um den Weg für die Entwicklung wirksamer antiviraler Strategien ebnen. Dabei ist es unerlässlich, auch die Wirtskomponenten zu untersuchen beziehungsweise neue Interaktoren zu identifizieren, die an diesem grundlegenden zellulären Prozess beteiligt sind.

Ein wichtiger technischer Bestandteil unserer Forschung ist die Nutzung des MMi Cellcut/CellEctor Mikrodissektionssystems. Durch das spezifische

Herausschneiden und Sammeln virusinfizierter Pflanzenzellen oder -organellen werden Verdünnungseffekte vermieden und somit aussagekräftige Informationen nur zu den gewünschten Proben erhalten. Dieser Ansatz hilft uns, zum Beispiel Viren, die auf das Phloemgewebe beschränkt sind, zu analysieren, oder spezifisch nur den infizierte Pflanzenzellkern. Neben dem MMi Cellcut System umfasst das Mikroskop auch das CellEctor System, das Kapillaren verwendet, um beispielsweise einzellige Mikroorganismen wie Protisten, Bakterien oder auch Protoplasten zu sammeln.

Unsere aktuellen Forschungsthemen

- **Analyse pflanzlicher Stress Granula (SG) als zelluläre Stressantwort**
- **Analyse von Geminivirus-induzierten Veränderungen des pflanzlichen Zellkerns**
- **Molekulare und zelluläre Aspekte des Lebenszyklus von Nanoviren**

HIGHLIGHTS

Im März 2021 fand das jährliche Treffen des Arbeitskreises „Viruskrankheiten der Pflanzen“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft statt, leider als eine reine Online-Veranstaltung, aber dafür mit einer so hohen Beteiligung, die in Präsenz noch nicht geschafft wurde. Hendrik Reuper konnte im Juni 2021 auf der ICAR (International Conferences on Arabidopsis Research) in einem Vortrag seine drei Publikationen aus 2021 zusammengefasst vorstellen, sowie in der zweiten Jahreshälfte seine Promotionsschrift einreichen.



Meyer-Cifuentes I.E., Öztürk B. (2021) Mle046 Is a Marine Mesophilic MHETase-Like Enzyme. *Front Microbiol* 12:693985.

Reuper H., Gotte B., Williams L., Tan T.J.C., McInerney G.M., Panas M.D., **Krenz B.** (2021) *Arabidopsis thaliana* G3BP Ortholog Rescues Mammalian Stress Granule Phenotype across Kingdoms. *International Journal of Molecular Sciences* 22 (12)

Reuper H., Amari K., Krenz B. (2021) Analyzing the G3BP-like gene family of *Arabidopsis thaliana* in early turnip mosaic virus infection. *Sci Rep* 11 (1) :2187.

Reuper H., Krenz B. (2021) Comparison of two Turnip mosaic virus P1 proteins in their ability to co-localize with the *Arabidopsis thaliana* G3BP-2 protein. *Virus Genes* (11262)

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



ABTEILUNG BIOINFORMATIK UND DATENBANKEN

Digitale Bioressourcen

Die zentrale Bioinformatik- und Datenbankeinheit der DSMZ entwickelt Methoden für den steigenden Bedarf zur Erzeugung und Analyse von Next Generation-Sequenzdaten. Dies schließt umfangreiche Digitalisierungs- und Synthesearbeiten von Forschungsdaten mit ein und beinhaltet zudem die Pflege und Entwicklung der Rechencluster und des Netzwerks sowie weitere verschiedene Tätigkeitsfelder.

Dr. Boyke Bunk





Dr. Sixing Huang



Dr. Claudia Pommerenke

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Querschnittsabteilung Bioinformatik und Datenbanken führt primär Methodenentwicklung für den rapide gestiegenen Bedarf zur Analyse von Next Generation-Sequenzdaten durch und unterstützt die individuellen Forschungsarbeiten an der DSMZ in diesem Bereich. Das methodisch eng abgestimmte und in die Abteilung integrierte Genomlabor führt Sequenzierungen und die Aufarbeitung der DNA-Proben durch. Sämtliche Tätigkeiten werden aufgrund methodischer Überschneidungen und inhaltlicher Verzahnung sowohl im Hinblick auf die verwendeten Sequenziertechnologien, die eingesetzte Analyse-Software, die Durchführbarkeit auf den Rechenclustern und die Hinterlegung und Analyse der wissenschaftlichen in-house-Datenbanken eng aufeinander abgestimmt.

In der internen Datenverarbeitung bilden mehrere von der DSMZ entwickelte Datenbanken für den wissenschaftlichen und administrativen Einsatz die Grundlage für die Verwaltung der biologischen Materialien und die Abwicklung von Aufträgen. Die Datenbanken enthalten die Bestellungen von Kulturen, den Identifizierungsservice, die Patenthinterlegungen und die wissenschaftlichen Daten zu den mehr als 79.000 Bioressourcen der Sammlungsbereiche der DSMZ. Hierbei liegt der Schwerpunkt auf dem Service, dem Informationsmanagement und der Entwicklung von Instrumenten zur Unterstützung der Forschungstätigkeit sowie von Geschäftsprozessen der DSMZ. Insbesondere die Entwicklung von neuen Instrumenten zur vollständigen Digitalisierung von den bisher nicht digitalen Informationsbeständen der DSMZ hat in den letzten Jahren an Bedeutung gewonnen. Um die Verbesserung der Vernetzung der Datenbestände von wissenschaftlichen Datenbanken zu gewährleisten, ist die DSMZ seit vielen Jahren in nationale und internationale Projekte eingebunden. Hierbei ist insbesondere die Einbindung in die Nationale Forschungsinfrastruktur (NFDI) zu nennen. Daraus resultiert ein enormer Anstieg der Anforderungen an den Bereich IT und Datenbanken. Die Schwerpunkte der Abteilung sind dabei in verschiedene Aufgabengebiete gegliedert: In der

Arbeitsgruppe **Genomik und Transkriptomik** wird die komparative und funktionelle Analyse von mikrobiellen Genom- und Transkriptomdaten anhand von long read Daten durchgeführt (Dr. Boyke Bunk). Die taxonomische Einordnung von Bakterien anhand ihrer Kompletengenome sowie die kontinuierliche Kuration der Nomenklatur wird in der Arbeitsgruppe **Phylogenomik und Nomenklatur** (PD Dr. Markus Göker, Dr. Jan Meier-Koltzoff) gewährleistet. Humane Exom- und Transkriptomdaten werden in der Arbeitsgruppe **Eukaryotische Bioinformatik** analysiert (Dr. Claudia Pommerenke). Im Bereich Mikrobielle Diversitätsinformatik konnte im Jahr 2021 aufgrund unzureichender Bewerberlage bisher keine Nachfolge für den bisherigen Stelleninhaber Dr. Sixing Huang gefunden werden.

SEQUENZIERUNG

Das methodisch eng abgestimmte Genomlabor *DNA und Sequenzierung* (Dr. Cathrin Spröer) führt institutsweit *short* und *long read* basierte Sequenzierungen und die Aufarbeitung der DNA-Proben durch. Um den gestiegenen Bedarf hinsichtlich *short read* Sequenzierungen im Haus zu bedienen wurde der bisherige Illumina NextSeq 500 durch das Nachfolgemodell NextSeq 2000 abgelöst und steht nunmehr für institutsweite Sequenzierungen in unterschiedlichen Skalierungen bis 360 Gigabasenpaaren pro Lauf zur Verfügung. Stoßrichtung sind hierbei auch umfangreiche Metagenomsequenzierungen.

HIGH PERFORMANCE COMPUTING-INFRASTRUKTUR

Die Tätigkeiten im Bereich Bioinformatik, IT und Datenbanken bedingen den Betrieb und die Pflege einer zeitgemäßen und leistungsfähigen Hochleistungs-IT-Infrastruktur. Diese wird in der Arbeitsgruppe **Scientific Computing** (Adam Podstawka) gewährleistet und steht sämtlichen Beschäftigten der DSMZ nach entsprechender



PD Dr. Markus Göker

Schulung zur Verfügung. Zur Zeit steht hierfür ein HPC Shared Memory Processing (SMP) System SGI UV2000 (8 Nodes, 128 CPU Kerne, 4TB RAM) zur Verfügung, welches vorwiegend für hochparallele Diversitätsabschätzungen mit hohem Arbeitsspeicherbedarf verwendet wird. Dieses SMP System wird durch zwei dedizierte Servercluster bestehend aus 36 Nodes, 20 TB RAM und 2.000 CPU Kernen ergänzt, beispielsweise um genügend Kapazitäten für die Analyse von Pacific Biosciences Sequenzdaten oder Hochdurchsatzamplikondaten zur Verfügung zu stellen. Sämtliche Arbeiten werden auf einem 4,5 Petabyte großen HPC Zentralspeicher durchgeführt. In der Arbeitsgruppe **Scientific Computing** wurde 2021 das Compute-Cluster um weitere 5 Knoten mit je 2TB RAM erweitert. Es wurde über de.NBI Drittmittel ein Bluray-Archiv beschafft und in Betrieb genommen, initial mit 500 TB Kapazität und zum Ende des Jahres um weitere 500TB auf insg. 1PB Kapazität erweitert. Parallel wurde ein Hochkapazitäts-Backupsystem mit 14x LTO9 Laufwerken und passend dazu insgesamt 450 LTO9 Bänder mit einer Gesamtkapazität von über 7PB beschafft und in Betrieb genommen. Innerhalb kürzester Zeit wurde die alte DMZ, welche im Helmholtz-Zentrum beheimatet war, aufgelöst und in eine neue DSMZ-eigene DMZ migriert. Dies lief in Zusammenarbeit mit der Projektgruppe ERP (**Arbeitsgruppe IT**). Ferner wurden durch Etablierung einer unabhängigen virtuellen Maschine inklusive Anbindung an das bisherige Workflow-System serverseitige Voraussetzungen zur Migration des Webshops geschaffen. Eine gemeinsame Virtualisierungsumgebung inklusive SSD-basierendem Storage für zentrale Ressourcen wie den Fileserver sowie HPC-spezifischen Ressourcen wie die Linux GUI/x2go Systeme wurde etabliert und in die Beschaffung gegeben. Durch die Konsolidierung der Serverressourcen in die Arbeitsgruppe **Scientific Computing** wurde die Anbindung der einzelnen Server-/Technikräume sowie des Kernnetzes mit dem Hintergrund eines komplett gemeinsam genutzten 100G Kernnetzes neu geplant. Die Lieferung und Installation der Komponenten steht noch aus.



Dr. Cathrin Spröer

HIGHLIGHTS

In der Arbeitsgruppe **Genomik und Transkriptomik** konnte 2021 die Dissertation von Isabel Schober eingereicht werden. Die Arbeit, die in enger Zusammenarbeit mit Beschäftigten der Arbeitsgruppe **Phylogenomik** sowie der Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** angefertigt wurde, gibt erstmalig detaillierte Erkenntnisse in die Mobilisierung und genomische Disruption durch Transpositionsereignisse in *Piscirickettsia salmonis*.

In der Arbeitsgruppe **Phylogenomik und Nomenklatur** konnte in Kooperation mit dem Joint-Genome-Forschungsinstitut (JGI, USA) der GGDC-Server, der zur genombasierten Artabgrenzung von Prokaryoten verwendet wird, im Rahmen einer neuen Pipeline zur Genomassemblierung aus Einzelzellsequenzierungsdaten von schlecht untersuchten und nicht kultivierbaren Eukaryoten etabliert werden. PD Dr. Markus Göker nimmt als Sekretär der *Judicial Commission* des *International Committee on Systematics of Prokaryotes* aktiv an der Interpretation und Revision des *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* teil. Die Originalartikel von TYGS und LPSN werden 2021 im *Web of Science* als *Highly Cited* gelistet und demzufolge PD Dr. Markus Göker und Dr. Jan Meier-Kolthoff als *Highly Cited Researchers* geführt.

Die Arbeitsgruppe **Eukaryotische Bioinformatik** entwickelt zurzeit in enger Kooperation mit der Abteilung **Menschliche und Tierische Zellkulturen** das Webtool *DSMZCellDive* für das LL-100 Panel. Neben vielen anderen gemeinsamen Projekten und Veröffentlichungen mit der Abteilung Menschliche und Tierische Zellkulturen ist der publizierte Beitrag zur SARS-CoV-2 Forschung in Zusammenarbeit mit dem Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung besonders hervorzuheben, um attraktive und geeignete Zelllinien für die aktuelle Corona-Forschung zu testen und zur Verfügung zu stellen.

Insbesondere über ihre etablierten wissenschaftlichen Datenbanken ist die DSMZ seit vielen Jahren auch in nationale und internationale Projekte eingebunden, die vorwiegend die Verbesserung der Vernetzung der Datenbestände zum Ziel haben (beispielsweise de.NBI, GFBio, GGBN, WDCM, CABRI, GBIF, NCBI, EMBL/EBI). In steigendem Maße wird die DSMZ dabei auch zum digitalen Servicepartner, der wertvolle Datenbestände langfristig zur Nutzbarkeit erhält und vernetzt.

Hervorzuheben ist dabei die Rolle der DSMZ in der Nationalen Forschungsdaten Infrastruktur (NFDI). Als sogenannter Co-Applikant ist die DSMZ zentral in den Konsortien *NFDI4Biodiversity* und *NFDI4Microbiota* eingebunden. Mit der umfassenden Daten-Expertise in den Bereichen Mikrobiologie, Biodiversität und Omics-Technologien, beteiligt sich die DSMZ an dem Aufbau der NFDI, in dem sie die Verfügbarkeit von Daten verbessert, die Ausbildung von Forschenden im Umgang mit Daten fördert und bestehende Wissenslücken durch den Aufbau neuer Datenbanken schließt.

HIGHLIGHTS

Mit der *Bacterial Diversity Metadatabase* (BacDive) betreibt die DSMZ die größte Metadatenbank für Prokaryoten weltweit. Diese bietet standardisierte Daten aus den Bereichen Taxonomie, Morphologie, Kultivierung, Stoffwechsel, Herkunft und Sequenzen. Im letzten Jahr konnte durch die Integration von Daten aus anderen Sammlungen (JCM, KCTC, UCCB) und der Literatur der bisher größte Datenzuwachs verzeichnet werden. Die Anzahl der Datenpunkte ist dabei um weitere 53% auf 1,75 Million gestiegen. BacDive

bietet inzwischen Informationen zu 89.545 Stämmen. Neben dem Zuwachs an Daten, wurde im letzten Jahr eine neue *Advanced search* entwickelt, die es Nutzenden erlaubt, in einfacher Weise komplexe Abfragen an die Datenbank zu erstellen. Mit 220.000 unterschiedlichen Nutzenden im Jahr 2021 ist die Besucherzahl auch das sechste Jahr in Folge stark gestiegen.

Darüber hinaus wurden Inhalt und Funktionalität des Typstammgenomservers TYGS weiter ausgebaut sowie die *List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature* wesentlich erweitert.

Richtungsweisend hinsichtlich des Sondertatbestands **DSMZ Digital Diversity** (2023) wurden die Datenbankaktivitäten nochmals deutlich gesteigert: Im Rahmen des mit der Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** durchgeführten DiASPora-Projektes (Leibniz SAW, ist seit Mai 2021 die Datenbank BacMedia verfügbar, in der Rezepte von allen mittlerweile über 3.200 etablierten Kulturmedien strukturell aufbereitet und standardisiert wurden. Standardisierte Mediendaten erlauben im weiteren Projektverlauf neue Methoden der Datenintegration und des maschinellen Lernens anzuwenden. BacMedia wurde mit der Schwesterdatenbank BacDive verlinkt, für die unter anderem ebenfalls im Zuge des DiASPora-Projektes, mehr als 50.000 Gensequenzen zu Stämmen in BacDive verknüpft wurden. Des Weiteren wurde die Schnittstelle für den programmatischen Zugriff (API) neu implementiert und auf ein modernes Login-System umgestellt. Dadurch können Nutzende mit demselben Account auf alle APIs der DSMZ zugreifen. Dies schließt ebenfalls die neue LPSN-API ein, die in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Phylogénomik und Nomenklatur** entwickelt wurde und ermöglicht die einfache Integration von zukünftigen Web-Services an der DSMZ.



Ciobanu D., Clum A., Ahrendt S., Andreopoulos W. B., Salamov A., Chan S., Quandt C. A., Foster B., **Meier-Kolthoff J. P.**, Tang Y. T., Schwientek P., Benny G. L., Smith M. E., Bauer D., Deshpande S., Barry K., Copeland A., Singer S. W., Woyke T., Grigoriev I. V., ... Cheng, J. F. (2021). A single-cell genomics pipeline for environmental microbial eukaryotes. *iScience*, 24(4), 102290.

Pommerenke C., Rand U., Uphoff C. C., Nagel S., Zaborski M., Hauer V., Kaufmann M., Meyer C., Denkmann S. A., Riese P., Eschke K., Kim Y., Safranko Z. M., Kurolt I. C., Markotic A., Cicin-Sain L., Steenpass L. (2021). Identification of cell lines CL-14, CL-40 and CAL-51 as suitable models for SARS-CoV-2 infection studies. *PloS one*, 16(8), e0255622.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



ADMINISTRATION

*Moderne Wissenschaftsadministration –
Verwaltungsdienstleistungen für die Wissenschaft*

Bettina Fischer





Exzellente Wissenschaft erfordert exzellente Administration. Der Auftrag der Verwaltung, öffentlich-rechtliche Vorgaben wie Wirtschaftlichkeitsgebote und Planbarkeit sicherzustellen, steht oftmals im Widerspruch zu der Erwartung des wissenschaftlichen Personals an einen reibungslosen Ablauf für den Forschungsprozess. Die Balance zwischen Anforderung und Machbarkeit gelingt in der DSMZ allerdings überaus gut. Die Beschäftigten des ausgesprochen schlank aufgestellten und sehr kompetenten Administrationsteams verstehen sich als Dienstleistende für die Wissenschaft und setzen dabei insbesondere auch auf persönliche Kommunikation. Gemeinsames Finden von Wegen und nicht das Verhindern von Bewegung sind dabei Leitziele.

HERAUSFORDERUNG CORONA-PANDEMIE

Die Pandemie hat die Administration neben den nicht weniger werdenden Anforderungen im allgemeinen Tagesgeschäft auch im Jahr 2021 sehr gefordert. Viele zusätzliche Dokumentationen und Statistiken waren zu erstellen, wie beispielsweise das Erfassen der Homeoffice- sowie Kinderbetreuungsmaßnahmen und Verdachtsfälle, ein wöchentliches Monitoring an den Gesellschafter die Einnahmesituation betreffend sowie auch die Teilnahme an KRITIS, einem Frühwarnsystem zum Schutz kritischer Infrastrukturen. Arbeiten im Homeoffice war zwar prinzipiell für die Beschäftigten in der Administration möglich und wurde zum Teil auch praktiziert, in vielen Prozessen hat sich jedoch gezeigt, dass es bis zur umfangreichen Digitalisierung der Verwaltung noch viele Schritte braucht. Da die räumliche Situation der Administration im DSMZ-Gebäude recht gut ist, waren die Beschäftigten daher weitestgehend vor Ort tätig und so ständige Ansprechpersonen für die an der DSMZ verbliebenen Beschäftigten, aber natürlich auch für Fragen der sich im Homeoffice befindenden Personen. Stillstand gab es an der DSMZ für die Administration zu keinem Zeitpunkt. So wurden beispielsweise von der Personalabteilung 34 Stellenausschreibungen veröffentlicht und damit neun mehr als im Vorjahr.

Ein innovatives Institut wie die DSMZ benötigt ein modernes Arbeitsumfeld und exzellente Arbeitsbedingungen. Verlässliche Rahmenbedingungen zur motivationsfördernden Arbeitszeitgestaltung wie flexible Arbeitszeiten ohne Kernzeiten, individuelle Teilzeitmodelle, verminderte Tagewochen und Homeoffice sind an der DSMZ fest etabliert. Im Frühjahr 2020 hat die DSMZ nach vorangegangenen erfolgreichem Dialogverfahren das Dauerzertifikat der berufundfamilie Service GmbH erhalten. Diese Auditierung trägt dem hohen Entwicklungsstand der langjährigen Zertifikatsträger Rechnung. Die DSMZ gehört jetzt zu den zertifizierten „VIP“-Unternehmen.

PERSONALIA

Seit 2016 bietet die DSMZ Ausbildung im IT-Bereich an. In 2021 ist die Anstellung von zwei Auszubildenden in den Bereichen Systemintegration und Anwendungsentwicklung erfolgt. In 2022 wird ein Auszubildender seine Prüfung abschließen; ihm wird im Nachgang zunächst ein befristeter Arbeitsvertrag von einem Jahr angeboten.

Chancengleichheit im Arbeitsleben ist ein elementarer Bestandteil der Personalentwicklung an der DSMZ, in der es darum geht, Bedingungen zu schaffen, unter denen alle Beschäftigten ihre Fähigkeiten voll entfalten können. Die Besetzung von Leitungspositionen mit Frauen stellt dabei einen besonderen Schwerpunkt dar. Aus diesem Grund ist der Frauenanteil in Leitungspositionen eines der wichtigsten Ziele im Bereich der Gleichstellungsarbeit. In Berufungsverhandlungen wird verstärkt angestrebt, Frauen für diese Positionen zu gewinnen. Auf der Ebene der Leitung hat die DSMZ mittlerweile ein ausgeglichenes Geschlechterverhältnis erreicht.

Zum Stichtag 31. Dezember 2021 waren an der DSMZ 198 Beschäftigte, davon 89 wissenschaftliche Beschäftigte (inklusive Promovierende und studentische Hilfskräfte), davon 45 Frauen und 44 Männer, tätig.

Eine nicht unerhebliche Herausforderung für die Personaladministration wird im kommenden Jahr die Umsetzung des voraussichtlich zum 01.01.2023 genehmigten Sondertatbestands durch die GWK mit 22,5 zusätzlichen Stellen sein.



WIRTSCHAFTLICHE SITUATION

Die wirtschaftliche Situation der DSMZ war im Haushaltsjahr 2021 überaus stabil. Bei den Einnahmen wurden neue Höchstwerte erreicht. Dies zeigt, dass sich die Kundschaft nach wie vor mit der DSMZ, insbesondere auch aufgrund des hohen Qualitätsstandards, identifiziert.

Auch in der Einwerbung von Drittmitteln war die DSMZ, die eine Infrastruktureinrichtung ist, in 2021 wiederum nachhaltig erfolgreich. Das Vorjahresergebnis konnte zwar nicht erreicht werden, hierbei ist aber relativierend zu berücksichtigen, dass in 2020 im Rahmen eines BMBF-geförderten Drittmittelprojekts erhebliche Investitionsmittel eingeworben wurden.

Die DSMZ hat in den vergangenen Jahren den in 2010 eingeleiteten Umstrukturierungsprozess erfolgreich umgesetzt und Alleinstellungsmerkmale ausgebaut. Dabei hat sich auch das Selbstverständnis der Administration von einer reinen Verwaltung der Vorgänge hin zu einem unterstützenden Wissenschaftsmanagement gewandelt – moderne Wissenschaftsadministration auf höchstem Niveau!

Dank des hohen Anspruchs an sich selbst hat das Administrationsteam in 2021 alle Aufgaben bewältigt, ist aber an seine Grenzen geraten, was sich insbesondere auch an den erheblichen Überstunden der Beschäftigten ablesen lässt. Um auch künftig auf diesem hohen Level bei gleichzeitig weiter zunehmenden Anforderungen an die Administration professionell agieren zu können, ist es unumgänglich, den Personalbestand sukzessive aufzustocken. In diesen Prozess werden dabei auch Überlegungen zu einer Modifizierung des mit dem Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung bestehenden Geschäftsbesorgungsvertrags einfließen. In einem ersten Schritt wurde im Herbst 2021 im Bereich Finanzen eine Entlastung durch die Einstellung eines zusätzlichen Controllers herbeigeführt. Zum Jahresende 2021 ist zudem die Ausschreibung für eine weitere Personalsachbearbeitung erfolgt, eine Besetzung wird im Frühjahr/Sommer 2022 erwartet. Für die Stellen des in den Bereichen Sales und Logistik sowie Finanzen in 2022 ausscheidenden langjährigen Personals konnten bereits erfolgreiche Nachbesetzungen erfolgen, so dass hier eine nahtlose Aufgabenerledigung gewährleistet ist.



Die Bewertung des Programms und seiner Programmbereiche sowie des Leistungsspektrums erfolgt mittels eines mehrschichtigen Evaluierungssystems auf zwei Ebenen:

INTERNE EVALUIERUNG

Das interne Controlling besteht aus vier Evaluierungsstufen:

	AUSFÜHRUNG	INSTRUMENT	ZEITRAUM
1	Unternehmens- leitung	Finanzcontrolling, Balanced Scoreboard	kontinuierlich (Quartals- und Jahresauswertungen)
2	Wissenschaftlicher Beirat	Berichtscontrolling, Vor-Ort-Besichtigungen	zweimal jährlich
3	Wissenschaftlicher Beirat	Audit zur Wissenschaftsqualität	im Ermessen des Beirats vollständige Evaluierung der gesamten Einrichtung in einer regulären Evaluierungs- periode von 7 Jahren
4	Qualitäts- management	Auditsystem	kontinuierlich

EXTERNE EVALUIERUNG

Zusätzlich findet ein Controlling im Rahmen einer übergeordneten Evaluierung statt.

	AUSFÜHRUNG	INSTRUMENT	ZEITRAUM
	Senat der Wissen- schaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL)	einrichtungsspezifische Begutachtung	mindestens einmal in 7 Jahren



BALANCED SCORECARD

Die Balanced Scorecard (BSC) bildet einen strategischen Handlungsrahmen für Management und Controlling. Besonderes Merkmal der BSC ist ihr integrativer Ansatz, der die wechselseitigen Abhängigkeiten von strategischer Planung, Strategievermittlung und Strategieimplementierung sowie der Zielkontrolle

berücksichtigt. Die BSC stellt nicht nur ein Controlling- sondern auch ein Operationalisierungstool dar, um die festgelegten Strukturziele des Programms und die Leistungsziele der Programmbereiche auf die Leistungsebenen zu kaskadieren.

DIE METHODIK DER BSC WIRD INSGESAMT GENUTZT, UM

- Struktur- und Programmziele zu definieren,
- ein Zielvereinbarungssystem aufzubauen,
- das Controlling zu unterstützen,
- Revisionen am Programmbudget transparent darzustellen und
- ein systematisches Berichtswesen zur Vorlage bei den Aufsichtsgremien sowie zur Vorbereitung der Evaluierungen weiterzuentwickeln.





STABSSTELLEN

WISSENSCHAFTLICHE REFERENTIN

PRESSE UND KOMMUNIKATION

COMPLIANCE- UND QUALITÄTSMANAGEMENT

EXPORTKONTROLLE

ARBEITSSICHERHEIT

WISSENSCHAFTLICHE REFERENTIN

Strategische Entwicklung der DSMZ



Die wissenschaftliche Referentin Dr. Amber Hartman-Scholz unterstützt den Wissenschaftlichen Direktor Prof. Dr. Jörg Overmann bei der innovativen Weiterentwicklung des Instituts in den Bereichen Internationalisierung, Strategie und Wissenschaftspolitik. Hierbei ist sie auf nationaler, europäischer und internationaler Ebene tätig. Sie arbeitet eng mit der Justiziarin der DSMZ sowie der Stabsstelle Presse und Kommunikation der DSMZ zusammen und ist federführend

im Bereich des Tätigkeitsspektrum der DSMZ als Registrierte Sammlung (EU-Regulation Nr. 511/2014; Nagoya-Protokoll) tätig. Aus aktuellem Anlass vernetzt die wissenschaftliche Referentin Institutionen, um auf politischer Ebene nachdrücklich nachvollziehbar zu machen, dass es für den Erhalt der Artenvielfalt notwendig ist, auch zukünftig digitale Sequenzinformationen – Stichwort OpenDSI – global frei verfügbar zu halten.

PRESSE UND KOMMUNIKATION

Globaler Wissenstransfer und interne Kommunikation



PhDr. Sven-David Müller



Dr. Manuela Schüngel

Die Stabsstelle Presse und Kommunikation ist für die Presse- und Öffentlichkeitsarbeit des Leibniz-Instituts verantwortlich. Sie führt die interne und die externe Kommunikation eigenständig durch und verantwortet diese im Rahmen des globalen Wissenstransfers. Im Bereich der externen Kommunikation ist die Stabsstelle vorrangig für die Presse- und Öffentlichkeitsarbeit (Public Relations) und Networking tätig. Dies beinhaltet unter anderem Führungen und Veranstaltungen wie den „Zukunftstag“ und Journalistenseminare. Auch die Repräsentation des Leibniz-Instituts DSMZ auf nationalen und internationalen Kongressen (beispielsweise DGHM, VAAM oder FEMS) fällt in den Aufgabenbereich der Stabsstelle. Sie verantwortet ebenfalls im Rahmen

des Reputationsmanagements die redaktionelle Gestaltung (inklusive Relaunch) der Website www.dsmz.de, der Social Media-Aktivitäten sowie der Printmedien. Die Stabsstelle entwickelt das Corporate Design, ist für dessen Einhaltung verantwortlich und für die Corporate Identity des Leibniz-Instituts DSMZ zuständig. Zum Aufgabenspektrum gehört außerdem die Redaktion des Pressespiegels und der Jahresberichte sowie die Erstellung von Materialien zur Imageförderung. Zur internen Kommunikation zählt insbesondere die Pflege des Intranets (inklusive Relaunch) und die Redaktion sowie Herausgabe des Institutsjournals *culture*, das mindestens viermal jährlich erscheint und in der Regel digital zur Verfügung gestellt wird.



COMPLIANCE UND QUALITÄTSMANAGEMENT

Qualität und Konformität braucht Management

Compliance wird als die Einhaltung von Gesetzen, Richtlinien, Normen und freiwilligen Kodizes verstanden. Im Rahmen der *Corporate Compliance* gewährleisten Unternehmen eine nachhaltige Regelkonformität und eine zuverlässige Steuerung der unterschiedlichen Anforderungen aus staatlichen Vorschriften und Richtlinien, Normen von Standardisierungsinstituten und Kodizes aus wirtschaftlichen und wissenschaftlichen Vereinigungen. *Compliance* erfordert, dass Abläufe in einem Unternehmen definiert und dokumentiert sind, kontrolliert und überwacht werden sowie Maßnahmen zur Einhaltung und kontinuierlichen Verbesserung ergriffen werden. Das auf Nachhaltigkeit, Schadensprävention und Risikokontrolle gerichtete *Compliance Management System* an der DSMZ folgt den

Grundprinzipien der ISO 19600, um dem Haus mit seiner breit gefächerten Ausrichtung eine umfassende und dennoch flexible Umsetzung zu ermöglichen.

Die DSMZ *Corporate Compliance* ist integrierter Bestandteil der Unternehmenskultur der DSMZ und damit Aufgabe sowie Verpflichtung jedes Beschäftigten. Von der Geschäftsführung und den Führungskräften wird erwartet, dass sie nicht nur „mit gutem Beispiel“ vorangehen, sondern auch sie die Verantwortung für die Etablierung und Aufrechterhaltung eines Managementsystems tragen. Die *Compliance*-Regeln werden in einem klaren Zielkatalog definiert, dessen Einhaltung durch ein Monitoring regelmäßig geprüft sowie bei Bedarf mit Maßnahmen verbessert und in den Gremien bestätigt wird.

DAS QUALITÄTSMANAGEMENT DER DSMZ BETRIFFT FOLGENDE BEREICHE:

- **Qualität:** die Gesamtheit von Eigenschaften und Merkmalen der biologischen Materialien mit ihren assoziierten Daten, der Services und Forschungsleitungen, die sich auf deren Erfüllung festgelegter oder vorausgesetzter Erfordernisse bezieht
- **Qualitätssicherung:** alle geplanten und systematischen Tätigkeiten, die innerhalb des QM-Systems verwirklicht sind und dargelegt werden, um angemessenes Vertrauen dafür zu schaffen, dass die Qualitätsanforderungen erfüllt werden
- **Qualitätsmanagement:** alle Führungstätigkeiten, welche die Qualitätspolitik, die Qualitätsziele und Verantwortungen festlegen, sowie diese durch Methoden wie Planung, Lenkung, Sicherung und Verbesserung im Rahmen des Qualitätsmanagement-Systems verwirklichen





Das Qualitätsmanagement der DSMZ ist für alle Abteilungen sowie für Forschungs- und Serviceaufgaben nach ISO 9001:2015 zertifiziert. Die Abteilung Pflanzenviren hält darüber hinaus eine Akkreditierung als Referenzmaterialhersteller nach ISO 17034:2018. Das Qualitätsmanagementsystem gestaltet eine Organisation mit transparenten Abläufen, um das Vertrauen in die Qualität der biologischen Ressourcen und Dienstleistungen sowie die internationale Anerkennung der DSMZ als biologisches Ressourcenzentrum weiterhin zu stärken, auszubauen sowie nachhaltig zu erhalten. In der zukünftigen Entwicklung wird sich das Qualitätsmanagement stärker an der internationalen Akkreditierungsnorm ISO 20387 orientieren, um ihre Position als Biobank zu stärken. Die Akkreditierung von Biobanken stellt eine freiwillige Kompetenzbewertung durch eine unabhängige Stelle dar. Sie umfasst die Annahme, Lagerung und Abgabe von biologischen Materialien und den dazugehörigen Daten sowie optional auch Entnahmemethoden, Methoden zur Prozesskontrolle sowie Konservierungsmethoden.

Zusätzlich stellt das integriert-ausgerichtete Managementsystem sicher, dass alle *Compliance*-Anforderungen sowie die Umsetzung der Arbeitssicherheitsrichtlinien im Rahmen der Zertifizierungen und Akkreditierungen ebenso erfüllt und nachhaltig gesichert werden.

Die DSMZ folgt in einzelnen Handlungsfeldern *nationalen und internationalen Kodizes*. Die Forschungsbereiche der DSMZ sind auf die Grundprinzipien guter wissenschaftlicher Praxis verpflichtet. In deren Zentrum stehen Wahrheitsfindung, Genauigkeit und Ehrlichkeit im Umgang mit Daten und Publikationen, Verlässlichkeit, freie wissenschaftliche Meinungsäußerung und ein offener Gedankenaustausch. Durch die Etablierung einer eigenen Richtlinie sowie Verfahrensanweisung sichert die DSMZ deren Einhaltung. Alle Arbeitsbereiche der DSMZ unterliegen im Bereich der Biosecurity dem Verhaltenskodex (*Code of Conduct*) zur Biosicherheit. Die DSMZ verpflichtet sich gemeinsam mit weiteren Leibniz-Einrichtungen auf einen verantwortungsvollen Umgang mit mikrobiologischen Ressourcen im Sinne der Biowaffenkonvention.



EXPORTKONTROLLE

Verantwortungsvolle Bereitstellung von Bioressourcen

Die Exportkontrolle verantwortet die Einhaltung der rechtlichen Vorschriften hinsichtlich Verkauf und Versand der an der DSMZ verfügbaren Bioressourcen und setzt die erforderlichen Risikoanalysen und betrieblichen Prozessabläufe um. Die Exportkontrolle bezieht sich auf das biologische Material, die empfangenden Länder sowie die empfangenden Institutionen und Einzelpersonen. Sämtliche Exporte von Bioressourcen müssen konform sein mit beispielsweise der Verordnung (EG) 428/2009 (EG-Dual-Use-Verordnung, geändert durch die Delegierte Verordnung (EG) 2019/2199) und durch die Neufassung (EG) 2021/821, dem Kriegswaffenkontrollgesetz (KrWaffKontrG, Ausführungsgesetz zu Artikel 26 Abs. 2 des Grundgesetzes), dem Außenwirtschaftsgesetz und der Außenwirtschaftsverordnung (AWG/AWV) sowie weiteren potentiellen Embargo-Vorschriften. Diese sind im Wesentlichen personen- und organisationsbezogene Sanktionslisten im Rahmen der weltweiten Terrorbekämpfung sowie der Umsetzung nationaler und internationaler Erfüllungsbeschränkungen oder Erfüllungsverbote. Anwendung finden die gesetzlichen Rahmenbedingungen der Exportkontrolle ebenfalls auf den Transfer von kritischem Know-how und assoziierten Daten der biologischen Ressourcen.

Die im September 2021 in Kraft getretene Neufassung der EU Dual-use-Verordnung 2021/821 (Amtsblatt der EU L 206/1) des Europäischen Parlaments wurde hinsichtlich DSMZ-relevanter Güterlisten geprüft (keine Änderungen). Im Zuge der Neufassung erschien zusätzlich die Empfehlung (EG) 2021/1700 der Kommission zu Internen Compliance Programmen für die Kontrolle von Forschung im Dual-use-Kontext und als Orientierungsrahmen für Forschungseinrichtungen und Compliance-Personal. Proliferationsrisiken müssen im Spannungsfeld der Dual-Use-Problematik zum Schutz der Allgemeinheit und der Friedenssicherung sowie zum Schutz der

DSMZ und ihren Bediensteten verhindert werden. Die Exportkontrolle ist über ein Compliance-Managementsystem für die Sensibilisierung der Bediensteten für Exportkontrollangelegenheiten und entsprechende innerbetriebliche Schulung verantwortlich. Sie verantwortet ebenfalls die Umsetzung des Leibniz-Verhaltenskodex für Biosicherheit.

Die jährliche Sitzung des Arbeitskreises "Abrüstung biologischer und chemischer Waffen" in Berlin fand in 2021 pandemiebedingt nicht statt. Auf die bereits bestehenden Initiativen zur Sensibilisierung für Compliance in der Wissenschaft hin und mit dem Ziel einer Neuauflage des Handbuchs Exportkontrolle und Academia fand im September 2021 eine Videokonferenz zum Thema Outreach to Academia statt. Das überarbeitete Handbuch wurde dabei vorgestellt. Einen besonders wichtigen Tagesordnungspunkt stellten die Internal Compliance Programme (ICPs) für Universitäten und Forschungseinrichtungen dar. Dazu konnte die DSMZ ihr bereits vollumfänglich bestehendes eigenes ICP zur Exportkontrolle als erfolgreiches Beispiel vorstellen und letztlich.

Die bundesweite Umfrage des Gemeinsamen Ausschusses von DFG und Leopoldina zu sicherheitsrelevanter Forschung und ethischen Aspekten wurde von der DSMZ im Dezember 2021 beantwortet. Ziel der Umfrage war, den Umsetzungsstand der Empfehlungen der DFG und Leopoldina aus 2014 zu ermitteln. Die Ergebnisse der Umfrage werden beim KEF-Forum am 25.04.2022 in Hamburg vorgestellt.

Dem im Juli 2021 von der DSMZ gestellten Antrag zur Ausfuhr von Cyanobakterien in Länder der OECD wurde seitens BAFA stattgegeben. Die DSMZ erarbeitet zur Umsetzung der Dokumentation der Zivilklauselprüfung im Rahmen solcher Exporte ein weiteres Dokument beziehungsweise eine Standardvorgehensweise.



Die Arbeitssicherheit ist verantwortlich für die Sicherheit am Arbeitsplatz. Dabei deckt sie alle Themenbereiche von der Abfallentsorgung über die Erste Hilfe bis zum Umweltschutz ab. Einmal jährlich werden alle Beschäftigten der DSMZ

umfassend in den Belangen der Arbeitssicherheit geschult. Die DSMZ wird im Bereich der Arbeitssicherheit von Andreas Conradi, Firma evers Arbeitsschutz GmbH betreut.





VERTRETUNG DER BESCHÄFTIGTEN

Das Kollegium spricht engagiert mit.

VERTRETUNG DER BESCHÄFTIGTEN

BETRIEBSRAT

Die Beschäftigten des Leibniz-Instituts DSMZ haben, zuletzt im Mai 2021, einen siebenköpfigen Betriebsrat gewählt. Dieses Gremium, das sich aus Vertretungen aller Arbeitsbereiche des Instituts bildet, wählt intern eine vorsitzende Person sowie deren Stellvertretung. Der Betriebsrat setzt sich für die Belange der Beschäftigten ein. Neben wöchentlichen Sitzungen wird er

regelmäßig im Wirtschaftsausschuss sowie im Monatsgespräch von der Geschäftsführung über aktuelle und geplante wirtschaftliche Entwicklungen informiert. Der Betriebsrat arbeitet eng mit der gewählten Vertretung der Schwerbehinderten, der Gleichstellungsbeauftragten und der Gesundheitsbeauftragten zusammen.

SCHWERBEHINDERTENVERTRETUNG

Die schwerbehinderten und gleichgestellten Beschäftigten des Leibniz-Instituts DSMZ haben im November 2018 die Vertrauensperson der Schwerbehinderten und eine weitere Stellvertretung gewählt. Die Schwerbehindertenvertretung fördert die Eingliederung schwerbehinderter und gleichgestellter Menschen in den Betrieb, vertritt ihre Interessen und steht ihnen beratend und helfend zur Seite.

Die Schwerbehindertenvertretung arbeitet eng mit dem Betriebsrat zusammen, sie berät den

Betriebsrat in seinen wöchentlichen Sitzungen und wird von der Geschäftsführung über alle Belange, die schwerbehinderte oder gleichgestellte Menschen berühren, unverzüglich und umfassend unterrichtet, damit sie darüber wachen kann, dass die zugunsten schwerbehinderter und gleichgestellter Menschen geltenden Gesetze eingehalten werden. Insbesondere bei Bewerbungen schwerbehinderter oder gleichgestellter Menschen beteiligt sich die Schwerbehindertenvertretung an den Bewerbungsverfahren.

PROMOVIERENDENVERTRETUNG

Die Promovierenden an der DSMZ organisieren sich in der sogenannten Promovierendenvertretung. Zwei gewählte Personen vertreten

die Interessen der Promovierenden sowohl im Hause als auch im Rahmen der Leibniz-Gemeinschaft (Leibniz PhD Network).

GLEICHSTELLUNG UND CHANCENGLEICHHEIT

Die Gleichstellungsarbeit an der DSMZ orientiert sich an dem „Leitfaden zur Chancengleichheit in der Leibniz-Gemeinschaft“ sowie dem Bundesgleichstellungsgesetz (BGleiG) und der Ausführungsvereinbarung Gleichstellung (AV-Glei). Letztere ist auch in der Betriebsvereinbarung über die Gleichstellung von Frauen und Männern an der DSMZ verankert. Die DSMZ hat zudem die *Charta der Vielfalt* unterzeichnet und bekennt sich damit zur Einbeziehung und Wertschätzung von allen Beschäftigten, unabhängig von Geschlecht, Nationalität, Alter, Behinderung, sexueller Orientierung, ethnischer Herkunft, Religion oder Weltanschauung.

Gemäß gesetzlichen Vorgaben (AV-Glei) besitzt die DSMZ seit 2013 einen Gleichstellungsplan. Der Gleichstellungsplan dient der Erreichung der Gesetzesziele und ist ein wesentliches Instrument der Personalplanung und hierbei insbesondere der Personalentwicklung. Die Besetzung von Leitungspositionen durch Frauen stellt an der DSMZ einen besonderen Schwerpunkt dar. Aus diesem Grund ist der Frauenanteil in Führungspositionen eines der wichtigsten Ziele im Bereich der Gleichstellungsarbeit. In 2021 wurde der Gleichstellungsplan überarbeitet (2. Fortschreibung) und gilt nun bis 2025.

GLEICHSTELLUNGSBEAUFTRAGTE

Die Gleichstellungsbeauftragte der DSMZ wird in alle Maßnahmen mit Gleichstellungsrelevanz eingebunden sowie bei allen Anliegen zur Vereinbarkeit von Beruf und Familie involviert. Die DSMZ trägt seit 2010 kontinuierlich das Zertifikat

der berufundfamilie Service GmbH, welches der DSMZ bescheinigt, dass eine familienbewusste Personalpolitik sowie Gleichstellungsstandards strategisch fest im Institut verankert sind.







ANHANG

AUFSICHTSRAT

VORSITZENDER

MR Dr. David Schnieders
Ministerium für Wissenschaft und Kultur,
Niedersachsen

STELLVERTR. VORSITZENDE

MinR'in Andrea Noske
Bundesministerium für Bildung und Forschung

MITGLIEDER

RD'in Jana Miksch
Niedersächsisches Finanzministerium

Prof. Dr. Iris Pigeot
Leibniz-Institut für Präventionsforschung und
Epidemiologie

Prof. Dr. Hauke Harms
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung

WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT

VORSITZENDER

Prof. Dr. Dieter Jahn
Technische Universität Braunschweig

MITGLIEDER

Prof. Dr. Michael Steinert
Technische Universität Braunschweig

Prof. Dr. James Prosser
University of Aberdeen, Schottland, Großbritannien

Prof. Dr. Paul De Vos
University of Gent, Belgien

Prof. Dr. Christina Wege
Universität Stuttgart

Prof. Dr. Petra Dersch
Westfälische Wilhelms-Universität Münster

Prof. Dr. Beate Rinner
Medical University of Graz, Österreich

Prof. Dr. Elizabeth Wellington
University of Warwick, Großbritannien

BESCHÄFTIGTE DER DSMZ



BESCHÄFTIGTE

Anzahl der Beschäftigten im Berichtszeitraum

2020

2021

wissenschaftliches Personal

88

89

nicht-wissenschaftliches
Personal

104

109

Frauen, insgesamt

137

138

Männer, insgesamt

54

59

Divers, insgesamt

1

1

Promovierende

9

12

Auszubildende

1

3

STELLEN GESAMT

192

198



PUBLIKATIONEN UND GUTACHTERTÄTIGKEITEN

PUBLIKATIONEN

Anzahl der Publikationen im Berichtszeitraum

2020

2021



Monographie

0

0

Abstract

0

0

Buchkapitel

11

10

Bucheditierung

0

0

Non-Refereed Publikation

2

8

Refereed Publikation

169

131

PUBLIKATIONEN GESAMT

182

149

GUTACHTERTÄTIGKEITEN

2020

2021



Anzahl der Gutachtertätigkeiten von DSMZ Beschäftigten. Gemeint sind Gutachten und Expertisen zur wissenschaftlichen Beratung von Politik, Wirtschaft, Verbänden etc.

13

10

Reviews

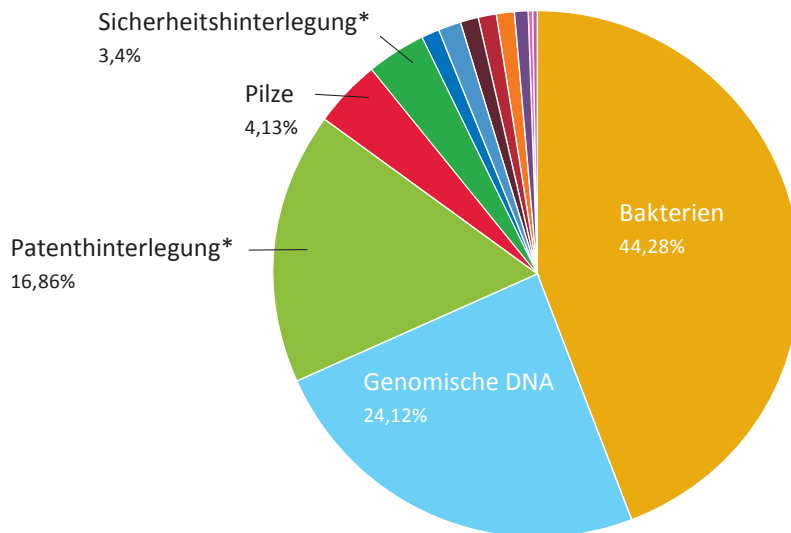
172

171

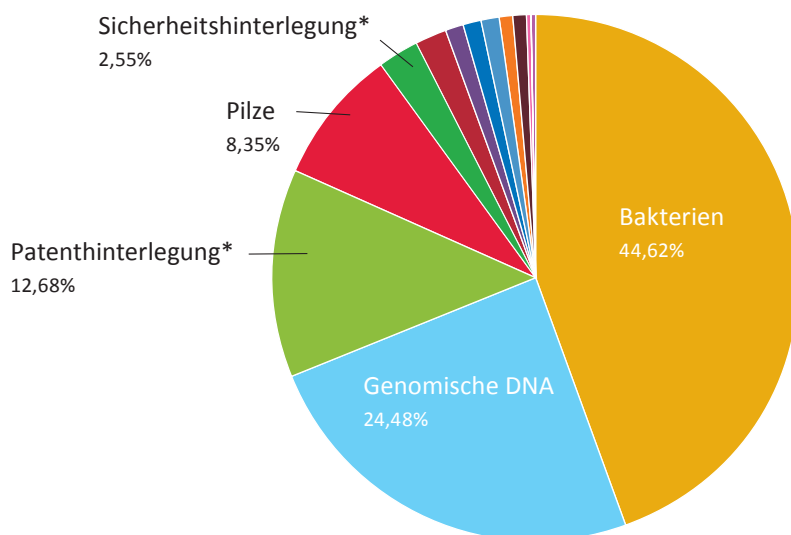
SAMMLUNG UND ENTWICKLUNG DES SAMMLUNGSBESTANDS

BIORESSOURCEN AN DER DSMZ		2021	
Anzahl der an der DSMZ vorhandenen Bioressourcen. Nicht alle Bioressourcen sind in der öffentlichen Sammlung hinterlegt.		VERFÜGBARE BIORESSOURCEN	SAMMLUNG GESAMT
	Bakterien	26.552	35.576
	Archaea	611	735
	Pilze	2.477	6.656
	Hefen	652	1.440
	Humane Zellkulturen	684	684
	Tierische Zellkulturen	199	199
	Pflanzliche Zellkulturen	41	41
	Phagen	557	1.074
	Algen	0	80
	Pflanzenviren	831	831
	Antisera	755	755
	Genomische DNA	14.462	19.520
	Patenthinterlegung*	10.107	10.107
	Sicherheitshinterlegung*	2.036	2.036
	Σ	59.964	79.734

VERFÜGBARE BIORESSOURCEN



SAMMLUNG GESAMT

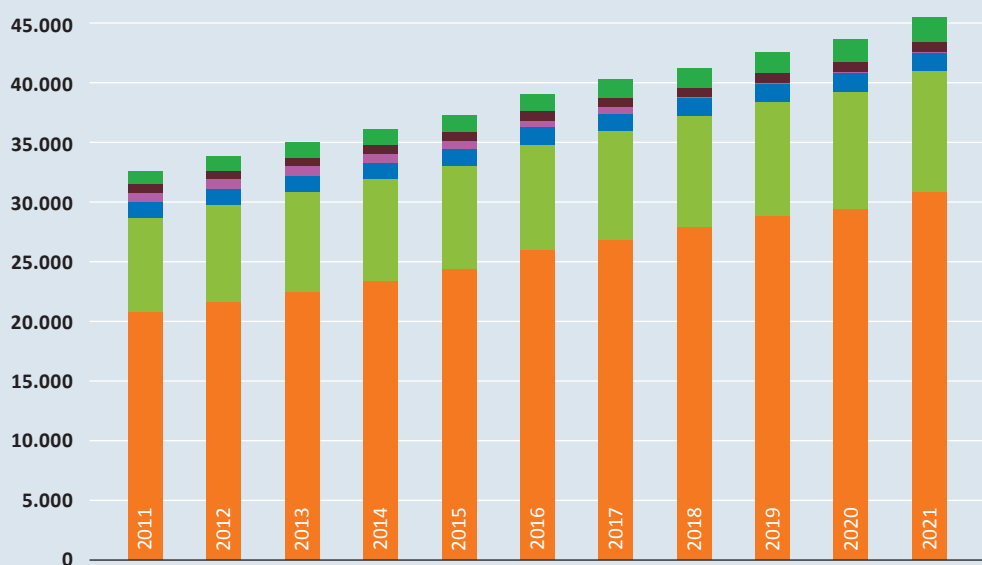


*Bioressourcen bei Patent- und Sicherheitshinterlegungen sind nur für den entsprechenden Hinterleger verfügbar

ENTWICKLUNG SAMMLUNGSBESTAND

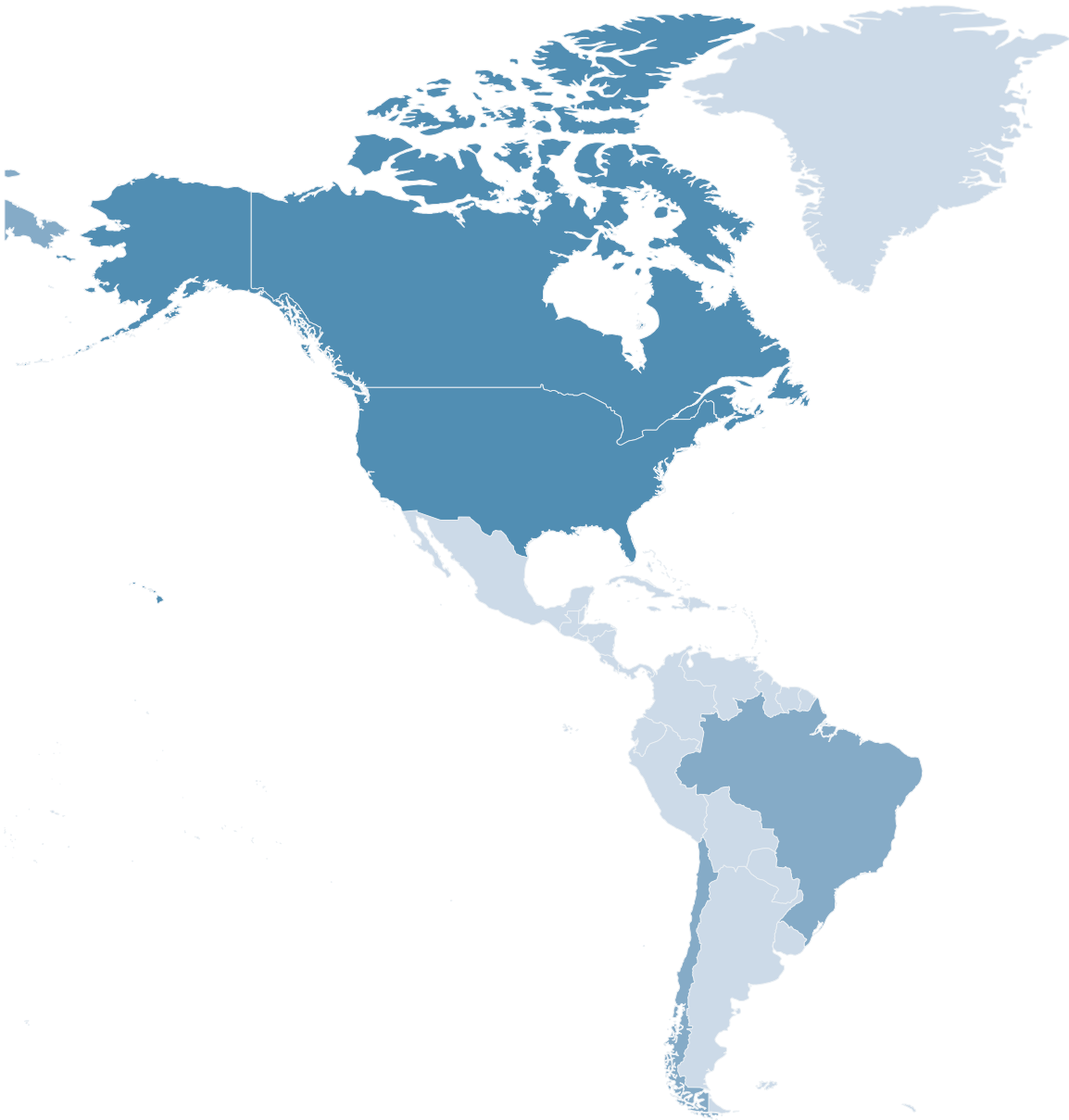
ENTWICKLUNG SAMMLUNGSBESTAND						
Jahr	Mikro- Organismen	Patente	Pflanzenviren	Pflanzliche Zellkulturen	Menschliche und tierische Zellkulturen	Sicherheits- Hinterlegung
2011	20.737	7.897	1.348	772	715	1.172
2012	21.550	8.173	1.374	778	732	1.216
2013	22.456	8.346	1.388	774	752	1.297
2014	23.380	8.510	1.409	681	763	1.360
2015	24.352	8.656	1.416	665	777	1.389
2016	25.924	8.878	1.432	580	792	1.431
2017	26.789	9.124	1.451	576	805	1.512
2018	27.896	9.301	1.519	47	827	1.660
2019	28.757	9.629	1.538	41	845	1.730
2020	29.410	9.841	1.554	41	861	1.946
2021	30.849	10.107	1.586	41	883	2.026

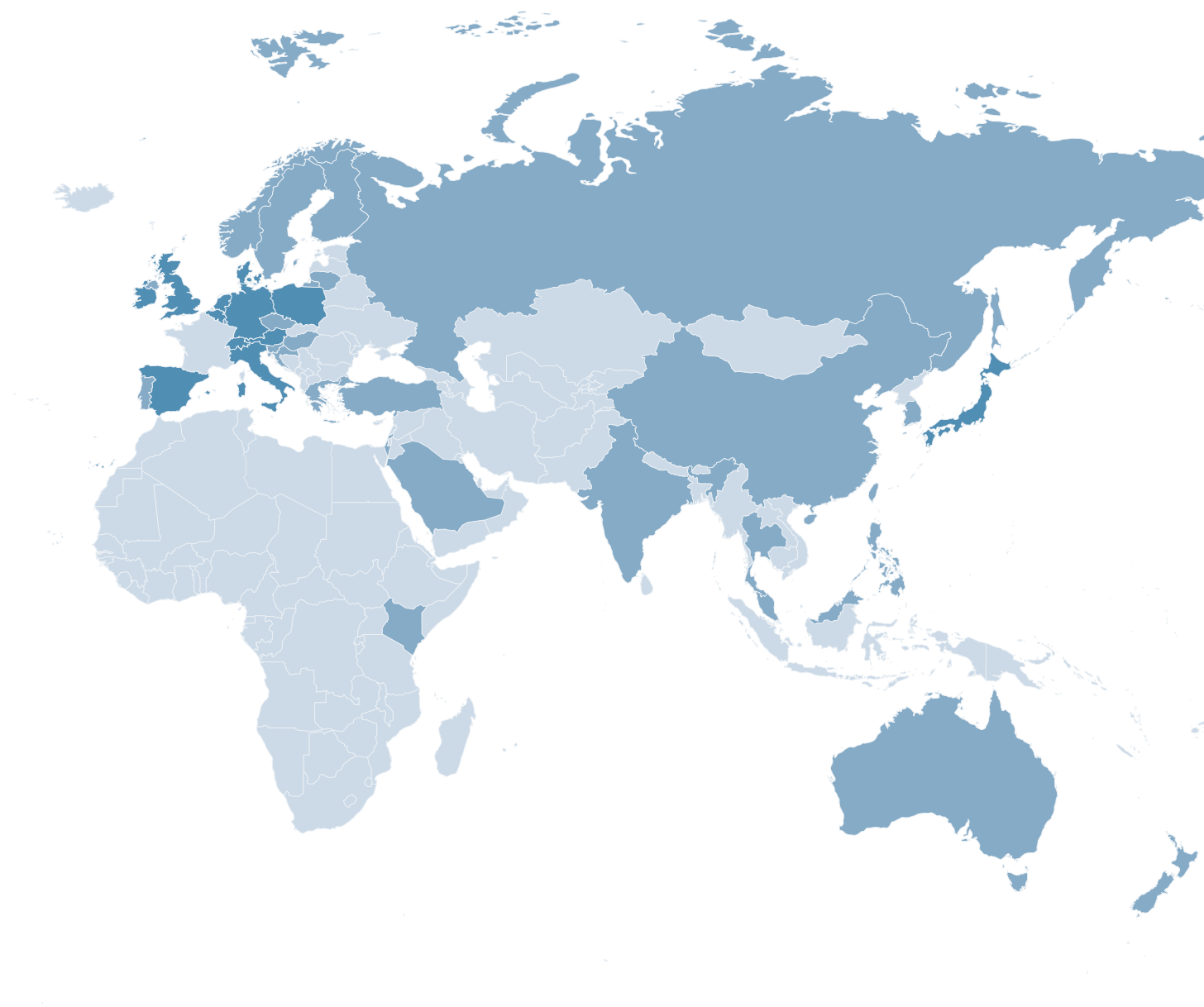
DARSTELLUNG DER KONTINUIERLICHEN ZUWACHSENTWICKLUNG DER DSMZ-SAMMLUNGSBESTÄNDE





MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN FÜR DIE WELT – KUNDEN DER DSMZ





	Länder mit hohem Umsatz
	Länder mit mittlerem Umsatz
	Länder mit niedrigem Umsatz

ZAHLEN, DATEN, FAKTEN

Forschende aus 89 Ländern beziehen Bioressourcen bei der DSMZ in Braunschweig



VERKAUF VON BIORESSOURCEN UND INFRASTRUKTUR-SERVICES

Übersicht der Ertragssituation im Berichtszeitraum

2020

2021

Erträge

6.225.540,94 €

6.657.339,05 €

Anzahl aktive Kunden

3.788

4.102

Anzahl Länder

85

89

Verkauf von Bioressourcen

40.712

43.902



BESTELLSTATISTIKEN

Summe der bestellten Bioressourcen, getrennt nach In- und Ausland

2020

2021

DEUTSCHLAND

Non-Profit

5.345

5.824

Schulen

162

124

Profit

8.379

8.455

AUSLAND

Non-Profit

12.979

14.047

Profit

13.847

15.452

GESAMT

40.712

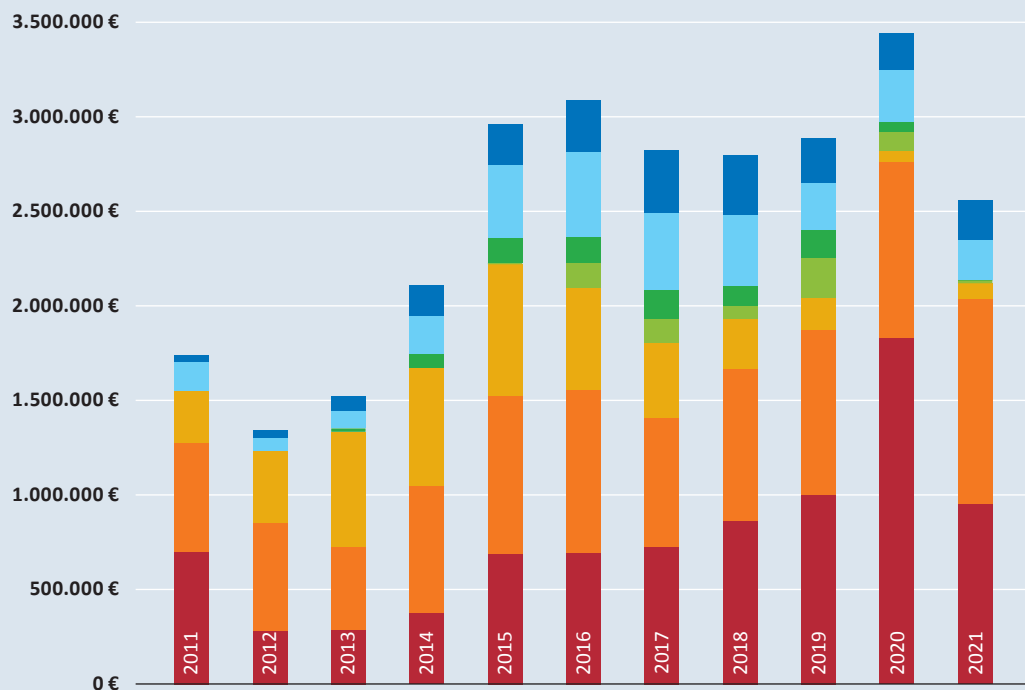
43.902

ENTWICKLUNG DER ABGERECHNETEN DRITTMITTEL



	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
BUND	700.695,39 €	284.308,43 €	289.080,53 €	380.174,41 €	691.407,88 €	693.724,59 €	725.144,99 €	865.602,44 €	1.000.303,76 €	1.834.987,45 €	957.034,07 €
DFG	578.060,85 €	572.859,17 €	439.111,35 €	669.113,53 €	835.249,02 €	867.292,65 €	687.595,91 €	805.062,17 €	877.931,07 €	929.992,96 €	1.081.465,44 €
EU	273.375,83 €	378.049,77 €	607.866,34 €	625.153,46 €	695.428,38 €	534.393,25 €	393.932,52 €	262.981,37 €	169.600,70 €	57.447,06 €	83.160,45 €
Industrie	–	–	–	–	7.822,24 €	135.268,93 €	130.107,55 €	66.393,21 €	207.286,47 €	98.842,72 €	17.271,29 €
Land	–	–	17.743,92 €	73.878,74 €	132.276,50 €	138.858,92 €	149.327,86 €	110.457,54 €	146.867,16 €	54.966,01 €	378,24 €
Sonstige	151.605,57 €	70.297,79 €	168.934,58 €	202.090,28 €	384.798,88 €	445.689,95 €	407.618,73 €	372.983,21 €	251.924,40 €	277.145,25 €	211.174,75 €
Leibniz	36.901,22 €	39.488,35 €	74.483,05 €	160.736,34 €	215.429,50 €	272.299,44 €	329.881,39 €	315.166,58 €	233.994,46 €	191.663,11 €	209.561,32 €
Gesamt- ergebnis	1.740.738,86 €	1.345.003,51 €	1.596.319,77 €	2.111.146,76 €	2.962.412,40 €	3.087.527,73 €	2.823.608,95 €	2.798.646,52 €	2.887.908,02 €	3.445.044,56 €	2.560.045,56 €

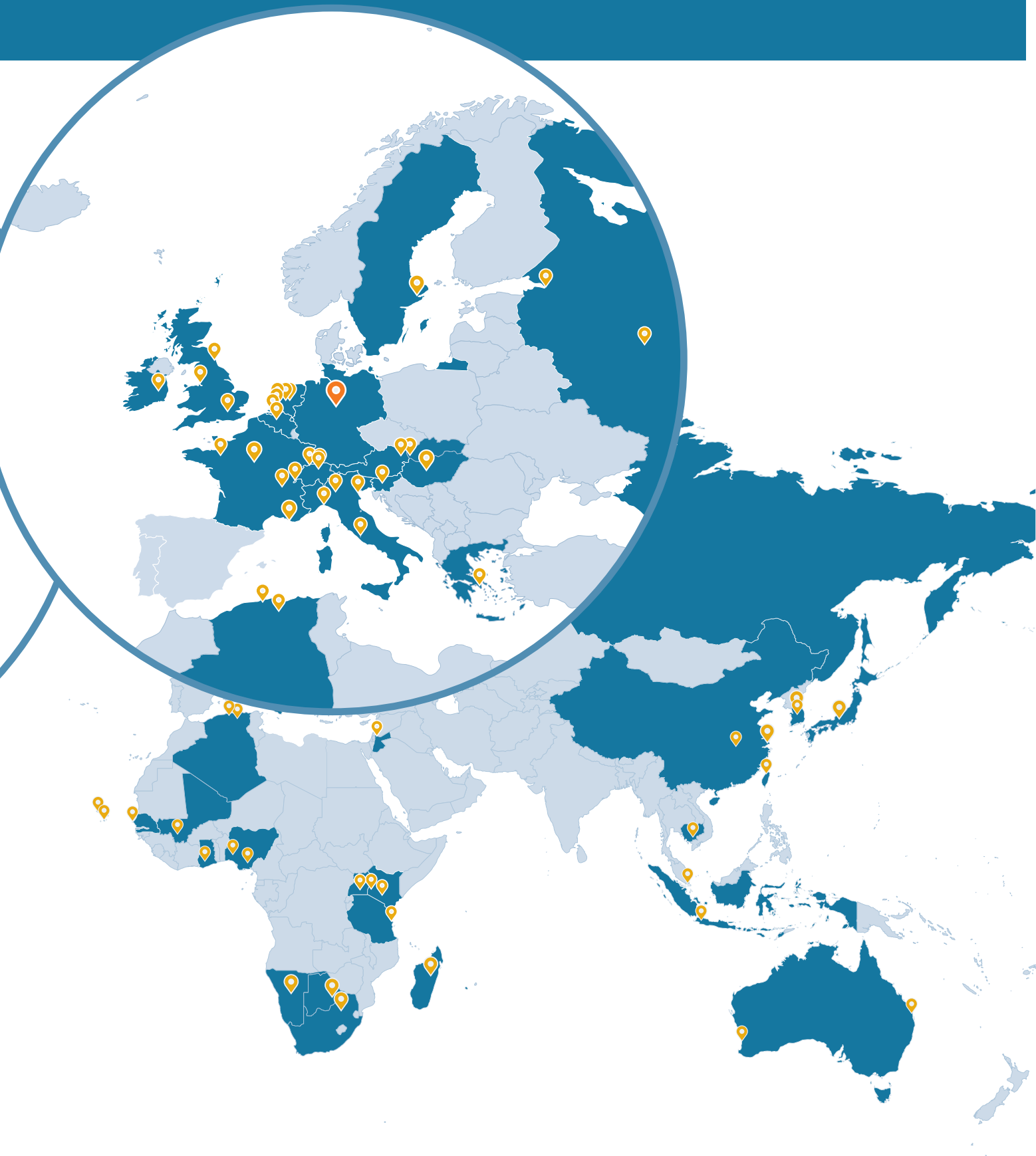
DARSTELLUNG DER EINGEWORBENEN DRITTMITTEL



STANDORT DSMZ UND AKTUELLE FORSCHUNGSPARTNER IN DEUTSCHLAND, EUROPA UND DER WELT

Forschungspartner in 44 Ländern weltweit





STANDORTE DER DSMZ IN BRAUNSCHWEIG

BRICS
Braunschweig Integrated
Centre of Systems Biology

JULIUS KÜHN-INSTITUT

SCIENCE CAMPUS
BRAUNSCHWEIG-SÜD

SCIENCE CAMPUS
BRAUNSCHWEIG-SÜD

Z Leibniz-Institut DSMZ
Hauptgebäude

B2 Leibniz-Institut DSMZ | HZI
Gebäude B2

PF Pforte



IMPRESSUM

HERAUSGEBER



Leibniz-Institut
DSMZ-Deutsche Sammlung
von Mikroorganismen
und Zellkulturen GmbH

Inhoffenstraße 7 B
38124 Braunschweig
Deutschland

Telefon +49 531 2616-0
Fax +49 531 2616-418

E-Mail press@dsmz.de
Web www.dsmz.de

Amtsgericht Braunschweig HRB 2570

Die DSMZ ist Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft.

GESCHÄFTSFÜHRUNG
Prof. Dr. Jörg Overmann
Bettina Fischer

VORSITZENDER DES AUFSICHTSRATS
MR Dr. David Schnieders

REDAKTION

PhDr. Sven-David Müller, Leiter der Stabsstelle
Presse und Kommunikation (VISPR)
Dr. Manuela Schüngel, Referentin Presse und
Kommunikation
Isabell Hann, Nina Piede und
Sarah-Sophie Kirchhoff, Redaktionssupport

FOTOS

DSMZ Fotoarchiv
mapz.com
pexels.com

GRAFIK UND DESIGN

Jonathan Stolze
www.jonathanstolze.de

Stand: 18.08.2022



Mitglied der

Leibniz
Leibniz
Gemeinschaft

