



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

home of more than 83,000 biological resources

JAHRESBERICHT 2022

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 Lesende, sehr geehrte Interessenten,

die Corona-Pandemie hat auch das Jahr 2022 durch vielfältige Ein- und Beschränkungen beeinflusst. Wir haben uns den Notwendigkeiten angepasst und unser Aufgabenspektrum als Forschungsinfrastruktur gut erfüllt. Im Vergleich zum Vorjahr war die Tätigkeit des Leibniz-Instituts DSMZ durch SARS-CoV-2 weniger verändert und die Betriebsabläufe unserer Forschungsinfrastruktur konnten gut aufrechterhalten und teilweise sogar gesteigert werden. Erfreulicherweise blieb die Nachfrage nach Bioressourcen, Services und wissenschaftlichen Expertisen auf einem ausgesprochen hohen Niveau. Das macht deutlich, dass Forschungsinfrastrukturen wie das Leibniz-Institut DSMZ auch und besonders in Krisenzeiten systemrelevant für die globale Wissenschaft sind.

Die DSMZ ist die vielfältigste Bioressourcensammlung weltweit. Im Jahr 2022 überstieg die Anzahl der Kulturen sowie Biomaterialien bei der DSMZ erstmalig die Zahl von 83.000. Neben der kontinuierlichen Erweiterung der Bioressourcensammlung lag unser Arbeitsschwerpunkt im vergangenen Jahr auf der Vorbereitung der Etablierung eines neuartigen digitalen Angebots, der „DSMZ Digital Diversity“. Damit ab dem ersten Januar 2023 die Arbeit an diesem Sonderatbestand beginnen kann, wurden vielfältige Planungsarbeiten durchgeführt. Dazu gehörte insbesondere die Personalfindung. Im Rahmen des Sonderatbestands stoßen Forschende der Datenbanken BRENDA (BRAunschweig ENzyme Database) und SILVA zu unserem Bioinformatik-Team hinzu. Gemeinsam wird das Team, bestehend aus 22 Expertinnen und Experten, die Datenplattform DSMZ Digital Diversity mit elf verschiedenen Datenbanken aufbauen und vernetzen.

Ihr Prof. Dr. Jörg Overmann
Wissenschaftlicher Direktor

Vom 28. bis 30. September waren wir Gastgeber der Jahrestagung der European Culture Collections' Organisation (ECCO). Unter dem Titel „New Horizons in Accessing Microbial Diversity“ nahmen rund 120 Teilnehmende aus 19 Ländern am Kongress teil.

Mit dem Leibniz-Institut DSMZ erhielt erstmalig ein wissenschaftliches Institut in Deutschland die GMP-Zertifizierung zur Identitätsprüfung von Bakteriophagen-Prüfpräparaten zur Anwendung am Menschen gemäß § 64 Absatz 3f Arzneimittelgesetz. Im Sommer 2022 wurde die GMP (Good Manufacturing Practice) Inspektion des Arbeitsbereichs „DNA und Sequenzierung“ erfolgreich abgeschlossen. Damit erhält der Bereich für den Prozessumfang DNA-Isolation, Library-Herstellung, Sequenzierung und bioinformatische Auswertung von Bakteriophagen GMP-Zertifikat gemäß Arzneimittelgesetz. Das ist einzigartig in Deutschland und selbst in Europa und weltweit gibt es nicht viele Institutionen, die diese Zertifizierung erreicht haben.

Mit der Gründung der Querschnittsabteilung Science Policy und Internationalisierung Ende 2022 hat sich das Leibniz-Institut DSMZ auch in diesem Bereich bestens für die Zukunft aufgestellt. Wir freuen uns, Sie mit unserem Jahresbericht umfangreich zu informieren und wünschen Ihnen eine aufschlussreiche Lektüre. Wir freuen uns über Ihr Interesse am Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen und danken für die gute Zusammenarbeit.

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 2022	12
Sammlungsabteilung Mikroorganismen	14
Sammlungsabteilung Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung	23
Sammlungsabteilung Menschliche und Tierische Zellkulturen	31
Sammlungsabteilung Pflanzenviren	42
Services	49
Patent- und Sicherheitshinterlegung	54
Forschungsabteilung Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung	57
Forschungseinheit Mikrobielle Genomforschung	65
Unabhängige Nachwuchsgruppen	68
Abteilung Bioinformatik und Datenbanken	72
Science Policy & Internationalisierung	77
Administration	81
Controlling	84
Stabsstellen	86
Vertretung der Beschäftigten	92
Anhang	96
Gremien	97
Beschäftigte der DSMZ	98
Publikationen und Gutachtertätigkeiten	99
Sammlung und Entwicklung des Sammlungsbestands	100
Mikroorganismen und Zellkulturen für die Welt – Kunden der DSMZ	104
Zahlen, Daten, Fakten	106
Standort DSMZ und aktuelle Forschungspartner in Deutschland, Europa und der Welt	108
Standorte der DSMZ in Braunschweig	110

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 und eine der größten Bioressourcen-Sammlung. Im Jahr 2022 wurde die Abteilung **Science Policy und Internationalisierung** etabliert.

Rund 40.000 Bioressourcen werden jährlich vom Leibniz-Institut DSMZ an mehr als 4.000 Kunden in mindestens 85 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

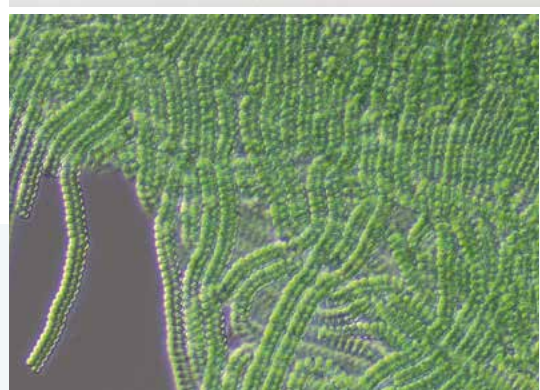
Deutschland ist die DSMZ die einzige Hinterlegungsstelle für Biomaterialien. Der seit dem Jahr 2011 bestehende Online-Shop vereinfacht den Zugang zu den verfügbaren Bioressourcen für legitimierte Kunden. Im Jahr 2018 wurde das Leibniz-Institut DSMZ als weltweit erste registrierte Sammlung nach EU-Richtlinie 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 Mikrobebank* 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 einzigem Gesellschafter.

1990

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

1992

Beginn der Überführung von **IMET-Patentstämmen** und ausgewählten Sammlungsstämmen: die IMET Kultursammlung 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

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.

2022

Die Zahl der bei der DSMZ hinterlegten Bioressourcen liegt bei über 84.000; Etablierung der Abteilung **Science Policy und Internationalisierung**.

ORGANIGRAMM



WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT Vorsitzender: Prof. Dr. Dieter Jahn

GESELLSCHAFT

Vorsitzender:
stellvertr. Vorsitzende

GESCHÄFTSLEITUNG

Wissenschaftlicher Direktor
Prof. Dr. Jörg Overmann

	MIKROBIELLE ÖKOLOGIE UND DIVERSITÄTSFORSCHUNG <i>Prof. Dr. Jörg Overmann</i>	MIKROBIELLE GENOMFORSCHUNG <i>Prof. Dr. Ulrich Nübel</i>	UNABHÄNGIGE NACHWUCHSGRUPPEN	MIKROORGANISMEN <i>Prof. Dr. Michael Pester</i>	BIOINFORMATIK UND DATENBANKEN <i>Prof. Dr. Boyke Bunk</i>
SYSTEMATIK & EVOLUTION	Bakterielle Populationsgenomik und Diversifizierung <i>Prof. Dr. Jörn Petersen</i>	Molekulare Epidemiologie <i>Prof. Dr. Ulrich Nübel</i>		Gram-positive Bakterien <i>Dr. Rüdiger Pukall</i> Gram-negative Bakterien <i>Dr. Richard Hahnke</i> Halophile und phototrophe Bakterien <i>Dr. Vera Thiel</i> Archaea und extremophile Bakterien <i>Dr. Stefan Spring</i>	Pilze <i>Dr. J. J. ...</i> Pha <i>Dr. J. ...</i>
FUNKTIONELLE DIVERSITÄT	Schlüsselfunktionen bakterieller Gemeinschaften <i>Dr. Johannes Sikorski</i>	Genomik der Wirkstoffsynthese <i>Prof. Dr. Ulrich Nübel</i>	Mikrobielle Biotechnologie <i>Dr. Başak Öztürk</i>	Geomikrobiologie <i>Prof. Dr. Michael Pester</i> Unterrepräsentierte Bakterienphyla <i>Dr. Katharina Huber-Fischer</i> Cyanobakterien und Protisten <i>Dr. Silke Pradella</i>	Pro <i>A</i> <i>D</i>
PATHOBIOLOGIE	Bakterielle Interaktion <i>Dr. Steven Brady Kuzyk</i>				Gesu <i>PD Dr.</i> Path <i>PD Dr.</i> Klini <i>geset</i> <i>Dr.</i>
SERVICES <i>PD Dr. Meina Neumann-Schaal</i>	Metabolomik <i>PD Dr. Meina Neumann-Schaal</i>		Chemische Analytik <i>Dr. Sarah Kirstein</i>	Mikrobiologische Analyse & Referenzmaterialien <i>Dr. Jacqueline Wolf</i>	
BIOINFORMATIK UND DATENBANKEN <i>Dr. Boyke Bunk</i>	Genomik und Transkriptomik <i>Dr. Boyke Bunk</i>		Phylogenomik <i>PD Dr. Markus Göker</i>	Biodiversitätsinformatik <i>N.N.</i>	
SCIENCE POLICY <i>Dr. Amber Hartman Scholz</i>	Science Policy und Internationalisierung <i>Dr. Amber Hartman Scholz</i>				



HAFTERVERSAMMLUNG

and Niedersachsen

AUFSICHTSRAT

MR Dr. David Schnieders, MWK
nde: N.N., BMBF

ÄFTSFÜHRUNG

Administrative Geschäftsführerin
Bettina Fischer

Betriebsrat, Gleichstellungsbeauftragte, Beauftragte für
Diversität, Schwerbehindertenvertretung und
Promovierendenvertretung

RESSOURCEN FÜR ÖKONOMIE UND NDHEITSFORSCHUNG	MENSCHLICHE UND TIERISCHE ZELLKULTUREN	PFLANZENVIREN
Prof. Dr. Yvonne Mast	Prof. Dr. Laura Steenpaß	Dr. Stephan Winter

und Pilzsystematik r. Andrey Yurkov	Zellbiologie Prof. Dr. Laura Steenpaß	Systematik Pflanzenviren Dr. Wulf Menzel
ngengenomik und -anwendung phannes Wittmann		

Angewandte Mikrobiologie f. Dr. Yvonne Mast		Molekulare Pflanzenvirologie Dr. Paolo Margaria
Actinomyceten r. Imen Nouioui		

ndheitsrelevante Pilze Christiane Baschien	Tumordiversität Dr. Hilmar Quentmeier	Resistenzmechanismen Dr. Stephan Winter
ogene Bakterien Dr. Sabine Gronow	Tumorbiologie Dr. Sonja Eberth	
ische Phagen und tztliche Regulation Christine Rohde	Funktionelle Tumorgenomik N.N	
	Molekulare Genetik Dr. Stefan Nagel	

ytik n	Virusdiagnostik Dr. Cord Uphoff Genotypisierung Dr. Wilhelm Dirks Dr. Klaus Steube	Diagnostik Pflanzenviren Dr. Dennis Knierim
-----------	--	---

Bioinformatik Eukaryonten Dr. Claudia Pommerenke	DNA und Sequenzierung Dr. Cathrin Spröer
--	---

STABSSTELLEN	ADMINISTRATION
Geschäftsführung	Bettina Fischer
Wissenschaftliche Referentin Dr. Amber Hartman Scholz	Personalwesen Regina Ligocki
Presse und Kommunikation PhDr. Sven-David Müller	Finanzwesen Anna Wittke
Compliance- und Qualitätsmanagement Helga Pomrenke, Dunja Martin - concept hannover	Controlling Markus Möller
Exportkontrolle Dr. Christine Rohde	Justizariat Dr. Hilke Püschner
Arbeitssicherheit Andreas Conradi, evers Arbeitsschutz GmbH	IT Daniel Rinninsland
	Customer Service, Sales und Logistik Bettina Fischer
Patent- und Sicherheits- hinterlegungen Dr. Felizitas Bajerski Dr. Kathrin Felsch	

SAMMLUNG UND FORSCHUNG IM JAHR 2022

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**

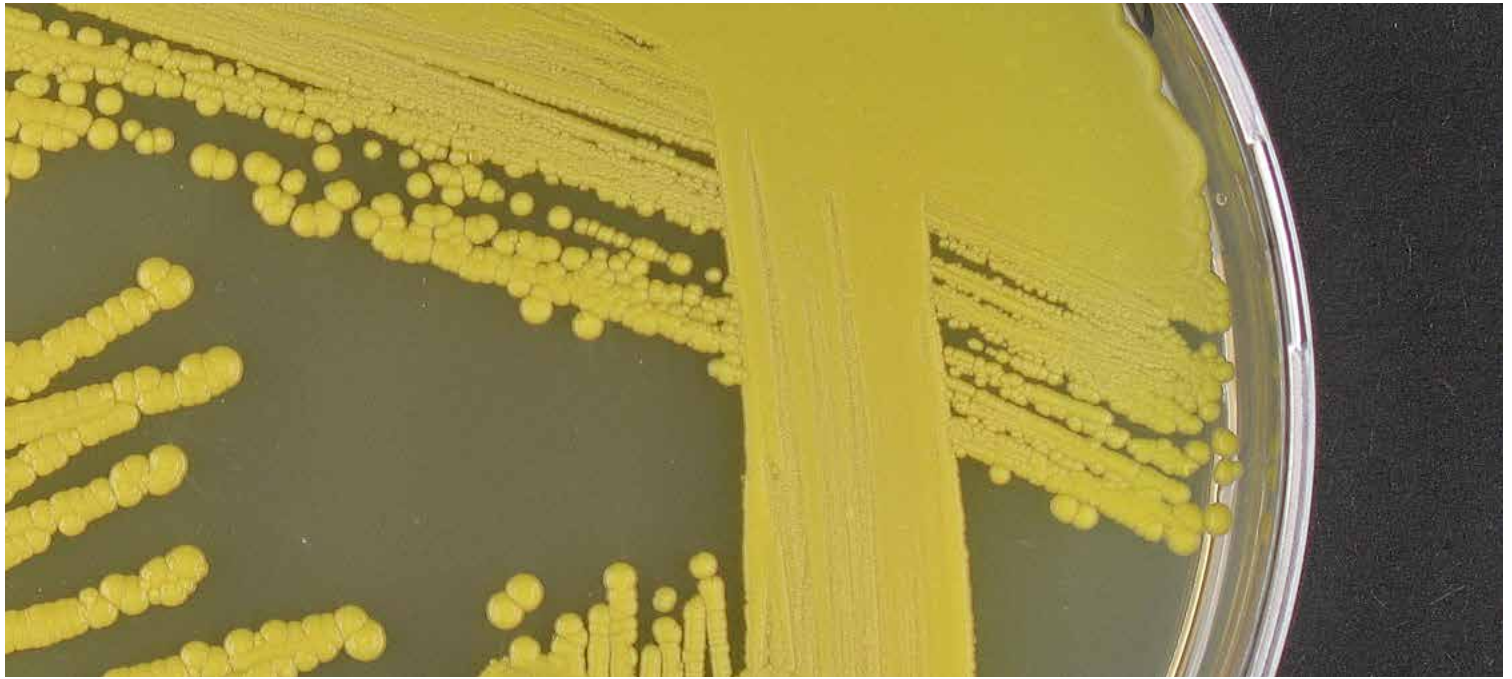
Aus diesen Themengebieten ergibt sich ein übergeordnetes Aufgabenspektrum, das sich in drei Programmbereiche gliedert:

- **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**
- **Querschnittsabteilung *Bioinformatik und Datenbanken***
- **Querschnittsabteilung *Science Policy und Internationalisierung***

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 oder sauren Schwefelquellen isoliert wurden. Diese Mikroorganismen stellen entsprechend hohe Anforderungen 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 waren bisher nur als PDF-Dateien verfügbar. Nach Anpassung der Rezepte an ein einheitliches Format stehen diese nun in der Datenbank *MediaDive* zur Verfügung. Alle Medien der Arbeitsgruppe liegen damit in digitaler Form vor und können, unterstützt durch computergestützte Vorhersagen, zur Entwicklung und Optimierung neuer Medien für bisher nicht kultivierte Mikroorganismen genutzt werden. Darüber hinaus gibt es intensive Forschungsaktivitäten, die sich auf die Isolierung und Charakterisierung von Mikroorganismen aus anoxischen Lebensräumen, wie hypersalinen

mikrobiellen Matten oder Faulschlamm, konzentrieren.

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 Formiatdehydrogenase (Fdh-N) gekoppelt ist.



CYANOBAKTERIEN UND PROTISTEN

Eine sehr alte Bakteriengruppe ist 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. An der Basis der Nahrungskette haben sie in den Ökosystemen auf Grund ihrer Photosyntheseleistung als Primärproduzenten eine essentielle Bedeutung. Viele Cyanobakterien sind in der Lage, Sekundärmetabolite zu produzieren. Während einige davon als zukünftige Arzneistoffe in Frage kommen, stellen andere gefährliche Toxine dar, die zum Beispiel in Trinkwasservorkommen problematisch sind, wenn es zur Massenentwicklung von toxischen Cyanobakterien kommt. Die Erforschung der Toxinbildung in Cyanobakterien sowie der Faktoren, die eine Vermehrung von toxinbildenden Arten in Trinkwasserreservoirs beeinflussen, stellt eine wichtige Zukunftsaufgabe dar.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Sammlung der Cyanobakterien an der DSMZ umfasst mehr als 900 Stämme aus verschiedenen Lebensräumen, die etwa 100 Gattungen repräsentieren. Darunter sind rund 360 marine und brackische Stämme aus der ehemaligen Sammlung von L. J. Stal (NIOZ, Niederlande) sowie 250 terrestrische und extremophile Stämme aus der Sammlung von B. Büdel (TU Kaiserslautern, Deutschland). Durch die Übernahme dieser Bestände 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 dieser Kulturen wird gearbeitet. Als besonders vielversprechend hat sich dabei die Metagenomsequenzierung von cyanobakteriellen Mischkulturen mittels der PacBioLong-Read-Technologie erwiesen. Die Arbeitsgruppe betreut zudem 130 ökologisch relevante Protistenkulturen (Diatomeen und Protozoa) und

ist die einzige Hinterlegungs- bzw. Bezugsquelle für Protozoa in Deutschland.

HIGHLIGHT

Im Sammlungsbereich Protisten hat die Arbeitsgruppe mit der Aufnahme der Stämme *Naegleria clarki* NL81, *Allovahlkampfia* sp. NL10 und NL28 sowie *Vahlkampfia bulbosis* CN7 eine neue Organismengruppe an der DSMZ etabliert. Bei den Stämmen - isoliert aus Böden - handelt es sich um heterotrophe, zystenbildende Amöben, die zur Gruppe der global verbreiteten *Heterolobosea* zählen. Bekanntester Vertreter ist die Frischwassermöbe *Naegleria fowleri*, die eine seltene, aber meist tödliche Entzündung des Gehirns und der Hirnhäute beim Menschen verursacht. Während Vertreter der Gattung *Naegleria* wegen ihres pathogenen Potentials gut untersucht sind, ist das Wissen über die Diversität und Phylogenie von Angehörigen anderer Gattungen, wie *Allovahlkampfia* und *Vahlkampfia*, bisher begrenzt. Im Rahmen des Sonderforschungsbereichs TR-SFB 51 „*Roseobacter*“ war die Kuratorin an der Publikation „*Volatiles of the apicomplexan alga Chromera velia and associated bacteria*“ beteiligt, die in *ChemBioChem* als „Very Important Paper“ veröffentlicht wurde.



Prof. Dr. Michael Pester

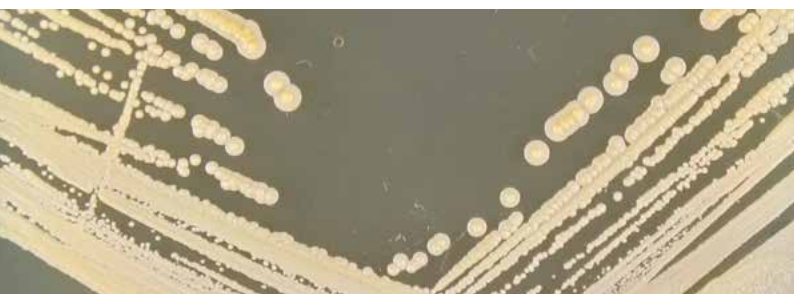
TÄTIGKEITSBEREICHE

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 Analyse mikrobieller Gemeinschaften in Süßwasserseen und Talsperren mit besonderem Fokus auf nitrifizierende Mikroorganismen, die Analyse nitrifizierender Mikroorganismen auf dem tibetischen Hochplateau, die Untersuchung von Nitrifizierer-infizierenden Viren, die Charakterisierung von sulfatreduzierenden Acidobakterien in Mooren, die Etablierung synthetischer Mikrobiome für die Bodenbiologie sowie die Analyse der tiefen Biosphäre in Süßwassersedimenten. Die Arbeitsgruppe ist ebenfalls stark in die Lehre von Bachelor- und Masterstudiengängen 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, der 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 Kuratorium 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* des Mikrobiologen Prof. Dr. Reichenbach.



HIGHLIGHTS

In der Arbeitsgruppe Gram-negative Bakterien wächst dank der positiven Rückmeldung und Begeisterung in der wissenschaftlichen Gemeinschaft die Sammlung der Ammonium-oxidierenden Archaea. *Nitrosotalea devanattera* Nd1 (DSM 110862), *Nitrosotalea sinensis* Nd2 (DSM 110863), *Nitrososphaera viennensis* EN76T (DSM 26422T), *Nitrosopumilus adriaticus* NF5 (DSM 106890), *Nitrosopumilus piranensis* D3C (DSM 106147) und *Nitrosocosmicus franklandicus* C13 (DSM 110861) können der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden. Gemeinsam mit den Abteilungen **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung** und **Bioinformatik und Datenbanken** wurde die Phylogenie und die Diversität an Prophagen und biosynthetischen Gencluster von mehr als 800 Typstämmen aus der DSMZ im Phylum *Actinobacteria* erfolgreich publiziert.



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 Gram-positiven Bakterien aus den Taxa *Firmicutes* und *Actinobacteria*. Zudem stellt die Arbeitsgruppe Referenz- und Qualitätskontrollstämmen sowie Genomsequenzen vieler Typstämmen für spezifische Anwendungen in Industrie und Forschung zur Verfügung. Sie betreut derzeit rund 7.129 Bakterienstämme, wovon 5.742 im Online-Katalog der DSMZ gelistet sind. Bei den Abgaben steigt weiterhin die Nachfrage nach Darmbakterien. Untersuchungen zum Einfluss der Darmbakterien auf die Gesundheit des Menschen stehen hierbei oft im Vordergrund. Außerdem ist es uns nun gelungen, den Transfer der Stämme aus dem Hungate1000-Projekt von Neuseeland zur DSMZ zu initiieren. Das Hungate1000-Projekt liefert qualitativ hochwertige Referenzgenome für Hunderte von kultivierten Pansen-Mikrobenstämmen, die jetzt nach und nach an der DSMZ hinterlegt und der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden können.

Die Arbeitsgruppe betreut außerdem die von der Europäischen Raumfahrtbehörde (ESA) geförderte Stammsammlung von extremophilen Bakterien aus Reinräumen. In diesem Jahr wurden weitere 69 Isolate, die aus einem Reinraumkomplex im Rahmen der JUICE Mission isoliert worden sind, in

der Arbeitsgruppe charakterisiert. Hiervon wurde eine Auswahl von 20 Bakterienstämmen neu in die Sammlung aufgenommen. Die Stämme sind von zentraler Bedeutung, um Resistenzmechanismen und Anpassungsstrategien an extreme Bedingungen im Detail analysieren und verstehen zu können.

HIGHLIGHTS

Das Projekt zur Erweiterung der ESA-Stammsammlung ist thematisch dem Bereich „Planetary Protection“ zugeordnet. Die ESA-Raumsonde „Juice“ ist am 14. April 2022 vom europäischen Weltraumbahnhof Kourou in Richtung Jupiter gestartet und soll dessen Eismonde Kallisto, Europa und Ganymed umfliegen und diese erforschen. Der Reinraum in Kourou, in dem sich die Raumsonde befand, wird im März 2023 vom DLR (Arbeitsgruppe Rettberg) beprobt. Eine Auswahl der von Wischtuch und Luftkeimsammelproben angereicherten Bakterien-Isolate soll dann in die ESA-Sammlung aufgenommen werden.



HALOPHILE UND PHOTOTROPHE BAKTERIEN

Salzliebende und Bakterien mit anderen Vorlieben



Dr. Vera Thiel



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 DNA-Polymerase. Vertreter der Gattung *Gluconacetobacter* spielen eine Rolle in der Fermentation verschiedener Getränke wie Bionade und Kombucha und besitzen die Fähigkeit bakterielle Zellulose herzustellen. *Cupriavidus necator* weist großes Potential in verschiedenen Bereichen der Biotechnologie auf. Er kann aus Abfall, wie beispielsweise altem Frittierfett, Rohstoffe für die Produktion biologisch abbaubarer Kunststoffe herstellen und wurde kürzlich als potentieller „Game Changer“ im Kampf mit den globalen Herausforderungen des Klimawandels und der Plastikproblematik bezeichnet.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Sammlung umfasst eine breite Palette von ca. 3.500 im öffentlichen Katalog gelisteten Stämmen. Neben den halophilen und phototropen Organismen beinhaltet sie auch acidophile und alkaliphile, psychrophile und thermophile, aerobe und anaerobe, oligotrophe und autotrophe Mikroorganismen sowie die morphologisch ungewöhnlichen sogenannten knospenden Bakterien. Angesichts dieser Vielfalt erfordert die Sammlung die Verwendung mehrerer hundert verschiedener Nährmedien sowie ein breites Spektrum an Wissen. Die Sammlung enthält eine große Anzahl an Typstämmen (> 950), deren Genome innerhalb der GEBA-Projekte (*Genome Encyclopedia of the Bacteria and Archaea*) sequenziert und der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt wurden. Das Kuratorium besitzt ausgeprägte Expertise auf dem Fachgebiet der phototropen Bakterien, welches beispielsweise im *International Scientific Committee (ISC) of the International Symposium on Phototrophic Prokaryotes (ISPP)* einfließt. Das Kuratorium ist ebenfalls auf den Gebieten der Klassifikation und

Nomenklatur tätig, zum Beispiel bei Artbeschreibungen neuer (phototropher) Bakterien und Beiträgen zu dem Standardwerk auf dem Gebiet der Taxonomie von Mikroorganismen, *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*.

HIGHLIGHTS

Frau Dr. Vera Thiel leitete das Kuratorium zur Unterstützung der Vereinbarkeit von Beruf und Familie als Doppelspitze von November 2021 bis Juni 2022 in Zusammenarbeit mit Dr. Sarah Kirstein. Seit Juli 2022 hat Frau Dr. Thiel die alleinige Kuratoriumsleitung. Die wissenschaftliche Ausrichtung des Kuratoriums liegt nun auf der funktionalen Gruppe der anoxygenen phototropen Bakterien. Dazu gehören sowohl die Aufnahme und Isolierung neuartiger phototropher Bakterien als auch Studien zur Bakterieninteraktion in natürlichen Gemeinschaften beziehungsweise in kontrollierten Mischkulturen im Labor. Laufende Arbeiten beschäftigen sich unter anderem mit der Verbreitung phototropher grüner Schwefelbakterien in thermalen Habitaten. Forschungsarbeiten erfolgen in Zusammenarbeit mit internen sowie externen internationalen Kooperationspartnern.



Dr. Katharina Huber-Fischer

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 2.532 Stämme, von denen 1.901 im öffentlichen Katalog zugänglich sind. Neben der Bereitstellung von wissenschaftlich relevanten Mikroorganismen und den taxonomischen Arbeiten innerhalb des unterrepräsentierten Phylums *Acidobacteriota*, der *Acidimicrobiaceae*, *Solirubrobacteria* und der *Nitrosomonadales*, betreut die Arbeitsgruppenleitung 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 *Acidobacteriota* an Trockenheit und Genomvergleichsarbeiten innerhalb der *Acidobacteriota*.

HIGHLIGHTS

Zusammen mit der Arbeitsgruppe **Geomikrobiologie** konnten in einem Projekt drei neue *Acidobacteriota*-Stämme aus Moorbodenproben isoliert und charakterisiert werden. Im Rahmen des Special Research Topics „*Acidobacteriota – Towards Unraveling the Secrets of a Widespread, Though Enigmatic, Phylum*“ bei Frontiers, das die Arbeitsgruppen **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** und **Geomikrobiologie** mit weiteren externen *Acidobacteriota*-Forschenden editieren, wurden sechs Studien erfolgreich veröffentlicht. An zweien dieser Veröffentlichungen war die Leitung der Arbeitsgruppe **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** als Co-Autorin beziehungsweise als Erstautorin beteiligt. Zusammen mit der Arbeitsgruppe **Gram-negative Bakterien** verwaltet die Arbeitsgruppe **Unterrepräsentierte Bakterienphyla** die Flüssigstickstoffkulturenlager der DSMZ, die modernisiert und für die vollautomatische Befüllung vorbereitet werden. Zudem wurde die Digitalisierung der Mappen bzw. der Dateien der Arbeitsgruppe vorangetrieben. Zum derzeitigen Zeitpunkt sind bereits 1.301 Mappen eingescannt, alle digitalen Dokumente umbenannt und in die jeweiligen Stammordner einsortiert worden. Seit Februar 2022 wird von der Arbeitsgruppenleitung in enger Zusammenarbeit mit den Abteilungsleitungen der **Mikroorganismen** und **Services** ein Doktorand im Rahmen des DFG Projekts SPP Soil Systems - „Systems soil ecology with a synthetic microbial community“, betreut.



Klotz, F., Kitzinger, K., **Ngugi, D.K.**, **Buesing, P.**, Littmann, S., Kuypers, M.M., Schink, B., **Pester, M.** (2022) Quantification of archaea-driven freshwater nitrification: from single cell to ecosystem level. *ISME Journal* 16:1647-1656.

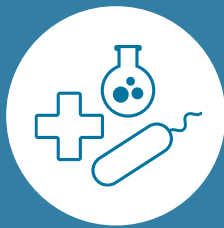
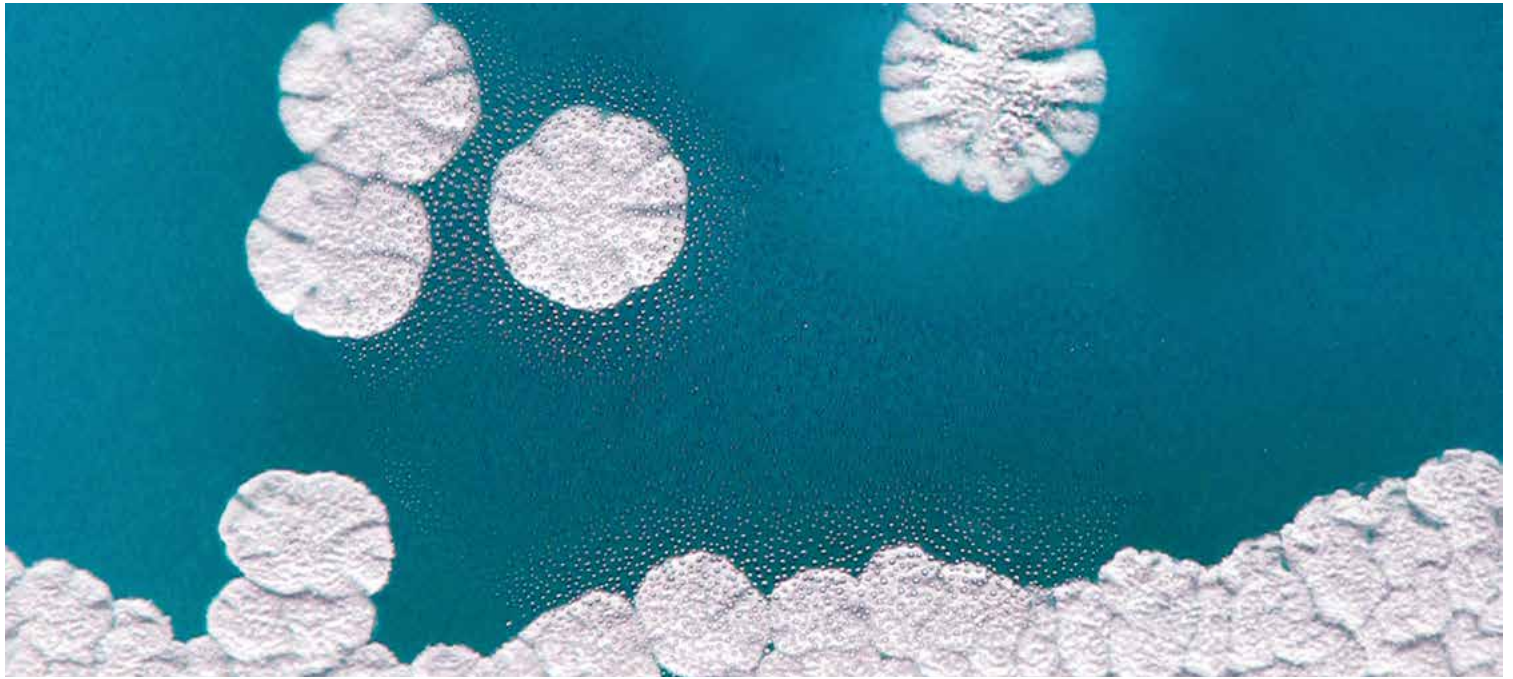
Spring, S., Rhode, M., Bunk, B., Spröer, C., Will, S.E., Neumann-Schaal, M. (2022). New insights into the energy metabolism and taxonomy of *Deferribacteres* revealed by the characterization of a new isolate from a hypersaline microbial mat. *Environmental Microbiology*. 24:2543-2575.

Huber, K.J., Vieira, S., Sikorski, J., Wüst, P.K., Fösel, B.U., Gröngroft, A., Overmann, J. (2022) Differential response of Acidobacteria to water content, soil type, and land use during an extended drought in African savannah soils. *Frontiers in Microbiology* 13: doi 10.3389/fmicb.2022.750456.

Koteska, D., Marter, P., Huang, S., **Pradella, S.**, Petersen, J., Shulz, S. (2022) Volatiles of the Apicomplexan alga *Chromera velia* and associated bacteria. *ChemBioChem*. doi.org/10.1002/cbic.202200530.

Seshadri, R., Roux, S., **Huber, K.J.**, Wu, D., Yu, S., Udworthy, D., Call, L., Nayfach, S., **Hahnke, R.L.**, Pukall, R., et al. (2022) Expanding the genomic encyclopedia of Actinobacteria with 824 isolate reference genomes. *Cell Genomics* 2: 100213.

>> 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. Insbesondere in diesen Tagen kommt der Antibiotikaforschung große Bedeutung zu, da in den Industrienationen Europas bakterielle Infektionskrankheiten wieder zunehmen und Antibiotikaresistenzen eine ernsthafte Bedrohung für die menschliche Gesundheit darstellen. Um der Resistenzproblematik zu begegnen, ist es zwingend notwendig neue Antibiotika zu finden. Vor allem die Zunahme an verfügbaren Genomsequenzdaten und deren Analyse durch neue bioinformatische Software-Tools haben offenbart, dass Actinomyceten ein viel größeres genetisches Potential zur Antibiotika-Produktion haben als zuvor angenommen. Durch gentechnische Manipulation der Stämme 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 durch *Genome Mining* auf das Vorhandensein und Potential der kodierten Biosynthesegencluster untersucht. Mit Hilfe von genetischer Manipulation der Produzentenstämme werden Sekundärmetabolit-Biosynthesewege charakterisiert bzw. neuartige Antibiotika-Derivate mit besseren Eigenschaften erzeugt (z.B. durch Mutasyntese). Ein besonderer Schwerpunkt der Arbeitsgruppe liegt in der Erforschung von Regulationsmechanismen der Antibiotika-Biosynthese. Die Erkenntnisse aus den Arbeiten zur Antibiotika-Regulation werden auf verschiedene Actinomyceten-Stämme übertragen, um Antibiotika-Produktionsprozesse zu optimieren bzw. stille Gencluster zu aktivieren.

HIGHLIGHTS

In vorangegangenen Arbeiten der **Arbeitsgruppe Angewandte Mikrobiologie** wurden SARP (*Streptomyces* antibiotic regulatory protein)-Typ-Regulatoren als Transkriptionsaktivatoren der Antibiotika-Biosynthese beschrieben, die in vielen Actinomyceten vorkommen und dort die Antibiotika-Produktion induzieren. Basierend auf den Vorarbeiten wurde ein Verbundvorhaben (*SARPact*) mit den Partnerinstitutionen IPB Halle, HZI Braunschweig, BASF und DSMZ (Koordination) ausgearbeitet, das 2022 von der Leibniz-Kooperative Exzellenz-Initiative mit ca. 1 Mio. € zur Förderung bewilligt wurde. Das Projekt hat zum Ziel (stille) Biosynthesegencluster in Actinomyceten der DSMZ-Sammlung mit SARP-Typ-Regulatoren zu aktivieren, um neue Antibiotika zu finden. Darüber hinaus wurde im Rahmen eines vom Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) geförderten Projektes eine neue genomsequenz-basierte Vorhersagestrategie zur Identifizierung von Proteinbiosyntheseinhibitor-Produzenten (= *ψ-footprinting approach*) entwickelt. Das bakterielle Ribosom stellt einen wichtigen Angriffsort vieler verschiedener Antibiotika dar, wie beispielsweise Tetracycline, Erythromycin, Pleuromutiline oder Lincomycin, wobei bislang nicht alle potentiellen ribosomalen Bindestellen therapeutisch erschlossen sind. Der Vorteil der erarbeiteten Vorhersagestrategie besteht darin, dass rein digital und sehr effizient nach Proteinbiosyntheseinhibitor-Produzenten gescreent werden kann, was den Prozess der Wirkstoffanalyse und -findung insgesamt erleichtert. Der Funktionsnachweis wurde durch die Identifizierung des Proteinbiosyntheseinhibitors Amicoumacin als Produkt aus verschiedenen Actinomyceten-Stämmen der DSMZ-Stammsammlung erbracht.



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** konzentriert sich auf die prokaryotische Systematik des Phylums *Actinomycetota* unter Verwendung moderner taxonomischer Ansätze. Die Arbeitsgruppe arbeitet an der Erweiterung der Sammlung und der Erforschung von Sammlungsstämmen in Bezug auf deren potenzielle klinische, biotechnologische und agrarwirtschaftliche Anwendung. Ein besonderer Schwerpunkt liegt auf Naturstoffproduzenten der Gattung *Streptomyces*. Darüber hinaus wird zu Actinobakterien-Stämmen aus klinischen Proben gearbeitet, wobei deren Pathogenitätseigenschaften mit Hilfe von *in silico*- und *in vivo*-Methoden untersucht wird. Diesbezüglich wurde in der Arbeitsgruppe ein *Galleria mellonella*-Infektionsmodell etabliert, welches zur Testung der Pathogenität von Patientenisolaten eingesetzt wird, wie beispielsweise bei den von der Arbeitsgruppe zuvor neu beschriebenen Spezies *Nocardia barduliensis* und *Nocardia gipuzkoensis*. Die Arbeitsgruppe befasst sich außerdem 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 Typstämmen. Hiervon wurden mehr als 90 % von Forschenden der Arbeitsgruppe

beschrieben. Die Arbeitsgruppe arbeitet eng mit der Forschungsgruppe **Angewandte Mikrobiologie** und der Abteilung **Services** zusammen und ist selbst an mehreren Kooperationsprojekten zur Beschreibung neuer Actinomyceten-Spezies beteiligt, unter anderem mit Prof. Kurtböke, University of the Sunshine Coast, Australien; Prof. Goodfellow, Newcastle University, UK; Dr. Sangal, Northumbria University, UK; Prof. Wink, HZI Braunschweig, Deutschland; Dr. Surup, HZI, Deutschland; Dr. Bouras, Université de Ghardaia, Algerien; Prof. Hahn, Texas State University, USA; Prof. Normand, Université Claude Bernard, Frankreich.

HIGHLIGHTS

In der Arbeitsgruppe **Actinomyceten** wurde damit begonnen das antimikrobielle Potenzial einiger Actinomyceten-Stämme der Sammlung mit Hilfe von Agar-Plug-Bioassays zu untersuchen. Zu diesem Zweck wurden Gram-positive und Gram-negative pathogene Referenzstämmen sowie repräsentative Hefe- und Pilzstämmen aus den Arbeitsgruppen **Pathogene Bakterien** und **Pilze** als Teststämmen verwendet. Ein Prototyp einer Biobank mit Naturstoffextrakten von Actinomyceten-Kulturen mit antimikrobieller Aktivität wurde angelegt. Die Extraktbank und die zugehörigen Bioaktivitätsdaten sollen langfristig der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden. Die Arbeitsgruppe hat darüber hinaus ein Forschungsprojekt mit einem Industriepartner, der Immune Boost Company Ltd., zur selektiven Isolierung, Identifizierung und Charakterisierung neuartiger, nicht-pathogener, schnell wachsender Mykobakterien durchgeführt und erfolgreich abgeschlossen, wofür der Abschlussbericht verfasst und dem Industriepartner übermittelt wurde.



PATHOGENE BAKTERIEN

Krankheitserregende Mikroorganismen
und Mikrobiome

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 in größerem Umfang hergestellt und werden derzeit verstärkt von verschiedenen, internationalen Forschungsgruppen nachgefragt. In Zusammenhang mit dem DZIF ist die Arbeitsgruppe unter anderem auch an Genomsequenzierungsprojekten von multiresistenten Pathogenen beteiligt.

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. 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 2022 weiterhin zugenommen. Das angegliederte DZIF Pathogen Repository hat im Berichtszeitraum neben 18 multiresistenten Isolaten (ESKA-PE-Erreger) aus der DZIF-Transplantationskohorte, eine Vielzahl von *Clostroides difficile*-Isolaten aus Costa Rica aufgenommen. Außerdem wurde in Kooperation mit der Gruppe von Prof. Clavel (RWTH Aachen) eine Publikation zur Kultivierung menschlicher Darmbakterien durch die Anwendung des Single-Cell-Dispensing (SCD) veröffentlicht. Im Rahmen dieser Arbeit wurden 82 menschliche Darmbakterienarten aus fünf Phyla (*Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Desulfobacterota*, *Firmicutes* und *Proteobacteria*) und 24 Familien gewonnen, darunter die ersten kultivierten Mitglieder von elf neuen Gattungen und zehn neuen Arten. Diese wurden taxonomisch vollständig charakterisiert und beschrieben. Außerdem erschien in Zusammenarbeit mit Dr. Andreas Zautner (Universitätsklinikum Magdeburg) eine Publikation zur Molekularen Charakterisierung von *Arcobacter butzleri*-Isolaten aus Geflügel aus dem ländlichen Umfeld in Ghana.

KLINISCHE PHAGEN & GESETZLICHE REGULATION

PHAGENGENOMIK & -ANWENDUNG



*Phagenbank an der DSMZ: Ergänzung und Alternative zu Antibiotika
Phagendiversität und ihr Potenzial*



Dr. Christine Rohde



Dr. Johannes Wittmann

Um dem Multiresistenzproblem als globaler Herausforderung zu begegnen, erwähnt die WHO in ihrem letzten Report auch Phagen. Sie stehen im Fokus beider Kuratorien der **Arbeitsgruppen Phagen**, mit Priorisierung der nosokomial bedeutsamen „ESKAPE“-Bakterien. Die öffentlich geförderten Projekte Phage4Cure, PhagoFlow, IDEAL-EC und EVREA-Phage zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung von Phagen gegen die ESKAPE-Gruppe und Anwendung in der Humanmedizin ab. Die DSMZ-Phagensammlung ist hinsichtlich bakterieller Spezies vielseitig und wird auch für die allgemein wachsende, nicht klinische Forschung an Phagen erweitert, mit einem Bestand Ende 2022 von rund 1.200 Phagen.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Durch Forschungsprojekte und Kooperationen erweiterten die **Arbeitsgruppen Phagen** die Phagenbank gezielt durch eigene Initiativen wie beispielsweise durch Anreicherungen neuer Phagen. Im Projekt EVREA-Phage, bei dem es um die künftige Darm-Dekolonisierung von *Enterococcus faecium* bei hämatoonkologischen Patienten und somit um Sepsis-Vermeidung geht, wurden bis Ende 2022 mehr als 100 Phagen gegen *E. faecium* aus Wasserproben deutscher Klinikstandorte isoliert. Auch gegen andere opportunistisch pathogene Bakterien wurden Phagen neu isoliert und charakterisiert, zum Beispiel gegen *Stenotrophomonas maltophilia* in Kooperation mit dem Forschungszentrum Borstel oder im DFG-geförderten Z-Projekt innerhalb des SPP2330 gegen Streptomyceten oder *Acinetobacter baumannii*. Durch die Aufnahme in die öffentliche Sammlung oder in die Phagenbanken der Forschungsprojekte EVREA-Phage und Z-Projekt im SPP2330 entstanden im Kuratorium

Phagen genomik und -anwendung substanzielle Datenmengen für die wissenschaftliche Beschreibung neuer Phagen. Die Arbeitsgruppe führt zudem weiterhin Analysen zur Vertiefung der viralen Taxonomie durch, die beispielsweise zur Abschaffung morphologisch basierter Virusfamilien führten.

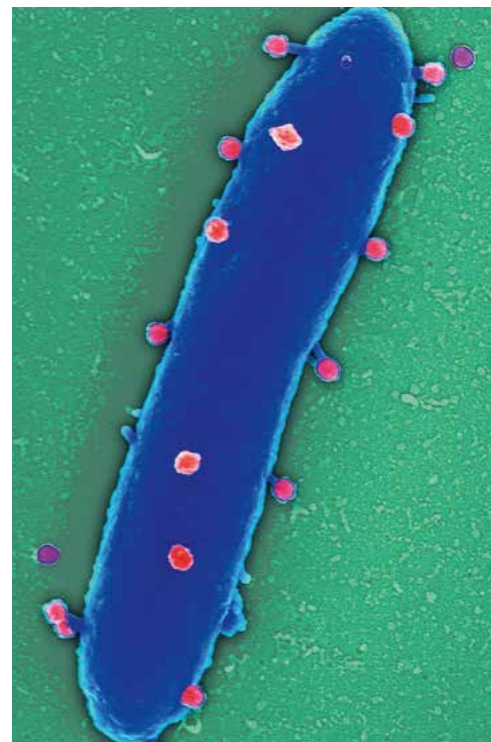
Im Kuratorium **Klinische Phagen und gesetzliche Regulation** stehen Phagen gegen Patienten isolate und die Vorbereitung eines nationalen Zulassungsweges im Fokus. Im Oktober 2022 fand ein Experten-Roundtable unter DSMZ-Teilnahme zum Thema Bakteriophagen in *Medizin, Land- und Lebensmittelwirtschaft – Anwendungsperspektiven, Innovations- und Regulierungsfragen* statt, organisiert vom Büro für Technikfolgen-Abschätzung beim Deutschen Bundestag. In Phage4Cure wurde im Herbst 2022 die Mikrobiologie des klinischen Programms unter DSMZ-Mitwirkung vorbereitet. Die DZIF-unterstützten Projekte IDEAL-EC (UK Köln) und EVREA-Phage (Koordination: DSMZ) tragen zur translationalen Phagenforschung, zur Realisierung von Phagentherapie und zur Arzneimittel-Zulassung von Phagen-Präparaten durch das Bundesinstitut für Arzneimittel und Medizinprodukte (BfArM) bei.



HIGHLIGHTS

Im Zuge des Z-Projekts (SPP2330) wurden Teile der bereits publizierten „Nahant“-Phagen-Sammlung gegen diverse *Vibrio*-Spezies aufgenommen und für Wirtsbereichs-Analysen genutzt. Die Hinterlegung zahlreicher Phagen (AG Sorek) gegen *Bacillus subtilis* und *E. coli*, die neu beschriebene bakterielle Abwehrmechanismen umgehen können, wurde initiiert. Im Z-Projekt wurde ein erster Prototyp einer neuen Phagen-Datenbank *PhageDive* entwickelt, die verschiedene suchbare Metadaten vergleichbar zu *BacDive* für zunächst in öffentlichen Sammlungen (DSMZ, NCTC und Laval Phage Collection) verfügbare Phagen zur Verfügung stellt und somit auch für Daten-Nachhaltigkeit aus SPP2330 sorgt.

Im Juli 2022 fand mit ca. 70 Teilnehmenden das Symposium *Bacteriophages in Science and Clinical Use* als erstes strategisches DZIF-Meeting zur translationalen Phagen-Forschung in Frankfurt am Main statt, mitorganisiert von Forschenden der **Arbeitsgruppen Phagen**.



GESUNDHEITSRELEVANTE PILZE

PILZE & PILZSYSTEMATIK



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 Innenraumrelevante 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 kontinuierlich. 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 führenden mykologischen Zeitschriften (beispielsweise *Frontiers in Fungal Biology*, *Fungal Diversity*, *Fungal Ecology*, *Mycological Progress* und *Studies in Mycology*) sowie der aktiven Mitgliedschaft in internationalen Kommissionen wie die Internationale Mykologische Vereinigung IMA, die Internationale Vereinigung mikrobiologischer Gesellschaften IUMS (darunter ICTF, ICY, WFCC), die Internationale Organisation für Normung

DIN/EN/ISO, und der akademischen Lehrtätigkeit an der TU Braunschweig.

HIGHLIGHTS

Im Berichtszeitraum setzte sich die Zunahme an Hinterlegungen von Pilzstämmen weiter fort. Dabei handelte es sich um umfangreiche Hinterlegungen aus übernommenen Pilzsammlungen sowie umfassenden Forschungsprojekten (Universität Gent, Julius Kühn-Institut, Ludwig-Maximilians-Universität München, Universität Tübingen, 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 und Uni Landau), Innenräume (Referenzlabor) und Nektar werden jährlich mehr als 200 Pilzstämmen isoliert und ein Großteil davon in die Sammlung aufgenommen. Die Sammlung gewinnt weitere Alleinstellungsmerkmale durch die Hinterlegung von unterrepräsentierten Gruppen von Pilzen, wie Mykoparasiten und aquatische Pilze. Das DFG-Projekt „Phylogenomik und Sicherung historischer Sammlungen aquatischer Pilze“ (DFG SPP 1991 Taxon-Omics) sowie die Fortführung der drittmittelfinanzierten Projekte „Aquatische Pilze in der Risikobewertung von Pestiziden“ mit Promovierenden an der DSMZ, am Umweltbundesamt und an der Universität Landau haben maßgeblich zur Weiterentwicklung der Sammlung beigetragen. In einer Kooperation zwischen der TU Braunschweig und dem Institut für Bienenenschutz am Julius Kühn-Institut (JKI) wird der Einfluss von Pflanzenschutzmitteln auf mikrobielle Nektargemeinschaften, auf das Bienenmikrobiom und dadurch auch auf die Fitness und Effektivität eines Bienenvolkes untersucht.



Handel, F., Kulik, A., Wex, K.W., Berscheid, A, Saur, J.S., Winkler, A., Wibberg, D., Kalinowski, J., Brötz-Oesterhelt, H., **Mast, Y.** (2022) Ψ -footprinting approach for the identification of protein synthesis inhibitor producers. *NAR Genom Bioinform.* 4:lqac055. doi: 10.1093/nargab/lqac055.

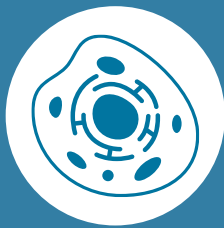
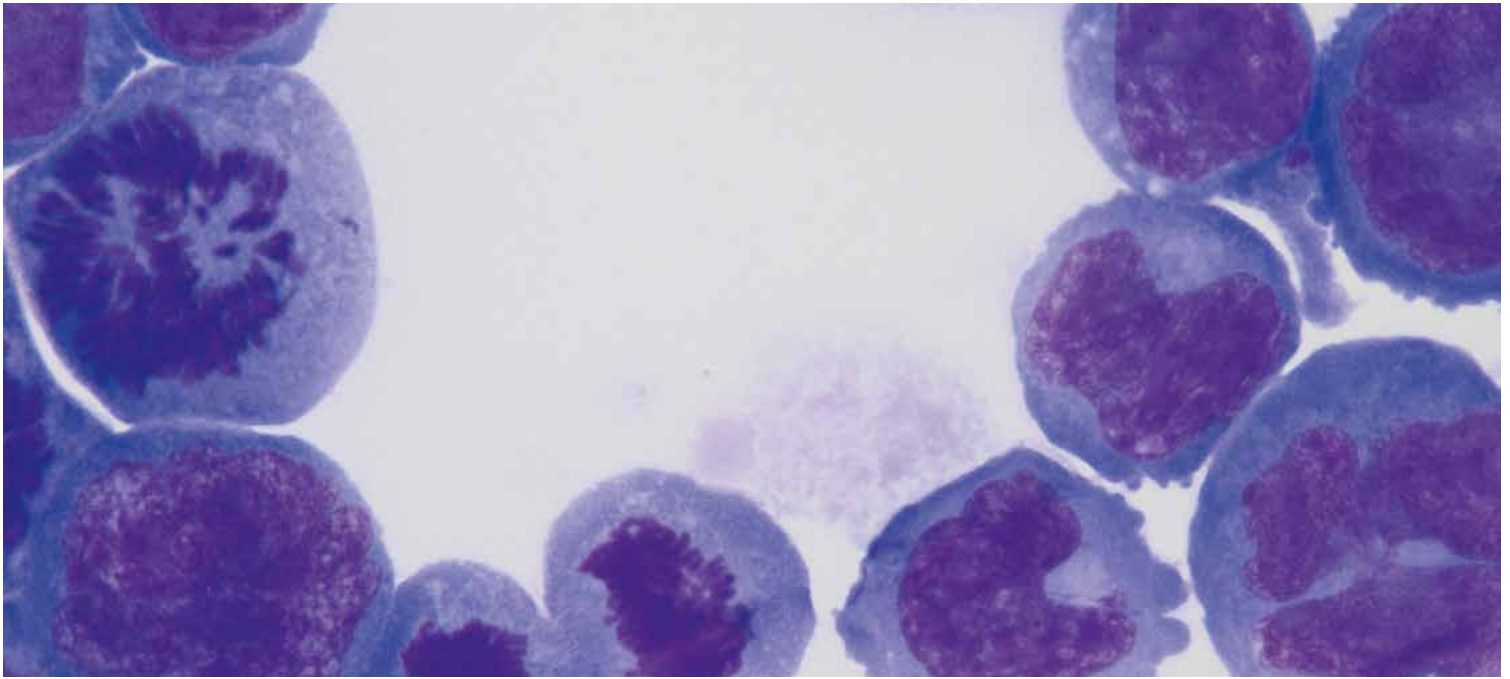
Nouioui, I., Ha, S., Baek, I., Chun, J., Goodfellow, M. (2022) Genome insights into the pharmaceutical and plant growth promoting features of the novel species *Nocardia alni* sp. nov. *BMC Genomics* 23, 1-13.

Boekhout, T., Amend, A.S., El Baidouri, F., Gabaldón, T., Geml, J., Mittelbach, M., Robert, V., Tan, C.S., Turchetti, B., Vu, D., Wang, Q.M., **Yurkov, A.** (2022) Trends in yeast diversity discovery. *Fungal Diversity* 114:491-537.

Afrizal, A., Jennings, S.A.V., Hitch, T. C.A., **Riedel, T.**, Basic, M., Panyot, A., Treichel, N., Hager, F.T., Wong, E.O., Wolter, B., Viehof, A., vonStempel, A., Eberl, C., Buhl, E.M., **Abt, B.**, Bleich, A., Tolba, R., Blank, L.M., Navarre, W.W., Kiessling, F., Horz, H.P., Torow, N., Cerovic, V., Stecher, B., Strowig, T., Overmann, J., Clavel, T. (2022) Enhanced cultured diversity of the mouse gut microbiota enables custom-made synthetic communities. *Cell Host Microbe* 30 (11) :1630-1645 e25.

Keuer, L., Hardy, A., Luthe, T., Hünnefeld, M., Gätgens, C., Milke, L., Wiechert, J., **Wittmann, J.**, Moraru, C., Marienhagen, J., Frunzke, J. (2022) Aminoglycoside Antibiotics Inhibit Phage Infection by Blocking an Early Step of the Infection Cycle. *mBio*. 13:e0078322. doi: 10.1128/mbio.00783-22.

>> 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 für Experimente und Studien. Um als verlässliche Modellsysteme dienen zu können, die reproduzierbare Ergebnisse liefern, müssen Bioressourcen gut charakterisiert und standardisiert sein. Diesen Anforderungen in Charakterisierung, Anwendung und Sammlung von Zelllinien stellt sich die Abteilung weiterhin mit hoher Motivation und Qualität.

Prof. Dr. Laura Steenpaß





Ende 2022 wurde die Abteilung um die Arbeitsgruppe **Infektion und Immunität** unter der Leitung von Dr. Ulfert Rand erweitert. Damit besetzt sie einen aktuellen Forschungsschwerpunkt und erweitert die Expertise der Abteilung. Zudem wird diese Arbeitsgruppe zur Virusdiagnostik in der Routine beitragen. Die Repräsentation der Sequenzdaten des LL-100-Projektes wurde 2022 mit dem Portal DSMZCellDive realisiert und publiziert. Darüber können Forschende und Kunden direkt auf Expressionsdaten der Zelllinien zugreifen, die in der öffentlichen Sammlung zur Verfügung stehen. Zudem wurde die Datenbank zur extern zugänglichen Online-STR-Suche angeschlossen und erweitert. Das Portal DSMZCellDive wird nun stetig mit weiteren Daten gefüllt, um molekulare Daten der öffentlichen Sammlung möglichst umfassend öffentlich zugänglich zu machen.

Die Entwicklung von DSMZCellDive war und ist nur in enger Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten** und der Abteilung **Bioinformatik und Datenbanken** zu erreichen. Die enge Verzahnung der Arbeitsgruppe **Bioinformatik der Eukaryonten** mit der Abteilung Menschliche und Tierische Zellkulturen kommt auch in verschiedenen Forschungsprojekten zum Ausdruck, insbesondere durch die Analysen von RNA-Sequenzierungsdaten für die Arbeitsgruppen **Tumorbiologie, Molekulare Genetik, Zellbiologie** und **Tumordiversität**.





Prof. Dr. Laura Steenpaß



Dr. Klaus Steube

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Bereitstellung von permanent wachsenden Zelllinien erfolgt durch alle Arbeitsgruppen der Abteilung gemeinsam. Dies umfasst Auffüllen, Vorhalten und Charakterisierung der Distribution Stocks und die Serviceleistungen Genotypisierung, Virusdiagnostik sowie die Beratung der Kunden bezüglich Kultivierung, Medienzusammensetzungen und Auswahl von Zelllinien. Der Austritt Großbritanniens aus der EU, verstärkte und geänderte Anforderungen der US-Behörden und die interne Logistik des Trockeneises stellten auch im Jahr 2022 immer wieder besondere Herausforderungen dar, welche mit einer erhöhten Zahl an zu spät zugestellten Sendungen einherging. Eine verspätete Zustellung von Trockeneissendungen führt zum Verlust der Ware, da die Zellkulturen dann aufgetaut und unbrauchbar beim Kunden eintreffen. Daher wurde 2022 begonnen, sich um Alternativen zu den bisherigen Versandabläufen zu kümmern.





GENOTYPISIERUNG

In- und externe Identitätsprüfungen: Wichtige Maßnahme gegen Verschwendung finanzieller Forschungsressourcen und Eindämmung nicht reproduzierbarer wissenschaftlicher Daten



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. Kostenfreie Echtheitsprüfungen von menschlichen und tierischen Zelllinien können online über das Portal DSMZCellDive durchgeführt werden.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Der Standard ANSI/ATCC ASN-0002-2022 des *Gremiums Standards Development Organization* (SDO) wurde zum Jahresbeginn 2022 vom *American National Standards Institute* (ANSI) positiv beschieden. Der Standard regelt die globale Verwendung der genomischen Orte für die STR-Genotypisierung, die ab 2022 Teil einer ISO-Zertifizierung für öffentliche Biorepositorien ist. Das Standardwerk ist als Buch oder als PDF kommerziell erwerbbar.

Eine Umstellung der Datenbanken für STR und COI Datensätze auf SQL-basierte Datenbanken war durch das Erreichen der limitierten Größe von Microsoft Access-Datenbanken unumgänglich. Die Aktualisierung der Datenbanken durch Neuaufnahmen und QA-Datensätze der Lotchargen wird ab 2023 automatisch pro Jahresquartal durchgeführt. Dabei sind den externen Nutzern der STR-Suchmaschine in DSMZCellDive nur Referenzdatensätze zugänglich, während intern die Arbeitsgruppe Zugriff auf alle seit 2003 durchgeführten Analysen hat. Dieser Aspekt ist hinsichtlich industrieller Großkunden von besonderer Bedeutung.

HIGHLIGHTS

Die Aktivität des Enzyms Telomerase ist für unsterbliche Zelllinien und teilungsaktives Gewebe essentiell, da es die Integrität der Chromosomen sicherstellt. Während der Differenzierung von Stammzellen wird die Aktivität der Telomerase stetig reprimiert, so dass der Schutz der chromosomalen Enden in ausdifferenzierten Zellen erlischt und eine begrenzte Lebensspanne erworben wird. Tumorzelllinien erhalten ihre Immortalität in der Regel durch Mutation(en) in den DNA-Kontrollregionen der Telomerase während der Krebsentstehung. Für den Nachweis der Telomerase-Aktivität in Zelllinien aller Wirbeltiere wurde ein neuer Test entwickelt, der mit einem Minimum von 100 Zellen durch eine fluoreszenzbasierte PCR zuverlässige Ergebnisse liefert. Mit dieser Technik ist zukünftig einerseits eine zweifelsfreie Evaluierung von reprogamierten induzierten pluripotenten Stammzellen möglich, andererseits wird für Neuaufnahmen nach einer positiven Telomerase-Analyse ein unbegrenztes Teilungsvermögen nachgewiesen und dokumentiert. Somit kann bei einer Wachstums-krise von Zellen während der Aufnahme auf fehlende Immortalität oder andere Faktoren rückgeschlossen werden.



Dr. Stefan Nagel

Tumorzelllinien stammen von Krebspatienten und wachsen unbegrenzt *in vitro*. Sie tragen chromosomale Veränderungen und Genmutationen der erkrankten Person und zeigen somit ein genetisches Abbild der malignen Situation, die sich im Labor untersuchen lässt. In der Arbeitsgruppe Molekulare Genetik werden Veränderungen von Transkriptionsfaktoren in hämatopoetischen Tumoren untersucht. Transkriptionsfaktoren, die von Homöoboxgenen kodiert werden, regulieren grundlegende Prozesse in der Entwicklung und Differenzierung. Ihre Deregulation trägt zur Entstehung von Leukämien und Lymphomen bei und lässt sich in Zelllinien erforschen.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Tumorspezifische Aberrationen und Mutationen in Zelllinien stellen wichtige Marker zur Klassifizierung von Tumoren dar und unterstützen die Authentifizierung von Zelllinien. Bei diesen Veränderungen handelt es sich zum Beispiel um Fusionsgene, die durch chromosomale Umlagerungen entstanden sind. Der Nachweis erfolgt mittels 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 wurde ein neues Fusionsgen im kutanen T-Zell-Lymphom entdeckt und die Rolle des Transkriptionsfaktors STAT3 im Hodgkin-Lymphom untersucht. Beide Studien wurden publiziert. Weiterhin wurden die TALE-Homöobox-Gene in myeloischen und in lymphatischen Leukämien untersucht und publiziert. Die Arbeitsgruppe hatte in der Vergangenheit die Bedeutung

dieser Gengruppe in hämatopoetischen Tumoren systematisch untersucht und beschrieben. So wurde der Begriff des TALE-Codes geprägt: dieser umfasst 12 TALE Homöobox-Gene und gibt deren Aktivität in Stammzellen, Vorläuferzellen und reifen Immunzellen an. Der Code dient der Unterscheidung von physiologischen und aberranten Aktivitäten der Homöobox-Gengruppe und hat somit diagnostisches Potential. IRX-Gene gehören zu einer Untergruppe der TALE-Homöoboxgene. So wurde der normalen Expression von IRX1 in Vorläuferzellen eine abnormale Aktivität von IRX3 und IRX5 in bestimmten Formen der Leukämie gegenübergestellt. Diese Ergebnisse könnten diagnostisch und therapeutisch von Bedeutung sein.

HIGHLIGHTS

Die Verwendung des etablierten TALE-Codes zur Analyse von normal und abnormal exprimierten IRX-Genen ergaben neue Einsichten in die Funktion dieser Transkriptionsfaktoren in Hämatopoese und Leukämie.



Dr. Sonja Eberth

Tumore haben typischerweise 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

In der sammlungsbezogenen Arbeit kümmert sich die Arbeitsgruppenleitung um die Akquise neuer Zelllinien für die öffentliche Sammlung. Hierbei gilt es auch, gezielt neuartige Zelllinienmodelle zu identifizieren, die das Spektrum der Sammlung inhaltlich erweitern. In diesem Zusammenhang wurden im Rahmen eines Pilot-Projekts von der *Cancer Cell Line Factory* (CCLF) vom Broad Institut (USA) die ersten zehn Zelllinien erhalten. Am CCLF werden sogenannte *next-generation cancer models* etabliert, welche jetzt in den DSMZ-Katalog aufgenommen werden sollen, sofern alle Qualitätsstandards eingehalten werden können. Für ihre Charakterisierung ist dabei immer häufiger eine Transkriptomanalyse über Next Generation Sequencing erforderlich, welche gleichzeitig auch für die Erweiterung der Datensätze in DSMZCellDive sinnvoll ist. Weiterhin wurden in der Arbeitsgruppe Alternativen zum fetalen Rinderserum im Kulturmedium im Sinne der 3R-Prinzipien (*Replace, Reduce, Refine*) erprobt.

In der Forschung beschäftigt sich die Arbeitsgruppe mit der Bedeutung transkriptioneller Deregulation in der Pathogenese von Tumoren, insbesondere der von hämatologischen Neoplasien.

In Tumorzellen kommt es aufgrund genetischer und epigenetischer Veränderungen zur Deregulation kodierender sowie nicht-kodierender Gene, deren aberrante Aktivitäten gleichermaßen zur Tumorgenese beitragen können. Die Arbeitsgruppe untersucht Mechanismen, die zur Deregulation von Transkriptionsfaktoren und kleinen nicht-kodierenden RNAs, wie microRNAs, führen. Im Fokus sind dabei auch die von tumorassoziierten Viren kodierten microRNAs beispielsweise in Epstein-Barr-Virus-positiven Tumorzelllinien. Deren Expressionsprofile werden in Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen **Virusdiagnostik** und **Bioinformatik der Eukaryonten** mit Hilfe von globalen microRNA-Expressionsanalysen untersucht.

HIGHLIGHTS

Das sogenannte *DSMZ Breast Cancer Panel*, welches insgesamt 29 humane Brustkrebszelllinien enthält, wurde mit Hilfe von Transkriptomanalysen umfassend charakterisiert, wodurch eine Klassifikation anhand von molekularen Biomarkern möglich wird. Die RNA-Expressionsdaten sollen, wie bereits für das *LL-100 Panel*, über DSMZCellDive der Wissenschaft zur Verfügung gestellt werden und künftig unter anderem die Auswahl von geeigneten Modellzelllinien für die Brustkrebsforschung erleichtern.



Dr. Hilmar Quentmeier

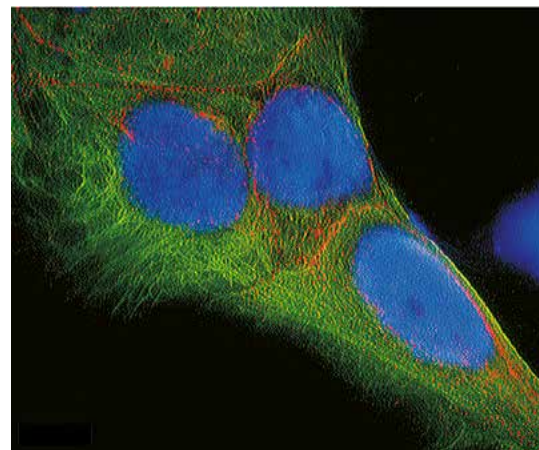
Tumore im Allgemeinen und Leukämien und Lymphome im Speziellen besitzen bestimmte Eigenschaften, die ihnen Wachstum und Überleben ermöglichen. Die Hemmung der Apoptose durch Faktoren der BCL2-Gen-Gruppe spielt dabei eine wesentliche Rolle, die sich auch therapeutisch nutzbar machen lässt. Daher wurden diese Faktoren als Forschungsschwerpunkt in der Arbeitsgruppe Tumordiversität ausgewählt.

HIGHLIGHTS

Lymphom-Zelllinien der Gruppen ALCL und PEL dienen als geeignete Modelle zur Untersuchung von Substanzen, die Faktoren der anti-apoptotischen BCL2-Gruppe hemmen und therapeutisches Potenzial in diesen Tumoren haben könnten.

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Arbeitsgruppe betreut im Sammlungsbereich alle bei der DSMZ hinterlegten Patentzelllinien sowie die Sicherheitshinterlegungen (Zweitlager) für Hinterlegende aus Forschung und Wirtschaft. Im Rahmen der Qualitäts- und Identitätsüberprüfung der Zelllinien des DSMZ-Katalogs werden alle humanen Zelllinien mittels Immunphänotypisierung untersucht. In der Forschung werden Zelllinien als Modellsysteme für Tumorzellen verwendet und dienen dazu, die Folgen von Mutationen für die Funktion der betroffenen Zellen aufzuklären. Die charakterisierten Leukämie- und Lymphom-Zelllinien (*LL-100 Panel*) stellen ein bisher einzigartiges Portfolio für die forschende Pharmaindustrie dar. Weiterhin wurden die Folgen der Überexpression anti-apoptotischer 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*) untersucht. Die neue Substanzklasse der BH3-Mimetika soll Proteine der BCL2-Gruppe hemmen. Daher wurde mit Zelllinien getestet, ob diese Substanzen das Wachstum und die Viabilität der Zellen beeinflussen. Mit dieser nun publizierten Studie konnte gezeigt werden, dass Zelllinien geeignete Modellsysteme sind, um die Wirksamkeit von *BH3-Mimetics* zu überprüfen.





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 Gesundheitsrisiko 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 als Service auch 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) in der Technischen Regel für Biologische Arbeitsstoffe (TRBA) bzw. der DGUV-Information (Deutsche Gesellschaft für Unfallverhütung) 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 BG-RCI, der DGUV und dem Bundesministerium für Arbeit und Soziales statt. Die DGUV-Information „Zellkulturen – Einstufung biologischer Arbeitsstoffe“ erschien im Juli 2022.

HIGHLIGHTS

Im Rahmen der Virusdetektion wurde eine Magenkarzinom-Zelllinie ermittelt, die eine EBV-Infektion aufweist. Der Befund wurde mit verschiedenen Methoden bestätigt. Die Ergebnisse sind interessant, da EBV-Infektionen bei etwa 9 % der Magen-Adenokarzinome nachgewiesen werden, bisher jedoch noch keine EBV-positive Zelllinie dieses Tumortyps beschrieben wurde. In Primärtumoren sind bei Infektion mit EBV alle Zellen des Tumors infiziert, was für eine mögliche Beteiligung des Virus an der Pathogenese spricht. STR-Analysen ergaben, dass es sich um die originale, beschriebene KE-39-Zelllinie handelt und nicht um eine Verwechslung, Kreuzkontamination oder sonstige Verunreinigung der Zellen. Weitere Untersuchungen sollen zeigen, ob sich die Zelllinie als erstes Modellsystem für EBV-assoziierte Magen-Adenokarzinome eignet und für Studien zur Pathogenese von EBV bei den Tumoren verwendet werden kann.



Dr. Ulfert Rand

Die Arbeitsgruppe Infektion und Immunität wurde im Oktober 2022 etabliert. Im Bereich der Routinetätigkeiten übernimmt die Arbeitsgruppe ab 2023 die Immunophänotypisierung von Dr. Hilmar Quentmeier, der im April 2023 in den Ruhestand geht, sowie die Virus- und Mycoplasmandiagnostik in der Routine und als Service von Dr. Cord Uphoff. Im Bereich Forschung fokussiert sich die Arbeitsgruppe Infektion und Immunität auf Virusinfektionen und die angeborene Immunantwort auf Einzelzellebene.

TÄTIGKEITSBEREICHE

In Vorbereitung auf die Routine- und Servicetätigkeiten hat der Arbeitsgruppenleiter von Oktober bis Dezember 2022 Methoden und die abteilungsinternen Arbeitsabläufe der Immunophänotypisierung humaner Leukämie- und Lymphomzelllinien sowie die Diagnostik von Infektionen durch Mykoplasmen, humanpathogener und anderer Zellkultur-relevanter Viren erlernt.

Als ehemaliger Mitarbeiter des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) unterstützt der Arbeitsgruppenleiter aktiv den wissenschaftlichen und technologischen Austausch mit dem HZI und nutzt als Gast dort unter anderem die konfokale Laserscanningmikroskopie und das S3-Labor für DSMZ-Forschungstätigkeiten.

Zahlreiche wissenschaftliche Kollaborationen mit externen Partnern zur SARS-CoV-2-Forschung wurden im Berichtszeitraum durchgeführt. Dabei sind folgenden Projekte zu erwähnen: Magnetische Nanopartikel zur SARS-CoV-2-Detektion mit Prof. Aidin Lak (TU Braunschweig), die Rolle von Interferonen in der SARS-CoV-2-Infektion im humanen Makrophagen/Lungenepithel-Kokulturmodell auf Einzelzellebene (scRNAseq) mit Prof. Dagmar Wirth (HZI Braunschweig) und

die Regulation des programmierten ribosomalen Frameshifts von SARS-CoV-2 mit Prof. Neva Caliskan (HIRI, Würzburg).

HIGHLIGHTS

Es wurden Pilot-Experimente zur Untersuchung nicht erfolgreicher SARS-CoV-2-Infektionen durchgeführt, deren Ergebnisse für die Beantragung von DFG-Mitteln in 2023 dienen werden. Hierzu wurde eine Methode entwickelt, in der in jedem Mikrowell eine einzige Infektion beobachtet und automatisch quantifiziert werden kann. Dabei konnte bereits gezeigt werden, dass defekte SARS-CoV-2 Viruspartikel, die als Nebenprodukt einer viralen Infektion natürlicherweise entstehen, offenbar die Abbruchrate der Replikation infektiöser Partikel reduzieren können. Ergebnisse einer Kollaboration konnten im Berichtszeitraum Oktober bis Dezember 2022 im Journal *Scientific reports* veröffentlicht werden.



Prof. Dr. Laura Steenpaß



Pluripotente Stammzellen des Menschen besitzen das Potential zur Differenzierung. Durch gezielte Differenzierungsprotokolle können Zellen von fast allen menschlichen Organen in der Kulturschale erzeugt werden. 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 die gezielte Veränderung von DNA erlaubt, sind Stammzellen eine essentielle Ressource in der Entwicklung von Modellen für menschliche Erkrankungen geworden.

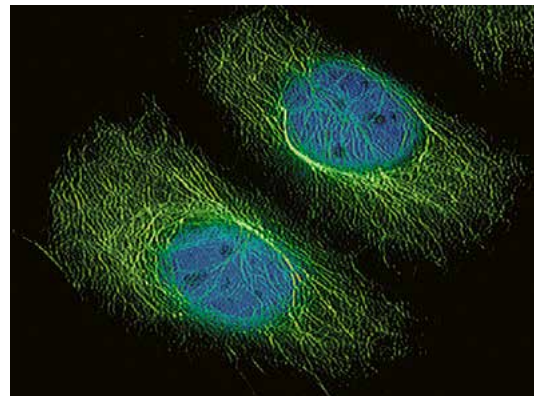
TÄTIGKEITSBEREICHE

Es ist ein Ziel dieser Arbeitsgruppe, induzierte pluripotente Stammzellen (iPSCs) des Menschen und differenzierte Derivate in die Sammlung einzubringen und diese als interne Forschungsressource aufzubauen. Die Diskussion darüber, wie iPSCs in der Sammlung repräsentiert werden können, ist noch nicht abgeschlossen. Auch in der Forschung liegt der Schwerpunkt auf der Verwendung von humanen pluripotenten Stammzellen für die Modellierung von Erkrankungen. In einem Promotionsprojekt wird die Etablierung von DNA-Methylierung am Prader-Willi-/Angelman-Syndrom-Lokus untersucht. Hierzu wurde ein induzierbares System in drei verschiedenen iPSC-Linien etabliert und die iPSC-Linien charakterisiert. Die Untersuchungen von RNA-Expression und DNA-Methylierung folgen. In einer Bachelorarbeit wurde das Protokoll zur Differenzierung von iPSCs von Patienten mit Angelman-Syndrom in Gehirn-Organoiden getestet. Aufgrund der Komplexität der Differenzierung und der Heterogenität der Organoiden sind hier noch weitere Projekte nötig, um die Methode sicher zu beherrschen. Für das Retinoblastom wurde in den vergangenen Jahren ein Stammzellmodell

etabliert, das die Differenzierung in neurale Retina in 3D-Organoiden umfasst. Diese Arbeiten wurden publiziert. Das Stammzellmodell wurde in der Arbeitsgruppe nun neu aufgesetzt und die Methoden zur Differenzierung und Analyse von 3D-Organoiden wurden etabliert.

HIGHLIGHTS

Die Differenzierung von 3D-Organoiden (Gehirn und Retina) war eine Herausforderung, die gut gemeistert wurde. Die Immunfärbung von Gefrierschnitten zur Analyse der Organoiden wurde mit Hilfe der Abteilung Pflanzenviren möglich. Damit stehen nun neue Kultur- und Analysetechniken in der Abteilung zur Verfügung.





Kanber, D., Woestefeld, J., Döpfer, H., Bozet, M., Brenzel, A., Altmüller, J., Kilpert, F., Lohmann, D., Pommerenke, C., **Steenpass, L.** (2022) RB1-Negative Retinal Organoids Display Proliferation of Cone Photoreceptors and Loss of Retinal Differentiation. *Cancers (Basel)* 14(9):2166.

Koblitz, J., **Dirks, W.G., Eberth, S., Nagel, S., Steenpass, L.**, Pommerenke, C. (2022) DSMZCellDive: Diving into high-throughput cell line data. *F1000Res.* 11:420.

Nagel, S., Meyer, C. (2022) Normal and aberrant TALE-class homeobox gene activities in pro-B-cells and B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia. *Int J Mol Sci.* 23(19):11874.

Quentmeier, H., Geffers, R., Hauer, V., Nagel, S., Pommerenke, C., **Uphoff, C.C., Zaborski, M., Drexler, H.G.** (2022) Inhibition of MCL1 induces apoptosis in anaplastic large cell lymphoma and in primary effusion lymphoma. *Sci Rep.* 12(1):1085.

Souren, N.Y., Fusenig, N.E., Heck, S., **Dirks, W.G.,** Capes-Davis, A., Bianchini, F., Plass, C. (2022) Cell line authentication: a necessity for reproducible biomedical research. *EMBO J.* 41(14):e111307. doi: 10.15252/emj.2022111307.

>> 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





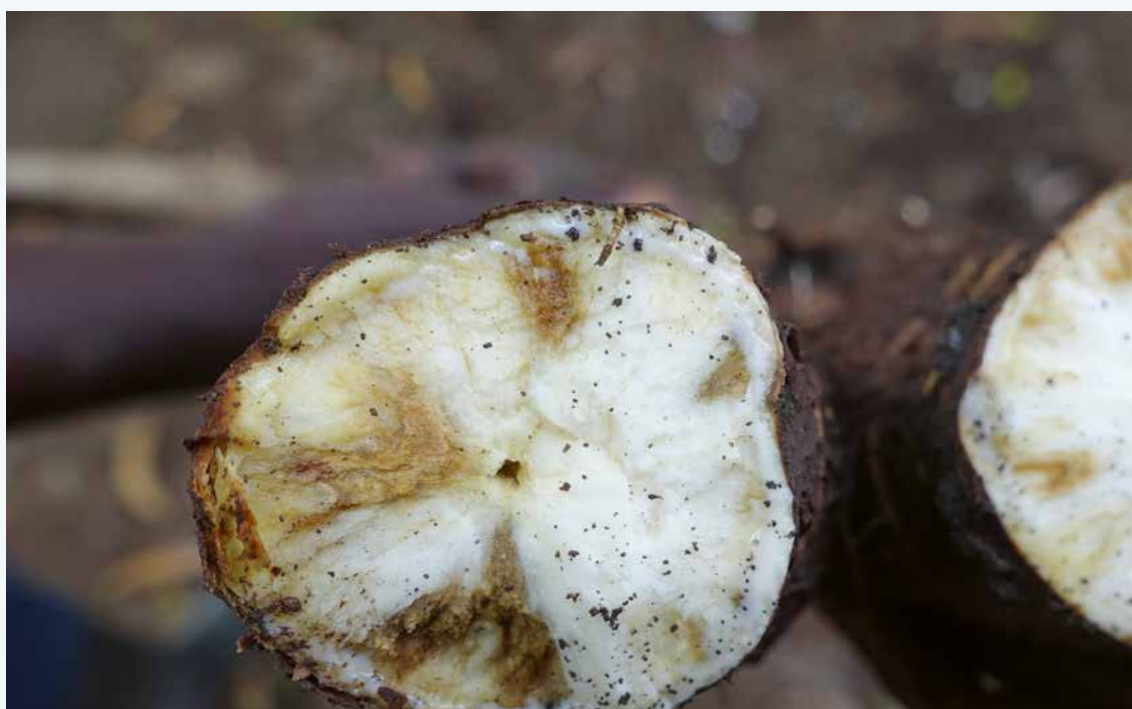
Basierend auf ihrer herausragenden Virussammlung und fachlichen sowie methodischen Kompetenz ist die Abteilung weltweit anerkannt und in entscheidenden Entwicklungen eingebunden. Dazu gehören auf der Anwendungsseite die große und stetig steigende Nachfrage nach Virus-Referenzmaterialien sowie die Kooperationen 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 Pflanzenvirusmaterialien 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, deren Diversität, 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 im Jahr 2022 einen weiteren Arbeitsschwerpunkt „funktionelle Pflanzenvirologie“ eingerichtet, der Sammlung und Systematik von Pflanzenviren, Molekulare Pflanzenvirologie und Virus-Genomcharakterisierung sowie Mechanismen der pflanzlichen Virusresistenz und Virusbiologie komplementiert.





MOLEKULARE PFLANZENVIROLOGIE

*Entwicklung von „discovery pipelines“
für krankheitsassoziierte Organismen*

Dr. Paolo Margaria



Der schnelle Nachweis von bekannten und vor allem neuartigen Viren in Pflanzenmaterial ist eine der zentralen Aufgaben der Abteilung Pflanzenviren. Pflanzenkrankheiten entstehen oft durch komplexe Interaktionen sehr unterschiedlicher Organismen. Viren, Pilze und Bakterien, die das pflanzliche Mikrobiom darstellen, müssen für die Ursachenforschung dann global analysiert werden. Hierfür wurden die bestehenden Workflows, durch die Integration innovativer Software (Diamond, MEGAN, VirHunter; SLS, PFOR2) erweitert. Alle bioinformatischen Auswertungen für Forschung, Qualitätskontrolle des Sammlungsmaterials und für HTS Services finden in diesem innovativen Workflow statt. Hochdurchsatzsequenzierung (HTS)-Leistungen im Rahmen der Trans-National-Access (TNA)-Aktivitäten im „European Virus Archive Global“ Horizon-2020-Projekt wurden routinemäßig durchgeführt und haben zu einer starken Vernetzung mit ausländischen Forschungseinrichtungen (University of Montenegro; CREA-DC, Italien; King Saud University, Saudi-Arabien; Czech University of Life Sciences-Prague, Tschechien; University of Zagreb, Kroatien; INERA, Burkina Faso; INRAE, Frankreich) beigetragen. Für HTS Untersuchungen von Viren in Zier- und Obstpflanzen im Kontext des transkontinentalen Austausches von Pflanzenmaterialien gibt es eine stark gestiegene Nachfrage, der wir im Servicebereich der Abteilung entsprechen.

Eine erfolgversprechende Weiterentwicklung der HTS ist die komplette Automatisierung des Workflows zur Virusdiagnose (Virusamplifikation, Reinigung, Library-Prep, Sequenzierung und bioinformatische Auswertungen), die wir mittels VolTRAX-Oxford Nanopore Technologies (ONT) erreichen werden. Die ONT-Entwicklung soll eine schnelle und standardisierte Bewertung von Pflanzenmaterialien ermöglichen, um entsprechend unverzüglich auf Erregersituationen reagieren zu können.

Im Rahmen des Kompetenz-Transfers hat eine Doktorandin von der Universität Athen eine Fortbildung über Auswertungen des globalen Viroms durch HTS erhalten. Hierfür wurden Obstbaumunterlagen (Apfel, Birne, Quitte) aus griechischen Baumschulen getestet und auf Virusfreiheit zertifiziert. Ein CAPES-PrInt-Programm in Zusammenarbeit mit der Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) in Recife (Brasilien) wurde bewilligt.



RESISTENZMECHANISMEN

Mechanismen, Nachhaltigkeit, resistenzbrechende Viren und neuartige Erreger



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 eine intensive Landbewirtschaftung in den warmen und subtropischen Regionen sehr durch Viruskrankheiten gefährdet ist. Unsere virologische Arbeit an für Europa neuartigen Viren konzentriert sich auf Wirtsspezifität, neue Zielkulturen und Eigenschaften von Virusvarianten, die bestehende Resistenzen in Kulturpflanzen zu brechen. In Zusammenarbeit mit der Universität Athen werden virusverdächtige Tomaten und Gurken mittels HTS und biologischen Tests analysiert, um eine Inventur aller vorkommenden Viren und aller neuartigen (eingeführten) Viren zu erstellen. Für die neuartigen Viren *Tomato leaf curl New Delhi virus* und *Tomato brown rugose fruit virus* soll geklärt werden, ob eine Virusübertragung durch Samen für die neuartigen Epidemien ausschlaggebend ist. In Zusammenarbeit mit NVWA Wageningen wurde untersucht, ob das Vorkommen bestimmter tropischer Viren, die mit Zierpflanzen eingeschleppt wurden, ein Risiko für europäische Nahrungskulturen darstellt. Unsere internationalen Forschungsarbeiten konzentrieren sich auf die HTS-Virusanalyse aller Pflanzen im Rahmen des EVA-Projekts und auf die bedeutende Nahrungs- und Energiepflanze Cassava, für die wir anstreben, eine vollständige Sammlung aller viralen Pathogene, Referenzviren und Diagnostik zu erstellen. Hierfür sind wir mit allen Forschungseinrichtungen weltweit vernetzt und führen gemeinsame Forschungsarbeiten aus. Im Rahmen des Projekts „Global Cassava Pathogens“ unterstützen wir das ONE CGIAR Center CIAT bei der Aufklärung einer neuartigen Krankheit *Cassava witches broom disease*, die Cassava in Vietnam, Kambodscha, Laos und Thailand zerstört. Hierzu wurde in Explorationsreisen Material gesammelt und pathobiologisch untersucht. Einige pilzliche

Organismen wurden per HTS identifiziert und übertragen. Eine von Dr. Sheat entwickelte RNA-Scope *in situ* Hybridisierungsmethode wird eingesetzt, um Spuren der Erreger in erkrankten Cassava nachzuweisen und die Entstehung der Krankheit aufzuklären. In Zusammenarbeit mit EMBRAPA Brasilien wird die Ätiologie der „Frog-skin disease“ untersucht, die auf verschiedene virale Krankheitserreger zurückzuführen ist. Im Rahmen eines 18-monatigen CAPES/Humboldt Stipendiums wird Dr. Saulo Oliveira, EMBRAPA, Cruz das Almas, unsere Forschungsarbeiten zur Aufklärung der Krankheit und der Entwicklung von resistenten Sorten unterstützen.

Die Abteilung ist eine interkontinentale Schnittstelle für den Austausch von Züchtungsmaterialien zwischen Südamerika, Asien und Afrika. Alle Materialien (bislang > 250 Genotypen) werden in intensiven Quarantäneuntersuchungen geprüft und bereits nach sechs Monaten zertifiziert. Im Rahmen des NextGen Cassava Forschungsprojekts *Advancing cassava CBSD resistance breeding* wurden Cassavalinien mit Resistenz gegen alle bekannten Cassava-Mosaikviren und alle *Cassava brown streak*-Viren in unserer Abteilung selektiert und an alle NextGen-Partner als Grundlage für weitere Züchtung versandt. Die herausragende Stellung der Abteilung in der Cassava-Virusforschung wird in einem weiteren RTB Forschungsprojekt der CGIAR „accelerated breeding initiative“ hervorgehoben. Hiermit soll die Resistenzzüchtung von Cassava mit den von uns entwickelten innovativen Methoden vollständig reformiert werden. Ein Trainingsworkshop mit afrikanischen Partnern hat im Frühjahr stattgefunden.





Dr. Wulf Menzel

TÄTIGKEITSBEREICHE

Die starke Nachfrage nach virologischen Referenzmaterialien der Abteilung setzt sich fort und auch die im Rahmen des EU Horizon 2020 Projektes Europäisches Virusarchiv (EVA GLOBAL) angebotenen HTS-Services werden verstärkt nachgefragt. Zudem fand ein intensiver Dialog über die Vertiefung der Zusammenarbeit und dem Austausch von Referenzmaterial mit der Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority/NVWA in Wageningen, Niederlande statt. Dieses Institut beherbergt das Europäische Referenzlabor für Pflanzenviren. Verschiedene als Quarantäneorganismen eingestufte Isolate wurden von dort in unsere Sammlung übernommen und ein weiterer intensiver Austausch von Virusisolaten mit dem NVWA ist geplant.

Im Rahmen des Alexander von Humboldt Foundation Kooperationsprojektes mit Prof. Abraham von der Botswana International University of Science and Technology (BIUST) fand eine Diagnose-Workshop mit Studierenden in Botswana statt.

Im Berichtszeitraum konnte zudem zusammen mit Partnern der Leibniz Universität Hannover, der Fachhochschule Erfurt, dem Esteburg Obstbauzentrum Jork und der Landwirtschaftskammer Niedersachsen ein neues BMEL/BLE-Verbundprojekt eingeworben werden (HeiNO), welches in den nächsten drei Jahren die Ursachen des seit einigen Jahren verstärkt auftretenden Sorten-untypischen Verhaltens von Heidelbeerkulturen aufklären soll. Die Hauptaufgabe der Abteilung Pflanzenviren liegt hier in Untersuchungen zum Auftreten und der Verbreitung von Heidelbeerviren und der Entwicklung von geeigneten Nachweisverfahren als Teil einer geplanten Zertifizierung von Pflanzmaterial.

HIGHLIGHTS

Die Hochdurchsatzsequenzierung (HTS), basierend auf Nextseq 2000 und Nanopore Sequencing, wurde zu einer hochkompetenten „discovery“ Plattform ausgebaut. Die Möglichkeit, unterschiedliche und komplexe (RNA/DNA) Pathogensequenzen mittels Nanopore sequencing Technologien in kurzer Zeit zu analysieren und die Analyse zu automatisieren, ist ein bedeutender Fortschritt in der Pathogendiagnose. Die Weiterentwicklung der bioinformatischen Pipeline unterstützt die Fortschritte in der HTS und ermöglicht nun eine globale Analyse aller Organismen in einer Pflanzenprobe.



Dr. Björn Krenz

FUNKTIONELLE PFLANZENVIROLOGIE

Nutzung von mRNA-Technologien zur Entwicklung von Virusresistenzen

Der im Oktober 2022 neu eingerichtete Forschungsbereich funktionelle Pflanzenvirologie untersucht die Beziehungen zwischen Pflanzen und Viren hinsichtlich einer positiven Nutzung der Interaktionen. Das übergeordnete Ziel besteht darin, mit innovativen Ideen und Technologien neuartige Virusresistenzen in Pflanzen zu entwickeln. Die zentralen Forschungsfelder beinhalten virusbasierte Biotechnologien, Bioinformatik, 'Omics'-Technologien sowie die Implementierung der CRISPR-Technologie. Ein besonderer Fokus liegt auf der Anwendung von mRNA-Technologien zur Ausbildung von Resistenzen gegenüber Pflanzenpathogenen. Es sollen virale Transfervektoren konzipiert werden, die pflanzliche Abwehrreaktionen initiieren und modulieren können. Des Weiteren werden in mechanistischen Analysen essenzielle Elemente der komplexen pflanzlichen Resistenzreaktionen identifiziert, welche als Ausgangspunkt für innovative Strategien zur Erzeugung von virusresistenten Pflanzen dienen. Die Forschungsarbeiten im Rahmen der Masterarbeiten von

Ina Schmidt zur Untersuchung der Fettsäurezusammensetzung bei Pflanzeninfektion (in Kooperation mit PD Dr. Meina Neumann-Schaal), von Christoph Kartheuser über den Nachweis von Viren in Kichererbsen aus deutschem Anbau und der Doktorarbeit von Christoph Sicking zur Reorganisation des zellulären Chromatins während der Virusinfektion stellen bedeutende Grundlagen für den sich entwickelnden Forschungsbereich dar.

Diese Forschungsvorhaben tragen wesentlich zur Erweiterung unseres grundlegenden Verständnisses der molekularen Interaktionen zwischen Viren und ihren pflanzlichen Wirten bei und legen den Grundstein für die Entwicklung neuer und effizienterer antiviraler Strategien zur Krankheitsprävention und -kontrolle. Im Rahmen des Leibniz-Wettbewerbs wurde das Projekt "GMO-free, tailored pathogen resistance for plants using mRNA technology" zur Begutachtung eingereicht.



Sicking, C. and Krenz, B. (2022) Rolling circle amplification of begomoviral DNA from a single nucleus isolated by laser dissection microscopy. *J Virol Methods* 308:114591.

Sheat, S., Zhang, X., Winter, S. (2022) High-Throughput Virus Screening in Crosses of South American and African Cassava Germplasm Reveals Broad-Spectrum Resistance against Viruses Causing Cassava Brown Streak Disease and Cassava Mosaic Virus Disease. *Agronomy-Basel* 5: 1-13.

Quito-Avila, D.F., Reyes-Proañó, E.G., Mendoza, A., **Margaria, P., Menzel, W., Bera, S., Simon, A.E** (2022) Two new umbravirus-like associated RNAs (ulaRNAs) discovered in maize and johnsongrass from Ecuador. *Arch Virol* 167(10): 2093-2098.

Sareli, K., **Winter, S.**, Chatzivassiliou, E.K., **Knierim, D., Margaria, P.** (2022) High molecular diversity of full-length genome sequences of zucchini yellow fleck virus from Europe. *Arch Virol* 167(11): 2305-2310.

Mendoza, A.R., **Margaria, P.**, Nagata, T., **Winter, S.**, Blawid, R. (2022) Characterization of yam mosaic viruses from Brazil reveals a new phylogenetic group and possible incursion from the African continent. *Virus Genes* 58(4): 294-307.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SERVICES

Dienstleistungen für die wissenschaftliche Community

Die Umstrukturierung ist weitestgehend abgeschlossen. Services, Dokumentationen und Abläufe wurden modernisiert und das Angebot diversifiziert, sowohl für die Kundschaft als auch für Forschungs-k Kooperationen innerhalb der DSMZ.

PD Dr. Meina Neumann-Schaal





METABOLOMIK

Auf zu neuen Ufern

PD Dr. Meina Neumann-Schaal



Der Fokus dieser forschungsorientierten Arbeitsgruppe liegt auf komplexen metabolischen Analysen, in Kooperationen innerhalb der DSMZ und darüber hinaus. In 2022 lag der Fokus der Abteilung auf metabolischen Untersuchungen der Modellorganismen *Aromatoleum aromaticum*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Phaeobacter inhibens* und *Clostridioides difficile*. In einem systembiologischen Ansatz wurde dabei der Aromatenabbau unter anaeroben Bedingungen durch *A. aromaticum* sowie dessen metabolische Flexibilität aufgeklärt und publiziert. Für *P. inhibens* lag der Schwerpunkt im Bereich

der Substratlimitation und bei der Biosynthese des produzierten Antibiotikums. Die molekularen Mechanismen der Vesikelproduktion von *P. aeruginosa* werden seit 2022 im Rahmen einer Doktorarbeit in einer internationalen Kooperation bearbeitet. Ebenfalls in 2022 wurden die Salztoleranz von *C. difficile* sowie dessen Schwefelstoffwechsel untersucht und publiziert. Gemeinsam mit der Abteilung Mikroorganismen hat die Abteilung umfangreiche metabolische Untersuchungen zum Energiestoffwechsel von *Limnospira acetivorans* abgeschlossen.





Dr. Sarah Kirstein

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 Laboren 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 wenn traditionelle Methoden für die Vergleichbarkeit mit der Literatur erhalten werden. 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 Artniveau. Außer der kommerziellen Datenbank des MALDI BioTyper steht den DSMZ Services 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-Sammlungsbestände sowie für Kooperationsprojekte genutzt. Im Rahmen dieser Projekte ist die Abteilung an 13 Neubeschreibungen in 2022 beteiligt gewesen.



MIKROBIOLOGISCHE ANALYTIK UND REFERENZMATERIALIEN

International führend



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 der DSMZ Services sind Fachleute für die Isolierung von Mikroorganismen und für den polyphasischen Ansatz 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. Diese Methoden werden sowohl für die Identifizierung unbekannter Mikroorganismen als auch für die Beschreibung neuer Taxa eingesetzt. Zusätzlich ist inzwischen die Produktion definierter Aliquots einzelner Stämme oder auch individueller Mischkulturen die häufigste Serviceleistung der Abteilung. Die Abteilung arbeitet auch eng mit der Patent- und Sicherheitshinterlegung zusammen.





Becker, P.[#], **Kirstein, S.[#]**, Wünsch, D.[#], Koblitz, J., Buschen, R., Wöhlbrand, L., Bunk, B., Hinrichs, C., Kaltenhäuser, S., Lehmann, J., **Martens, G.**, Ripken, B.K., Riemer, S.A., Stoltenberg, P., Thies, D., Trautwein, K., Wenzel, E.V., Schomburg, I., Winklhofer, M., Schomburg, D.[§], **Neumann-Schaal, M.[§]** and Rabus, R. (2022) Systems Biology of Aromatic Compound Catabolism in Facultative Anaerobic *Aromatoleum aromaticum* EbN1T. *mSystems* 7(6): e00685-22. doi: 10.1128/msystems.00685-22.

[#] Shared first authors [§] Corresponding author

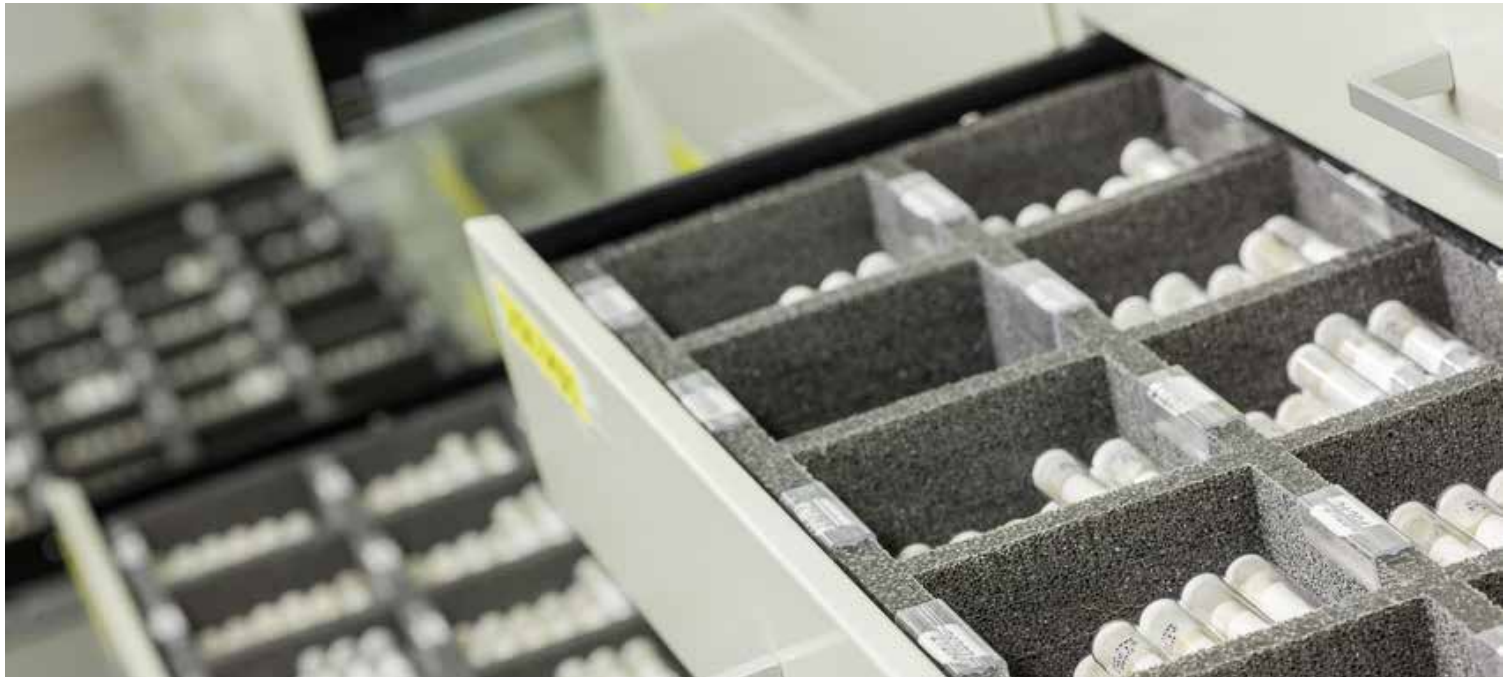
Biwer, P., **Neumann-Schaal, M.**, Henke, P., Jahn, D. and Schulz, S. (2022) Thiol Metabolism and Volatile Metabolome of *Clostridioides difficile*. *Front Microbiol* 13. doi: 10.3389/fmicb.2022.864587.

Meyer Cifuentes, I.E., Wu, P., Zhao, Y., Liu, W., **Neumann-Schaal, M.**, Pfaff, L., Barys, J., Li, Z., Gao, J., Han, X., Bornscheuer, U.T., Wei, R. and Öztürk, B. (2022) Molecular and Biochemical Differences of the Tandem and Cold-Adapted PET Hydrolases Ple628 and Ple629, Isolated From a Marine Microbial Consortium. *Front Bioeng Biotechnol* 10. doi: 10.3389/fbioe.2022.930140.

Spring, S., Rohde, M., Bunk, B., Spröer, C., **Will, S.E.** and **Neumann-Schaal, M.** (2022) New insights into the energy metabolism and taxonomy of *Deferribacteres* revealed by the characterization of a new isolate from a hypersaline microbial mat. *Environ Microbiol* 24(5): 2543-2575. doi: 10.1111/1462-2920.15999.

Hofmann, M., Norris, P.R., Malik, L., Schippers, A., Schmidt, G., **Wolf, J.**, **Neumann-Schaal, M.** and Hedrich, S. (2022) *Metallosphaera javensis* sp. nov., a novel species of thermoacidophilic archaea, isolated from a volcanic area. *Int J Syst Evol Microbiol* 72(10): 005536. doi: 10.1099/ijsem.0.005536.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



PATENT- UND SICHERHEITSHINTERLEGUNG

Geschützte Hinterlegung für die Welt



Dr. Kathrin Felsch



Dr. . Felizitas Bajerski

PATENT- UND SICHERHEITSHINTERLEGUNG

Geschützte Hinterlegung für die Welt



Die DSMZ fungiert seit 1974 als Hinterlegungsstelle für Mikroorganismen zu Patentzwecken. Nach der Anerkennung durch die WIPO am 01.10.1981 und der Übertragung der Hinterlegungsstelle IMET Jena (nach der Wiedervereinigung von Ost- und Westdeutschland) auf die DSMZ ist die DSMZ die einzige Internationale Hinterlegungsstelle (IDA) nach dem Budapester Vertrag über die internationale Anerkennung der Hinterlegung von Mikroorganismen für die Zwecke von Patentverfahren in Deutschland.

Die DSMZ ist eine der IDAs mit den meisten Patenthinterlegungen in Europa und der Welt. Um den Anforderungen des Patentrechts gerecht zu werden, werden alle Patenthinterlegungen bei der DSMZ (unter Berücksichtigung der Bedürfnisse der anmeldenden Person) als international anerkannte Anmeldungen nach dem Budapester Vertrag bearbeitet.

Für die Hinterlegung gemäß Budapester Vertrag wird sämtliches zu hinterlegendes biologisches Material auf dessen Lebensfähigkeit und Reinheit überprüft. 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 Sicherheits hinterlegung als besonderen Service zur langfristigen und sicheren Aufbewahrung von biologischem Material an. Sicherheitshinterlegtes Material bleibt Eigentum der hinterlegenden Partei. Daher ist es nicht im DSMZ-Katalog enthalten und wird nur nach schriftlicher Aufforderung der hinterlegenden Partei an Dritte weitergegeben.

Bei der DSMZ ist die Patent- und Sicherheits hinterlegung 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 10.300 Patenthinterlegungen und über 2.200 Sicherheitshinterlegungen (Stand 12/2022).



AUSGEWÄHLTE PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG



Fiorini, F., **Bajerski, F.**, Jeske, O., Lepleux, C., Overmann, J. and Bronstrup, M. (2022) A Metabolomics-Based Toolbox to Assess and Compare the Metabolic Potential of Unexplored, Difficult-to-Grow Bacteria. *Mar Drugs* 20: 713.

>> 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, isoliert und als wertvolle Ergänzung in die Sammlungsbestände der DSMZ aufgenommen. Mit ihrer spezifischen wissenschaftlichen Expertise bringt sich die Forschungsabteilung 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, DFG Schwerpunktprogramm 2330 - Neue Konzepte der Virus-Wirt-Interaktion in Prokaryoten – von Einzelzellen zu mikrobiellen Gemeinschaften). 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.

Über die vergangenen Jahre stieg der Arbeitsanteil der Forschungsabteilung im Bereich Politikberatung kontinuierlich an, erkennbar an der großen Zahl sichtbarer Publikationen sowie der signifikanten Erhöhung des Drittmittelvolumens und des Personalstands in diesem Themenfeld. Um das deutlich erhöhte Arbeitsaufkommen besser abzudecken, wurde dieser Bereich im Oktober 2022 ausgegliedert und eine neue Querschnittsabteilung **Science Policy und Internationalisierung** am Leibniz-Institut DSMZ etabliert.

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 Sequenzieretechniken ermöglichen es dabei, schnell und kosteneffizient neben geschlossenen Bakterienchromosomen auch zuverlässig alle Elemente des sogenannten Mobiloms (Plasmide, Phagen und Transposons) zu identifizieren. 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 Familie *Roseobacteraceae*, über das wirtschaftlich bedeutende fischpathogene Bakterium *Piscirickettsia salmonis* und dem medizinisch aktuell besonders relevanten Erreger *Clostridioides difficile* bis zu dem dominanten Cyanobakterium mikrobieller Matten *Coleofasciculus*. Im Vergleich kann die Bedeutung unterschiedlicher Lebensweisen auf die Artentstehung bei Bakterien ermittelt werden.

HIGHLIGHTS

Die umfassende Charakterisierung des Mobiloms der Roseobacter-Gruppe zeigte eine unerwartet hohe Diversität verschiedenster Plasmide (bis zu 13 Replikons pro Zelle). Die multipartite Genomorganisation vieler *Proteobacteria* deutet darauf hin, dass in diesem Phylum der stabile Erwerb von Plasmiden eine entscheidende Rolle bei der

Entstehung neuer Arten und Gattungen spielt. Die Entdeckung drei neuer Plasmid-Systeme im Genus *Sulfitobacter* ist Grundlage für ein umfassendes Verständnis des Aufbaus der Genome von *Roseobacteraceae* und deren Evolution. Mit dem horizontalen Transfer natürlicher Plasmide konnte die schnelle Anpassung an sich wandelnde Umweltbedingungen experimentell gezeigt werden. Ein unerwarteter Befund war der massive Einfluss fremder Plasmide auf die chromosomale Genexpression.

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 gezeigt, dass sich dieses Fischpathogen im Verlauf seiner Evolution in drei eigenständige, genetisch isolierte Arten aufgespalten hat. Bei der Artentstehung spielte der extrem hohe Gehalt an Transposasen eine zentrale Rolle. Zudem wurden erste Anhaltspunkte für das natürliche Reservoir des Erregers in der Umwelt außerhalb des Wirtsorganismus gefunden. Diese Erkenntnisse sind von direkter Relevanz für die Prävention, Diagnostik und rechtliche Einstufung des Pathogens. Das fadenförmige Cyanobakterium *Coleofasciculus* gilt als wichtigster Primärproduzent mariner mikrobieller Matten, einem vertikal geschichteten Ökosystem mit bedeutender Funktion für den Küstenschutz. Genombasierte Stammbaumanalysen ermöglichten die Unterscheidung von zwei getrennten Linien mit mindestens sieben verschiedenen Arten. Metagenom-Analysen von 20 nicht-axenischen Kulturen ergaben eine große Vielfalt von bis zu 40 assoziierten heterotrophen Mikroorganismen. Neben unkultivierten Bakterien neuer Familien und Ordnungen wurde in der Cyanosphäre überraschenderweise auch eine Vielzahl photosynthetischer Proteobakterien identifiziert.



SCHLÜSSELFUNKTIONEN IN KOMPLEXEN BAKTERIENGEMEINSCHAFTEN



Die ökologische Bedeutung der bakteriellen Diversität

Dr. Johannes Sikorski



TÄTIGKEITSBEREICHE

Nur ein verschwindend geringer Anteil ($< 0,1\%$) der aktuell geschätzten Zahl von 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 im Ökosystem 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 systematisch die Bedeutung von Umweltfaktoren 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 statistischen Verfahren lassen sich erstmals echte Signale von dem statistischen Rauschen, das durch den Sequenzierprozess erzeugt wird, unterscheiden. 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 nachgewiesen werden, dass sich unter den Schlüsselarten überproportional viele aktive Arten befanden, was eine unabhängige Bestätigung für die Rolle dieser Arten im Ökosystem darstellt.





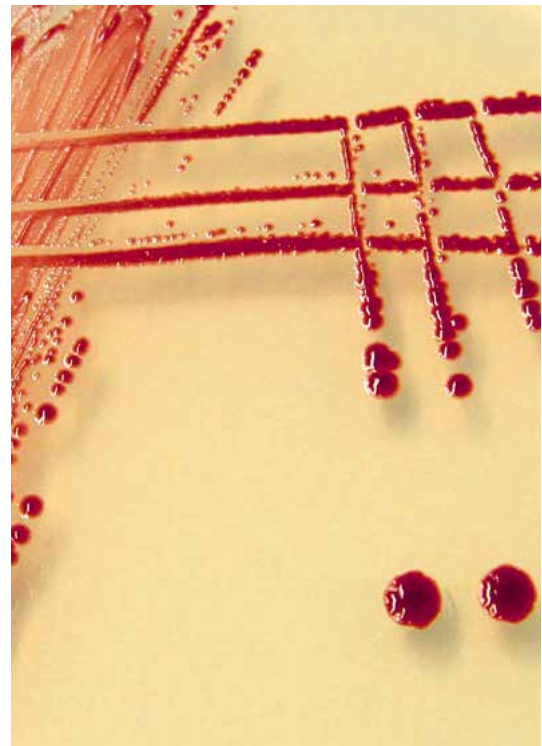
Dr. Marcus Tank

TÄTIGKEITSBEREICHE

In der Arbeitsgruppe 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 sowie bakterielle Symbiosen mit höheren Organismen. Phototrophe Konsortien liefern dabei 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 wurden 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 zahlreicher biosynthetischer Gencluster, die der Synthese von antimykotischen Hemmstoffen und von Pheromonen (Methoxypyrazinen) 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*.





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.

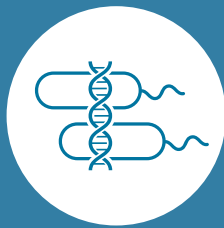
Freese, H.M., Ringel, V., Overmann, J., Petersen, J. (2022). Beyond the ABCs—Discovery of three new plasmid types in *Rhodobacterales* (RepQ, RepY, RepW). *Microorganisms* 10: 738.

Huber, K.J., **Vieira, S., Sikorski, J.** Wüst, P.K., Fösel, B.U., Gröngroft, 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., Cochrane, 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., Schruppf, 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 für die 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 moderne Genomanalytik ein, um die Verbreitung von Antibiotikaresistenzen zu verstehen 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. So konnte die Arbeitsgruppe im Berichtszeitraum Forschende der Medizinischen Mikrobiologie des Robert Koch-Instituts und der Harvard T. H. Chan School of Public Health (Boston) bei der Aufklärung von Infektionsausbrüchen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC) unterstützen. Zudem wurden erfolgreich Mittel der Europäischen Union eingeworben, um gemeinsam in einem Konsortium von 13 Partnern aus Europa und Subsahara-Afrika die Ausbreitung und Entwicklung von Antibiotikaresistenz der Tuberkulose in Afrika zu untersuchen.

HIGHLIGHTS

Im Leibniz-Forschungsverbund INFECTIONS wird die Ausbreitung antibiotikaresistenter Bakterien aus der Landwirtschaft und ihre Bedeutung für die menschliche Gesundheit untersucht. Die DSMZ hat in diesem Verbund eine

zentrale Funktion für alle bakteriologischen und molekularbiologischen Analysen von unterschiedlichen Probenmaterialien (Tierkot, Staub, Aerosol, Insekten, Wasser).

Als Teil des Deutschen Zentrums für Infektionsforschung (DZIF) wird in der Forschungseinheit die genetische Regulation der Wirkstoffsynthese in Myxobakterien untersucht. Dabei konnte erstmals die Rolle regulatorischer RNA-Moleküle in Myxobakterien belegt werden.

Im Projekt DUSTRISK (*A risk index for health effects of mineral dust and associated microbes*) werden die Auswirkungen von Saharastaub 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 staubassoziierten Mikroorganismen. So konnten bereits 450 Bakterien- und Pilzstämme aus Staubproben isoliert und Kooperationspartnern an anderen Leibniz-Instituten für weitergehende Analysen zur Verfügung gestellt werden. Darüber hinaus wird die mikrobielle Diversität in Staubproben mit molekularbiologischen Methoden analysiert.

Seit August 2022 ist Dr. Ngbede (University of Agriculture Makurdi, Nigeria) in der Forschungseinheit zu Gast, um die Transmissionsdynamik des Krankheitserregers *Clostridioides difficile* zwischen Menschen und Nutztieren in Nigeria zu analysieren. Sein Aufenthalt an der DSMZ wird für 24 Monate durch die Alexander von Humboldt-Stiftung finanziert.



Boldt, J. Lukoševičiūtė, L., Fu, C., **Steglich, M.**, **Bunk, B.**, **Junker, V.**, Gollasch, A. Trunk-walter, B., Mohr, K. I., Beckstette, M., Wink, J., Overmann, J., Müller, R., **Nübel, U.** (2023) Bursts in biosynthetic gene cluster transcription are accompanied by surges of natural compound production in the *myxobacterium Sorangium* sp. *Microbial Bio-technology*. 16 (5): 1054-1068.

Behrens, W., **Kolte, B.**, **Junker, V.**, **Frentrup, M.**, Dolsdorf, C., Börger, M., Jaleta, M., Kabelitz, T., Amon, T., Werner, D., **Nübel, U.** (2023) Bacterial genome sequencing tracks the housefly-associated dispersal of fluoroquinolone- and cephalosporin-resistant *Escherichia coli* from a pig farm. *Environmental Microbiology*. 25: 1174-1185. doi.org/10.1111/1462-2920.16352.

Lang, C., Fruth, A., Campbell, I.W., Jenkins, C., Smith, P., Strockbine, N., Weill, F.-X., **Nübel, U.**, Grad, Y.H., Waldor, M.K., Flieger, A. (2023) O-antigen diversification masks identification of highly pathogenic Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O104:H4-like strains. *Microbiology Spectrum* 11 (3): e0098723. doi.org/10.1128/spectrum.00987-23.

>> 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. Unter der Leitung von Dr. Başak Öztürk forscht die Arbeitsgruppe an kultivierungsabhängigen und -unabhängigen Methoden, um diesen Abbau von Schadstoffen in der Umwelt zu erforschen. Die unabhängige Nachwuchsgruppe wurde am 31.12.2022 nach Ablauf der festgelegten Laufzeit aufgelöst.

marinen Ökosystem. Zudem wird an neuen Methoden geforscht, mit denen Plastikabbau unter umweltrelevanten 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

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.





NACHWUCHSGRUPPE VIRUSINTERACT

Pflanzenviren-Grundlagenforschung



Dr. Björn Krenz

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

TÄTIGKEITSBEREICHE

Unser langfristiges Forschungsziel besteht 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. Ein umfassendes Verständnis der Wirtskomponenten und molekularen Mechanismen, die die zelluläre Immunität von Pflanzen gegen Pathogene regulieren, ist dabei unerlässlich, um 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 Stressgranula untersucht. Zusätzlich wurde die Wirkung von geminiviralen Replikations- und Transportproteinen zur Umorganisation von Kerninhalt und -hülle analysiert. Ziel ist es, ein tieferes Verständnis für die Virus-induzierte Reorganisation der Zelle zu erlangen und die molekularen Mechanismen der Manipulation durch das Virus zu verstehen. So wird der Weg für die Entwicklung wirksamer antiviraler Strategien geebnet.

Ein wichtiger technischer Bestandteil unserer Forschung ist die Nutzung des MMi Cellcut/CellEctor Mikrodissektionssystems. Hierdurch werden spezifische Informationen über die gewünschten Proben erhalten, was unter anderem bei der Analyse von phloemgewebespezifischen Viren oder infizierten Pflanzenzellkernen hilft.

Unsere aktuellen Forschungsthemen

- Analyse von Geminivirus-induzierten Veränderungen des pflanzlichen Zellkerns
- Molekulare und zelluläre Aspekte des Lebenszyklus von Nanoviren

Die Laufzeit der unabhängigen Nachwuchsgruppe VirusInteract endete planmäßig am 30.09.2022. Christoph Sicking und Dr. Björn Krenz wechselten zum 1. Oktober 2022 in die Abteilung Pflanzenviren. Der Schwerpunkt ihrer Forschung liegt weiterhin auf der funktionellen Pflanzenvirologie.

HIGHLIGHTS

Hendrik Reuper hat erfolgreich seine Promotion am 28.02.2022 verteidigt.



Sicking, C., Krenz, B. (2022) Rolling circle amplification of begomoviral DNA from a single nucleus isolated by laser dissection microscopy. *J Virol Methods* 308 :114591.

Jimenez, D.J., **Ozturk, B.**, Wei, R., Bugg, T.D., Amaya Gomez, C.V., Salcedo Galan, F., Castro-Mayorga, J.L., Saldarriaga, J.F., Tarazona, N.A. (2022) Merging Plastics, Microbes, and Enzymes: Highlights from an International Workshop. *Appl Environ Microbiol* **88** (14) :e0072122. doi: 10.1128/aem.00721-22.

Meyer Cifuentes, I.E., Wu, P., Zhao, Y., Liu, W., Neumann-Schaal, M., Pfaff, L., Barys, J., Li, ., Gao, J., Han, X., Bornscheuer, U.T., Wei, R., **Ozturk, B.** (2022) Molecular and Biochemical Differences of the Tandem and Cold-Adapted PET Hydrolases Ple628 and Ple629, Isolated From a Marine Microbial Consortium. *Front Bioeng Biotechnol* **10** :930140. doi: 10.3389/fbioe.2022.930140.

>> 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





PD Dr. Markus Göker



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 Patent-hinterlegungen und die wissenschaftlichen Daten zu den 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) gewährleistet. Humane Exom- und Transkriptomdaten werden in der Arbeitsgruppe **Eukaryotische Bioinformatik** analysiert (Dr. Claudia Pommerenke).

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. Für *short read*-basierte Sequenzierungen stehen bis dato zwei Illumina Sequenziersysteme zur Verfügung. Für 2023 ist neben der etablierten PacBio-Technik die Einführung einer zweiten *long read* Technologie (Oxford Nanopore) avisiert.

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 Schulung zur Verfügung. Zurzeit steht hierfür ein HPC Shared Memory Processing (SMP) System SGI UV2000 (8 Nodes, 128 CPU Kerne, 4 TB RAM) zur Verfügung, welches vorwiegend



Adam Podstawka



Dr. Cathrin Spröer

für hochparallele Diversitätsabschätzungen mit hohem Arbeitsspeicherbedarf verwendet wird. Dieses SMP System wird durch zwei dedizierte Servercluster bestehend aus 46 Nodes, über 25 TB RAM und über 2.500 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 PB großen HPC Zentralspeicher durchgeführt. In der Arbeitsgruppe **Scientific Computing** wurde 2022 das Compute-Cluster um weitere 10 Knoten mit je 512 GB RAM erweitert. Für die Langzeit Archivierung der Daten sorgt ein Bluray-Archiv mit 1 PB Kapazität. Das Backup dieser Daten erfolgt über ein Hoch-Kapazitäts-Backupsystem mit 14x LTO9 Laufwerken und passend dazu insgesamt 450 LTO9 Bänder mit einer Gesamtkapazität von über 7 PB. Die gemeinsam mit der IT betriebene Virtualisierungsumgebung inklusive SSD-basierendem Storage wurde um zwei weitere Storage- sowie Virtualisierungshosts erweitert und erhielt aus Lizenzgründen zusätzlich zwei dedizierte Virtualisierungshosts für die virtuellen Windows Maschinen. Die Anbindung der einzelnen Server-/Technikräume sowie des Kernnetzes die mit 100G geplant waren, wurden für eine perspektivisch höhere Anforderung im Kernnetz um eine Erweiterung auf 400G konzipiert. Die Inbetriebnahme der Komponenten steht noch aus. Durch die Etablierung einer neuen modernen Telefonanlage auf Basis von 3cx und der Umstellung des Telefonanbieters auf DFN, wurde auch die Anbindung der DSMZ auf eine eigene redundante 1G Leitung des DFN geschwenkt und mittels zwei hoch performanten Firewallservern auf OPNsense Basis abgesichert.

HIGHLIGHTS

Zusammen mit der Sammlungsabteilung **Mikroorganismen** und dem Joint Genome Institute konnte eine Meilensteinpublikation mit 824 neuen Genomen der Klasse der Actinobakterien publiziert werden. Im Rahmen internationaler Kooperationen konnte eine hochrangige Publikation zur Bakterien-Amphibien-Interaktion auf molekularer Ebene veröffentlicht werden. In intensiver Zusammenarbeit mit der Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** wurde der EU Antrag BIOINDUSTRY 4.0 erfolgreich bewilligt. 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.

Das Webtool DSMZCellDive wurde von der Arbeitsgruppe **Eukaryotische Bioinformatik** in enger Kooperation mit den Abteilungen **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** und **Menschliche und Tierische Zellkulturen** erfolgreich publiziert. Im Rahmen des Sondertatbestands DSMZ *Digital Diversity* wird DSMZCellDive weiterentwickelt, wobei insbesondere eine starke Verknüpfung mit der Datenbank BRENDA vorgesehen ist. Weitere Projekte der Arbeitsgruppe **Eukaryotische Bioinformatik** mit der Abteilung **Menschliche und Tierische Zellkulturen** sind mit Publikationen abgeschlossen worden, die zum einen die Charakterisierung von Retina Organoiden für die Retinoblastomforschung umfasst und zum anderen Erkenntnisse in der Tumorbologie hervorgebracht hat, wie die B-Zell-Lymphom Studie zur Behandlung mit MCL1 Inhibitoren.

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, indem 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 eine enge Verknüpfung mit der Datenbank *List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature* (LPSN) die Abdeckung der prokaryotischen Spezies auf nahezu 100 % der valide beschriebenen Arten gesteigert werden. Die Anzahl der Datenpunkte ist dabei um auf 1,92 Million gestiegen. BacDive bietet inzwischen Informationen zu 93.254 Stämmen. Neben dem Zuwachs an Daten wurde im letzten Jahr eine neue *Smart*

search entwickelt, die es Nutzenden erlaubt, ohne Vorkenntnisse im Suchfenster komplexe Anfragen zu stellen. Mit 245.000 unterschiedlichen Nutzenden im Jahr 2022 ist die Besucherzahl auch das siebte Jahr in Folge gestiegen. Eine besondere Auszeichnung erfuhr BacDive 2022 durch die Ernennung zur *Global Core Biodata Resource*. In einem strengen Auswahlprozess wählte die *Global Biodata Coalition* BacDive als eine von 37 Datenbanken weltweit aus und unterstreicht damit die besondere Bedeutung der Datenbank für die Forschung der Lebenswissenschaften.

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

Richtungsweisend hinsichtlich des Sondertatbestands **DSMZ Digital Diversity** (ab 2023) wurden die Datenbankaktivitäten nochmals deutlich gesteigert: Im Rahmen des mit der Abteilung **Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung** durchgeführten DiASpora-Projektes (Leibniz SAW) wurde die Datenbank *MediaDive* entwickelt, in der Kulturmedien strukturell aufbereitet und standardisiert werden. Mit 3.293 Rezepten für die Kultivierung von 45.627 mikrobiellen Stämmen ist es die größte Medien-Datenbank weltweit. Das große Potential von standardisierten Mediendaten wird in einem neuen Ansatz ausgenutzt, der mit Hilfe von Methoden des maschinellen Lernens versucht, Rezepte und Kultivierungsbedingungen vorherzusagen. Erste Laborversuche zusammen mit den Abteilungen **Mikroorganismen** und **Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung** sind vielversprechend und lassen hoffen, dass mit Hilfe dieser Methode viele der bisher nicht kultivierbaren Mikroorganismen in Zukunft kultiviert und analysiert werden können.



Brunetti, A.E., **Bunk, B.**, Lyra, M.L., Fuzo, C.A., Marani, M.M., **Sproer, 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** (3) :788-800.

Seshadri, R., Roux, S., Huber, K.J., Wu, D., Yu, S., Udworthy, D., Call, L., Nayfach, S., Hahnke, R.L., Pukall, R., White, J.R., Varghese, N.J., Webb, C., Palaniappan, K., **Reimer, L.C.**, **Sardà, J.**, Bertsch, J., Mukherjee, S., Reddy, T.B.K., Hajek, P.P., Huntemann, M., Chen, I.M.A., Spunde, A., Clum, A., Shapiro, N., Wu, Z.Y., Zhao, Z., Zhou, Y., Evtushenko, L., Thijs, S., Stevens, V., Elie-Fadrosh, E.A., Mouncey, N.J., Yoshikuni, Y., Whitman, W.B., Klenk, H.P., Woyke, T., **Göker, M.**, Kyrpides, N.C., Ivanova, N.N. (2022) Expanding the genomic encyclopedia of *Actinobacteria* with 824 isolate reference genomes. *Cell Genom* **2** (12) :100213.

Oren, A., Arahal, D.R., **Göker, M.**, Moore, E.R.B., Rossello-Mora, R. and Sutcliffe, I.C. (2023) International Code of Nomenclature of Prokaryotes. Prokaryotic Code (2022 Revision). *Int J Syst Evol Microbiol* **73**(5a). doi 10.1099/ijsem.0.005585

Koblitz, J., Dirks, W.G., Eberth, S., Nagel, S., Steenpass, L., **Pommerenke, C.** (2022) DSMZCellDive: Diving into high-throughput cell line data. *F1000 research* **11**: 420

Quentmeier, H., Geffers, R., Hauer, V., Nagel, S., **Pommerenke, C.**, Uphoff, C.C., Zaboriski, M., Drexler, H.G. (2022) Inhibition of MCL1 induces apoptosis in anaplastic large cell lymphoma and in primary effusion lymphoma. *Sci Rep* **12** (1) :1085.

>> Liste aller Publikationen unter www.dsmz.de



SCIENCE POLICY & INTERNATIONALISIERUNG

Wissen gestaltet die Zukunft. Umsetzung und Mitgestaltung des globalen Horizonts der Wissenschaft

Dr. Amber Hartman Scholz





TÄTIGKEITSBEREICHE

Die Abteilung wurde im Oktober 2022 etabliert und verfolgt die Aufgaben, die Übereinstimmung der DSMZ-Sammlung mit dem Nagoya-Protokoll zu gewährleisten und die Entwicklung von Politiken und Vorschriften im Rahmen der Konvention über die biologische Vielfalt (*Convention on Biological Diversity*, CBD) zu verfolgen.

Seit März 2018 ist die DSMZ die erste in der Europäischen Gemeinschaft registrierte Sammlung gemäß der EU-Verordnung 511/2014. Die Abteilung trägt dazu bei, die Einhaltung der Anforderungen von neuen Proben zu unterstützen, die jährlich die Sammlung bereichern. In dieser Funktion wirkt die Abteilung bereichsübergreifend und unterstützt nicht nur die routinemäßige Einhaltung der Vorschriften, sondern bearbeitet auch komplexere Fälle im Detail und sucht nach Lösungen und Kompromissen. Außerdem ist die Abteilung an europäischen und außereuropäischen Konsortien beteiligt, in denen sie Aufgaben im Zusammenhang mit der Umsetzung des Nagoya-Protokolls und neue Vorteilsausgleich-Regeln, unter anderem neue internationale Abkommen wie etwa WHO, BBNJ, unterstützen.

Parallel dazu ist die Abteilung in der wissenschaftlichen Gemeinschaft tätig und begleitet die Entwicklung von CBD-Richtlinien und -vermittlungen, insbesondere zu den Themen Digitale Sequenzinformation (DSI). In dieser Funktion untersucht die Abteilung empirisch die Auswirkungen aktueller und zukünftiger Regelungen und nutzt die privilegierte Position an der Schnittstelle zwischen Politik und Wissenschaft, um wissenschaftlich fundierte Analysen als Instrumente zur Vertiefung der Debatte und zur Verbesserung politischer Entscheidungen zur Verfügung zu stellen.

HIGHLIGHTS

Bereits 2019 koordiniert die DSMZ das *German Nagoya Protocol HuB*, ein vom Bundesamt für Naturschutz (BfN) gefördertes Projekt, das die deutsche Wissenschaftsgemeinschaft bei Beratung und Einhaltung des Nagoya-Protokolls und der Verordnung EU 511/2014 unterstützt. Neben der Bereitstellung von laufend aktualisiertem Informationsmaterial und Workshops wurden im Rahmen des Projekts ein Helpdesk und ein regelmäßiger Stammtisch eingerichtet, um einerseits Unterstützung in konkreten Fällen zu bieten und andererseits bewährte Verfahren und Erfahrungen mit anderen Kontaktstellen des Nagoya-Protokolls in Deutschland austauschen zu können.

Die Abteilung ist in mehreren europäischen Projekten von Horizon Europe involviert. Innerhalb des EVA-Projekts, eine globale Virus-Sammlung, ist die Abteilung für die Einhaltung des Nagoya-Protokolls und den legalen Austausch von Viren verantwortlich. In dieser Funktion beschäftigt sie sich auch mit der Entwicklung vereinfachter und einheitlicher Leitlinien zwischen den verschiedenen UN-Foren für den Austausch von Viren mit oder ohne pathogenem Potenzial. Die Abteilung unterstützt die Umsetzung des ABS und des Nagoya-Protokolls innerhalb des MICROBE-Projekts und des Biodiversity-Genomics-Europe Projekts.

Das Projekt "Examining Trends in Non-Monetary Benefit-Sharing (ET-NMBS)" ist ein Beispiel für die empirische Arbeit der Abteilung Science Policy und Internationalisierung. Das Projekt entwickelt und verwendet neue standardisierte Methoden zur Quantifizierung von drei Arten von nicht-monetären Nutzenbeteiligungen, wie sie im Anhang des Nagoya-Protokolls beschrieben sind: geteilte Forschungsergebnisse, internationale Zusammenarbeit und Zugang zu Infrastruktur und Datenbanken.

Ein weiteres Aktivitätsfeld der Abteilung sind die Digitalen Sequenzinformationen (DSI). Mit dem Programm "Wissenschaftsbasierte Lösungsansätze für Digitale Sequenzinformation" (WiLDSI) hat die DSMZ bereits seit 2019 sachliche Daten zur Nutzung von DSI zur Diskussion über die DSI-Politik innerhalb des CBD beigetragen. Das WiLDSI-Projekt führte zur Gründung des DSI Network, einem internationalen Netzwerk von Experten auf dem Gebiet der DSI, das den Entscheidungsprozess der DSI im CBD verfolgt und unterstützt. Das Netzwerk ist derzeit tätig und verfolgt kontinuierlich die Debatte zu DSI im Rahmen des CBD.

Das Projekt "FAR-DSI: Feasibility Assessment of Regulation for Digital Sequence Information" wirft einen Blick in die Zukunft und untersucht die Auswirkungen der auf der Konferenz der Vertragsparteien 15 (COP15) in Montreal getroffenen Entscheidungen und Empfehlungen zur DSI. Insbesondere zielt es darauf ab, die Auswirkungen dieser Entscheidungen auf die Anbietenden und Nutzenden von DSI wie Datenbanken und Forschende zu untersuchen. Auf Grundlage dieser Erkenntnisse wird das Projekt Vorschläge und Empfehlungen für zukünftige Entscheidungen entwickeln.



AUSGEWÄHLTE PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG



Sett, S., Dos Santos Ribeiro, C., Prat, C., Haringhuizen, G., European Virus Archive principal investigators, & **Scholz, A. H.** (2022). Access and benefit-sharing by the European Virus Archive in response to COVID-19. *The Lancet Microbe* 3(4), e316–e323. doi.org/10.1016/S2666-5247(21)00211-1

Scholz, A. H., Freitag, J., Lyal, C. H. C., Sara, R., Cepeda, M. L., Cancio, I., **Sett, S.**, **Huf-ton, A. L.**, Abebaw, Y., Bansal, K., Benbouza, H., Boga, H. I., Brisse, S., Bruford, M. W., Clissold, H., Cochrane, G., Coddington, J. A., Deletoille, A. C., García-Cardona, F., Hamer, M., Hurtado-Ortiz, R., Miano, D. W., Nicholson, D., Oliveira, G., Bravo, C. O., Rohden, F., Seberg, O., Segelbacher, G., Shouche, Y., Sierra, A., Karsch-Mizrachi, I., da Silva, J., Hautea, D. M., da Silva, M., 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 Communications* 13(1), 1086. doi.org/10.1038/s41467-022-28594-0

>> 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 Leitziel.

HERAUSFORDERUNG

Bis zum Sommer 2022 hat die Corona-Pandemie die Administration neben den zunehmenden rechtlichen Anforderungen im allgemeinen Tagesgeschäft weiterhin sehr gefordert. Stillstand gab es an der DSMZ für die Administration zu keinem Zeitpunkt. So wurden beispielsweise von der Personalabteilung 49 Stellenausschreibungen veröffentlicht und damit 15 mehr als im Vorjahr. In allen Abteilungen werden darüber hinaus zur Unterstützung des wissenschaftlichen Personals zahlreiche studentische Hilfskräfte beschäftigt. Die Umsetzung des zum 01.01.2023 genehmigten Sondertatbestands *DSMZ Digital Diversity* durch die Gemeinsame Wissenschaftskonferenz mit 22,5 zusätzlichen Stellen stellt eine weitere, nicht unerhebliche Herausforderung für die Personaladministration im Jahr 2023 dar. Da die DSMZ mit Blick auf ihre Internationalisierungsstrategie verstärkt auch Beschäftigte aus dem Ausland rekrutiert, werden viele Dokumente und Formulare mittlerweile zweisprachig angeboten, was wiederum auch zu administrativem Mehraufwand führt.

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 Herbst 2022 hat sich die DSMZ erneut dem Dialogverfahren der berufundfamilie Service GmbH gestellt und dieses erfolgreich durchlaufen. Der Erhalt des seit 2020 verliehenen Dauerzertifikats wurde im März 2023 bestätigt. Die Auditierung trägt dem hohen Entwicklungsstand der langjährigen Zertifikatsträger Rechnung. Die DSMZ gehört damit weiterhin zu den zertifizierten „VIP“-Unternehmen.

PERSONALIA

Seit 2016 bietet die DSMZ regelmäßig Ausbildungsplätze im IT-Bereich an. In 2022 hat ein Auszubildender seine Prüfung abgeschlossen und ist zwischenzeitlich in einem unbefristeten Arbeitsverhältnis an der DSMZ tätig. Im Jahr 2023 werden erneut zwei Ausbildungsstellen im Bereich Systemintegration besetzt.

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 Abteilungsleitungen hat die DSMZ mittlerweile ein ausgeglichenes Geschlechterverhältnis erreicht.

Zum Stichtag 31. Dezember 2022 waren an der DSMZ 216 Beschäftigte, davon 105 wissenschaftliche Beschäftigte (inklusive Promovierende und studentische Hilfskräfte), davon 55 Frauen und 50 Männer, tätig.

Dank des hohen Anspruchs an sich selbst hat das Administrationsteam in 2022 alle Aufgaben bewältigt, ist aber noch weiter 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 sukzessiv 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. Durch das Ausscheiden des langjährigen ersten Controllers zu Beginn des Jahres 2023 wird allerdings eine neue Lücke entstehen, die noch zu füllen ist. In 2022 konnte die Einstellung einer weiteren Personalsachbearbeiterin erfolgen, um in diesem Bereich auch die administrative Geschäftsführerin von Aufgaben des operativen Geschäfts zu entlasten. Für die Stellen des in den Bereichen Sales und Logistik sowie Finanzen in 2022 ausgeschiedenen langjährigen Personals konnten bereits erfolgreiche Nachbesetzungen erfolgen, sodass hier eine nahtlose Aufgabenerledigung gewährleistet war.

WIRTSCHAFTLICHE SITUATION

Die wirtschaftliche Situation der DSMZ war im Haushaltsjahr 2022 stabil. Bei den Eigeneinnahmen 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 2022 wieder nachhaltig erfolgreich. Das Vorjahresergebnis von rund 2,5 Mio. Euro konnte auf rund 3,2 Mio. Euro gesteigert werden.

FAZIT

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!



CONTROLLING

Zahlen für die Qualität

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 seit Oktober 2022 als Leiterin der Abteilung Science Policy und Internationalisierung federführend im Bereich des Tätigkeitsspektrum der DSMZ als Registrierte Sammlung (EU-Regulation Nr. 511/2014; Nagoya-Protokoll) tätig.

PRESSE UND KOMMUNIKATION

Globaler Wissenstransfer und interne Kommunikation



PhDr. Sven-David Müller

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



Dr. Manuela Schüngel

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.

Das Compliance-Management der DSMZ umfasst die Gesetzesbereiche des Infektionsschutzes, der Biostoffverordnung und dem Gentechnikgesetz, aber auch der Bereich der Exportkontrolle sowie des Arbeitsschutzes werden aufgrund des integrativen Managementsystems hausübergreifend geregelt.

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 zusätzlich eine Akkreditierung als Referenzmaterialhersteller nach ISO 17034:2018 und die Arbeitsgruppe **DNA und Sequenzierung** der Abteilung „Bioinformatik & Datenbanken“ ist nach Arzneimittelgesetz GMP-zertifiziert (*Good Manufacturing Practice* / Gute Herstellpraxis). Das GMP-Zertifikat kann auch über den Einsatz in den Phagen-Projekten hinaus verwendet werden und zeichnet die DSMZ als bisher einziges Labor aus, das in Deutschland diese Dienstleistung für Bakteriophagen unter GMP-Bedingungen anbietet.

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.



Die Exportkontrolle verantwortet die Einhaltung rechtlicher Vorschriften hinsichtlich Abgabe 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, Institutionen und Einzelpersonen. Sämtliche Exporte von Bioressourcen müssen konform sein mit unter anderem der Verordnung (EU) 2021/821 mit der dazugehörigen Empfehlung (EU) 2021/1700 der Kommission zu Internen Compliance Programmen für die Kontrolle von Forschung im Dual-Use-Kontext, der Verordnung (EG) 428/2009 (EG-Dual-Use-Verordnung, berichtigt durch die Delegierte Verordnung (EU) 2019/2199 und in der konsolidierten Fassung 07/10/2021), dem Kriegswaffenkontrollgesetz (KrWaffKontrG, Ausführungsgesetz zu Artikel 26 Abs. 2 des Grundgesetzes), dem Außenwirtschaftsgesetz und der Außenwirtschaftsverordnung (AWG/AWV) sowie potentiellen Embargo-Vorschriften unter Nutzung der Übersicht über die länderbezogenen Embargos des Bundesamts für Wirtschaft und Ausfuhrkontrolle (BAFA). Diese sind im Wesentlichen personen- und organisationsbezogene Sanktionslisten im Rahmen der weltweiten Terrorbekämpfung sowie der Umsetzung nationaler und internationaler Erfüllungsbeschränkungen oder -verbote. Exportkontrolle beinhaltet ebenfalls den Transfer von kritischem Know-how und assoziierten Daten der Bioressourcen. 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 und entsprechende innerbetriebliche Schulung und für die Umsetzung des Leibniz-Verhaltenskodex für Biosicherheit verantwortlich.

EXPORTKONTROLLE AN DER DSMZ AM BEISPIEL DER TOXINPRODUKTION VON CYANOBAKTERIEN:

Experimentelle Daten belegen, dass es sich bei einigen Cyanobakterienstämmen aus dem Sammlungsbestand der DSMZ um Toxinbildner handelt, die unter anderem Cyanotoxine, Microcystin (MC) oder Saxitoxin (SAX) produzieren. Die Fähigkeit zur Produktion dieser Gifte wird oft pauschal ganzen Gattungen zugeschrieben, obwohl dies in vielen Fällen für die einzelnen Stämme dieser Gattungen experimentell nicht validiert ist. Die betreffenden Stämme werden als potentielle Toxinbildner angesehen. Da sowohl MC als auch SAX in der Anlage (zu § 1 Abs. 1) „Kriegswaffenliste“ unter II. Biologische Waffen 3.1 d) sowie in der Verordnung (EG) Nr. 428/2009 („EG-Dual-Use-Verordnung“) unter 1C351 d) gelistet sind, arbeitet die DSMZ seit 2021 intensiv an Maßnahmen und Verfahren, die - entsprechend des Kundenbedarfs - Verbringung von MC- und SAX-Produzenten innerhalb der EU bzw. deren Export in diesbezüglich zugelassene Nicht-EU-Länder ermöglichen sollen. Erste Erfolge dazu hat es Anfang 2022 gegeben: das BAFA hat auf Anfrage der DSMZ im Juli 2021 erklärt, dass potentiell MC-bildende Cyanobakterien nicht als Bestandteil der EG-Dual-Use Verordnung und der deutschen Ausfuhrliste zu werten sind und daher ausgeführt werden können. Seitens der DSMZ erfolgt die Ausfuhr potentiell MC-bildender Stämme seitdem über das Einfordern einer Endverbleibserklärung (EVE) und ein formalisiertes Zivilklauselprüfverfahren (ZKPV) im „Vier-Augen“-Prinzip.

Zur Detailschlüsselung von potentiellen oder tatsächlichen Toxinbildnern in DORO fanden in 2022 drei ausführliche Besprechungen statt, aktuell wird an der Umsetzung dieser Schlüsselung gearbeitet. Außerdem wurde für alle Kulturenabgaben, die eine EVE erfordern, ein formalisiertes ZKPV eingeführt.



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

Mitsprache des Kollegiums

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

Es gibt an der DSMZ eine Gleichstellungsbeauftragte und eine Stellvertreterin. 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

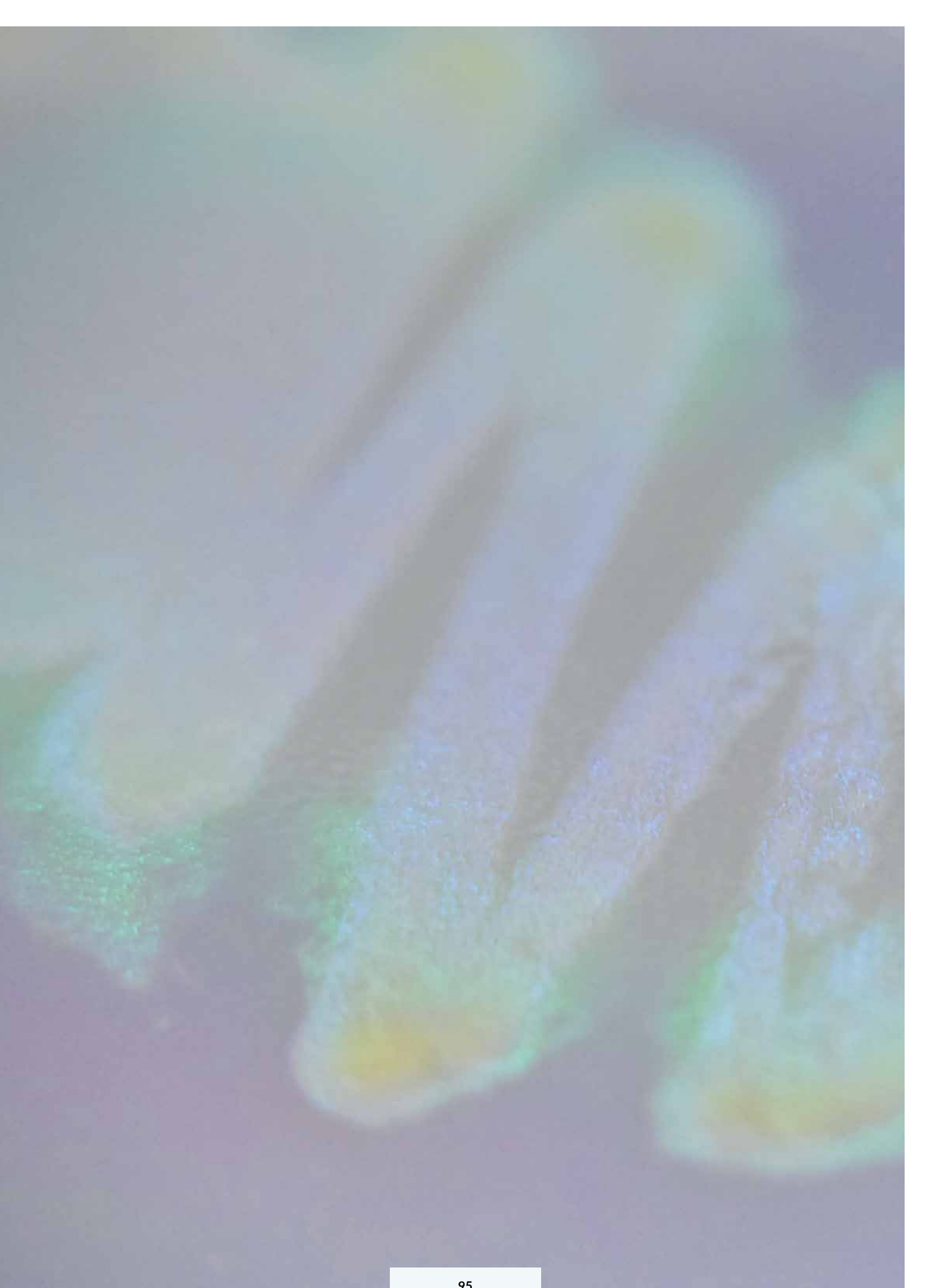
Gleichstellung von Frauen und Männern an der DSMZ verankert. Die DSMZ hat zudem die *Charta der Vielfalt* unterzeichnet und bekennt sich damit zur Einbeziehung und Wertschätzung von allen Beschäftigten, unabhängig von Geschlecht, Nationalität, Alter, Behinderung, sexueller Orientierung, ethnischer Herkunft, Religion oder Weltanschauung.

DIVERSITÄTSBEAUFTRAGTE

Der Arbeitskreis „Chancengleichheit und Diversität“ der Leibniz-Gemeinschaft hat Leitlinien und Maßnahmen erarbeitet, die in jeder Leibniz-Einrichtung zur Etablierung einer diversitätsfördernden und inkludierenden Institutskultur

beitragen sollen. Zur Verankerung und Förderung der Diversität an der DSMZ hat die Geschäftsführung im Oktober 2022 eine Beauftragte für Diversität bestellt.







ANHANG

AUFSICHTSRAT

VORSITZENDER

MR Dr. David Schnieders

Niedersächsisches Ministerium für Wissenschaft
und Kultur

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, Bremen

Prof. Dr. Hauke Harms

Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Leipzig

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

Medizinische Universität, Graz

Prof. Dr. Elizabeth Wellington

University of Warwick, Großbritannien

BESCHÄFTIGTE DER DSMZ



BESCHÄFTIGTE

Anzahl der Beschäftigten im Berichtszeitraum

2021

2022

wissenschaftliches Personal

89

105

nicht-wissenschaftliches
Personal

109

111

Frauen, insgesamt

138

150

Männer, insgesamt

59

65

Divers, insgesamt

1

1

Promovierende

12

12

Auszubildende

3

2

STELLEN GESAMT

198

216



PUBLIKATIONEN UND GUTACHTERTÄTIGKEITEN

PUBLIKATIONEN

Anzahl der Publikationen im Berichtszeitraum

2021

2022



Monographie

0

0

Abstract

0

0

Buchkapitel

10

4

Bucheditierung

0

0

Non-Refereed Publikation

8

7

Refereed Publikation

131

112

PUBLIKATIONEN GESAMT

149

123

GUTACHTERTÄTIGKEITEN

2021

2022



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

10

5

Reviews

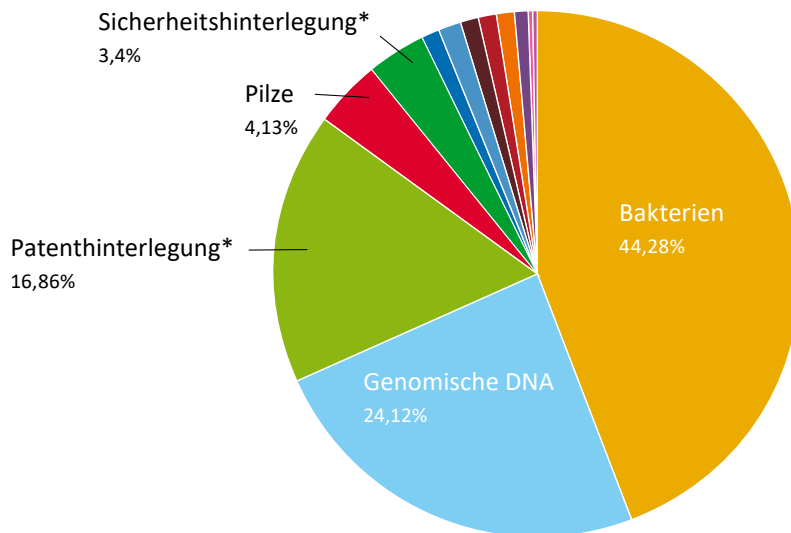
171

161

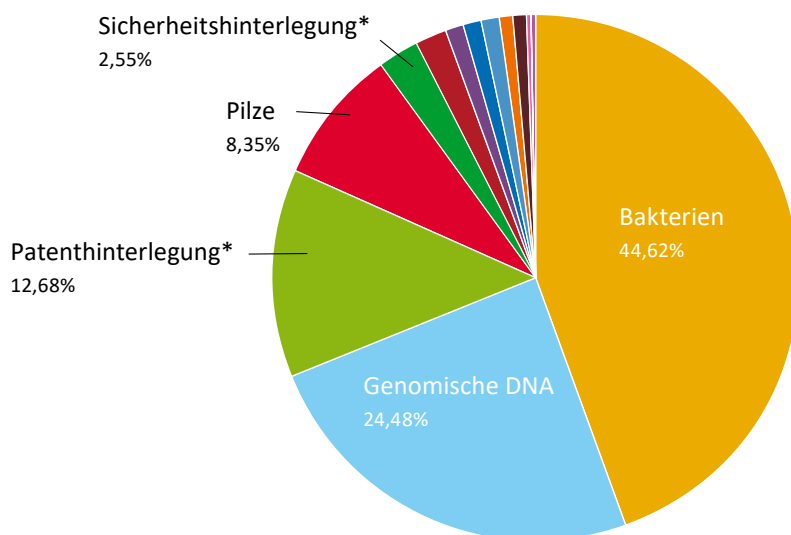
SAMMLUNG UND ENTWICKLUNG DES SAMMLUNGSBESTANDS

BIORESSOURCEN AN DER DSMZ		
Anzahl der an der DSMZ vorhandenen Bioressourcen. Nicht alle Bioressourcen sind in der öffentlichen Sammlung hinterlegt.	ÖFFENTLICHE SAMMLUNG	2022 SAMMLUNG GESAMT
Bakterien	27.492	36.848
Archaea	619	742
Pilze	2.540	7.018
Hefen	659	1.641
Humane Zellkulturen	708	708
Tierische Zellkulturen	200	200
Pflanzliche Zellkulturen	41	41
Phagen	586	1.160
Diatomeen	0	72
Protisten	1	6
Algen	2	5
Pflanzenvieren	867	867
Antisera	754	754
Genomische DNA	15.294	20.563
Patenthinterlegung*	10.320	10.320
Sicherheitshinterlegung*	2.215	2.215
Σ	62.298	83.160

VERFÜGBARE BIORESSOURCEN



SAMMLUNG GESAMT



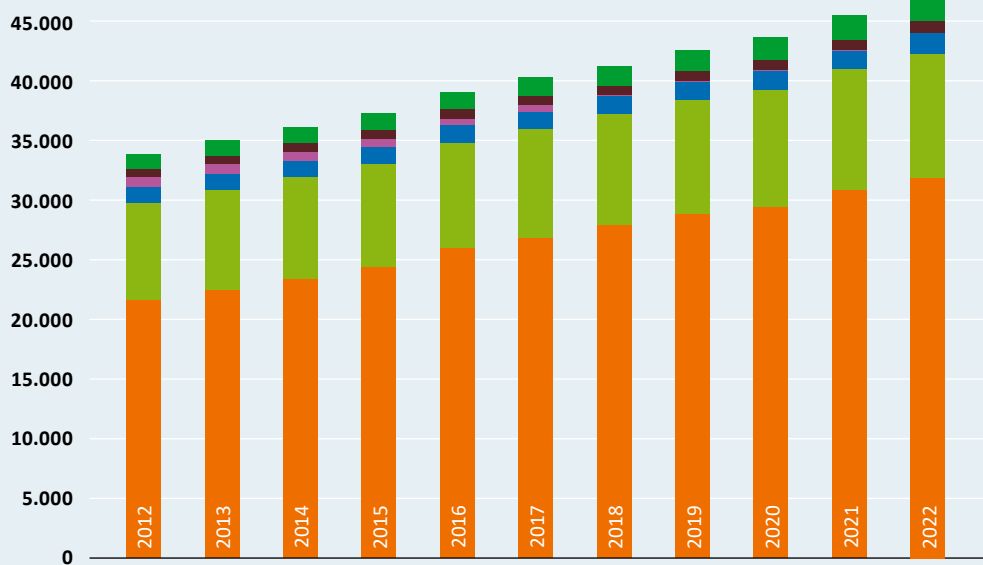
*Bioressourcen bei Patent- und Sicherheitshinterlegungen sind nur für die entsprechenden Hinterlegenden verfügbar.

ENTWICKLUNG SAMMLUNGSBESTAND

ENTWICKLUNG SAMMLUNGSBESTAND						
Jahr	Mikro- Organismen*	Patente	Pflanzenviren & Antisera*	Pflanzliche Zellkulturen*	Menschliche und tierische Zellkulturen*	Sicherheits- Hinterlegung
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
2022	31.899	10.320	1.621	41	908	2.215

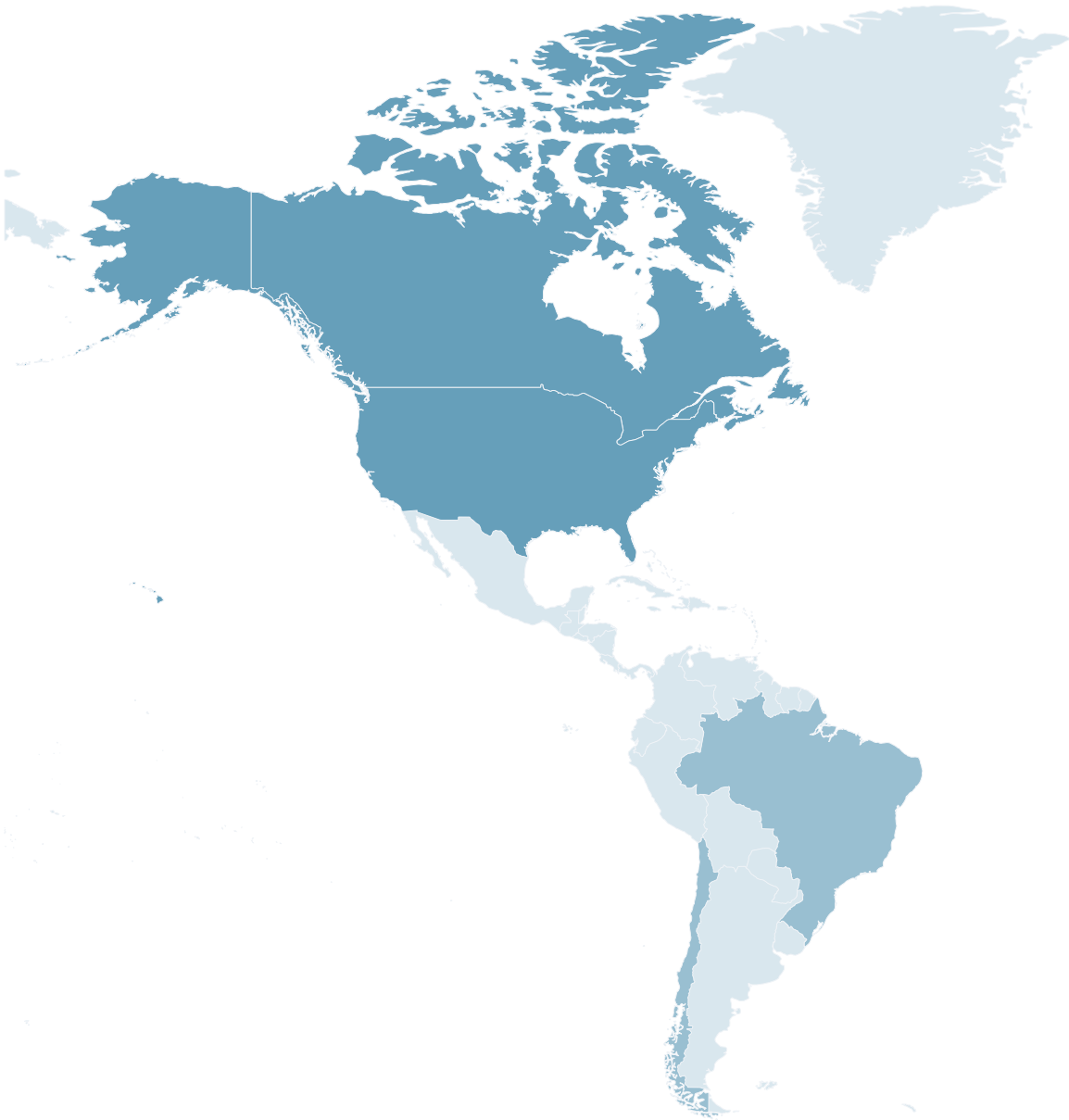
*in der öffentlichen Sammlung

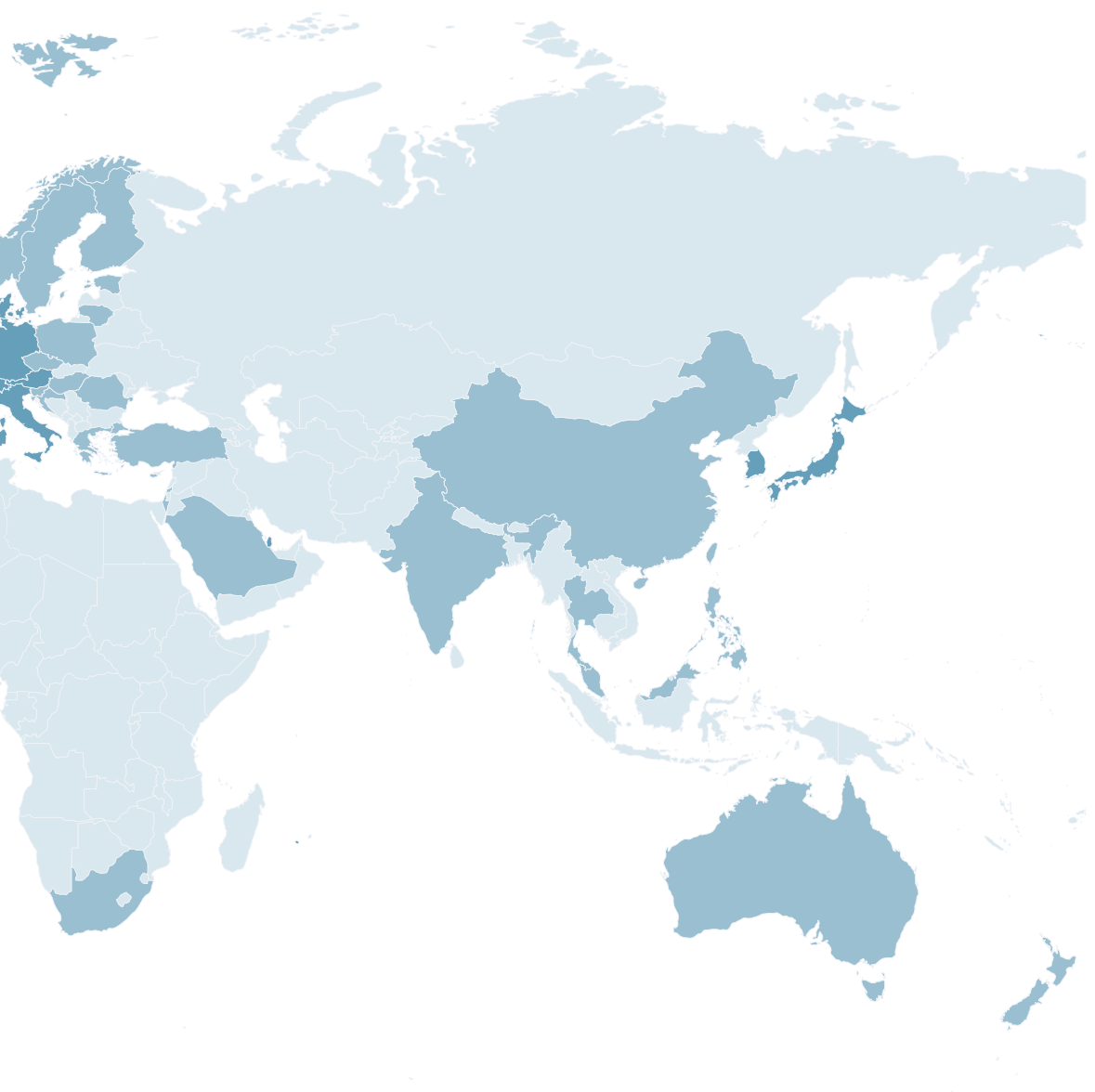
DARSTELLUNG DER KONTINUIERLICHEN ZUWACHSENTWICKLUNG DER DSMZ-SAMMLUNGSBESTÄNDE





MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN FÜR DIE WELT – KUNDEN DER DSMZ





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

2021

2022

Erträge

6.657.339,05 €

6.888.736,89 €

Anzahl aktive Kunden

4.102

4.194

Anzahl Länder

89

83

Verkauf von Bioressourcen

43.902

42.473



BESTELLSTATISTIKEN

Summe der bestellten Bioressourcen, getrennt nach In- und Ausland

2021

2022

DEUTSCHLAND

Non-Profit

5.824

5.067

Schulen

124

136

Profit

8.455

6.425

AUSLAND

Non-Profit

14.047

14.416

Profit

15.452

16.305

GESAMT

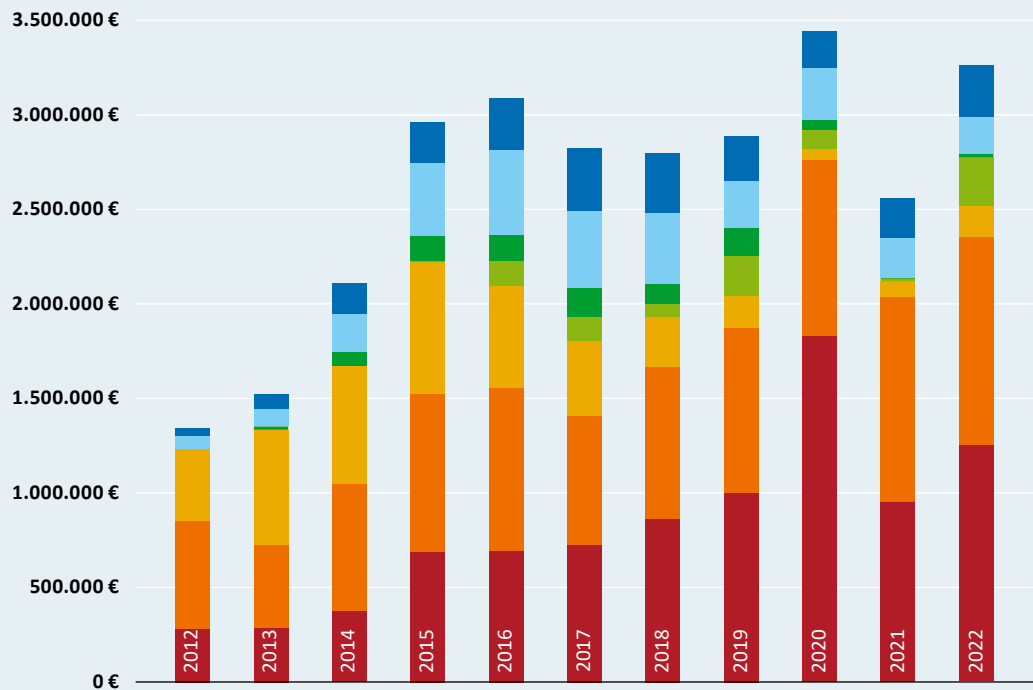
43.902

42.473

ENTWICKLUNG DER ABGERECHNETEN DRITTMITTEL

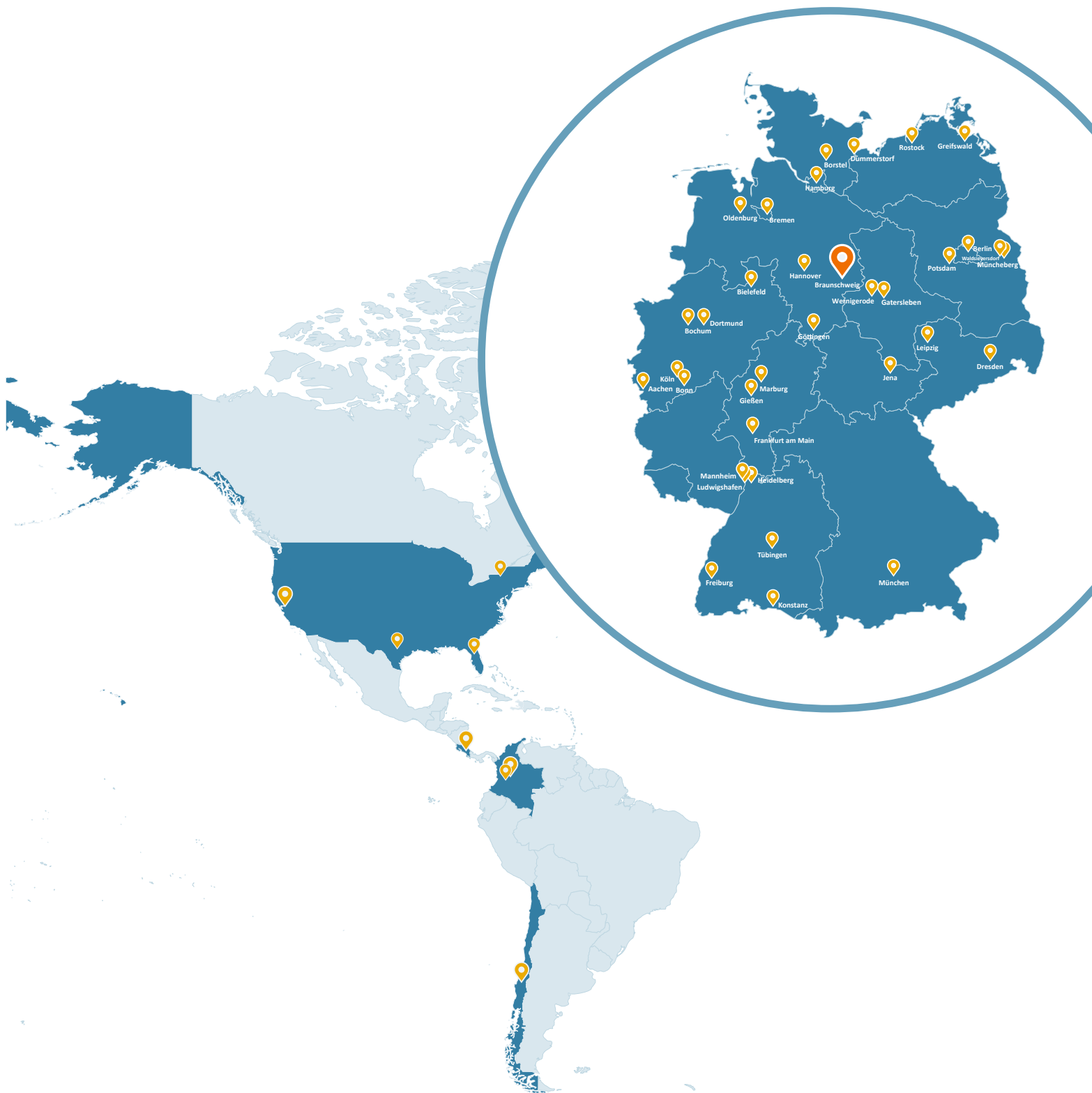
	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022
BUND	284.308,43 €	289.080,53 €	380.174,41 €	691.407,88 €	693.724,59 €	725.144,99 €	865.602,44 €	1.000.303,76 €	1.834.987,45 €	957.034,07 €	1.258.694,50 €
DFG	572.859,17 €	439.111,35 €	669.113,53 €	835.249,02 €	867.292,65 €	687.595,91 €	805.062,17 €	877.931,07 €	929.992,96 €	1.081.465,44 €	1.114.004,44 €
EU	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 €	152.166,96 €
Industrie	–	–	–	7.822,24 €	135.268,93 €	130.107,55 €	66.393,21 €	207.286,47 €	98.842,72 €	17.271,29 €	244.961,55 €
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 €	17.727,00 €
Sonstige	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 €	172.507,25 €
Leibniz	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 €	292.016,27 €
Gesamt- ergebnis	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 €	3.252.077,97 €

DARSTELLUNG DER EINGEWORBENEN DRITTMITTEL



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

Forschungspartner in 38 Ländern weltweit





STANDORTE DER DSMZ IN BRAUNSCHWEIG

BRICS
Braunschweig Integrated
Centre of Systems Biology

JULIUS KÜHN-INSTITUT

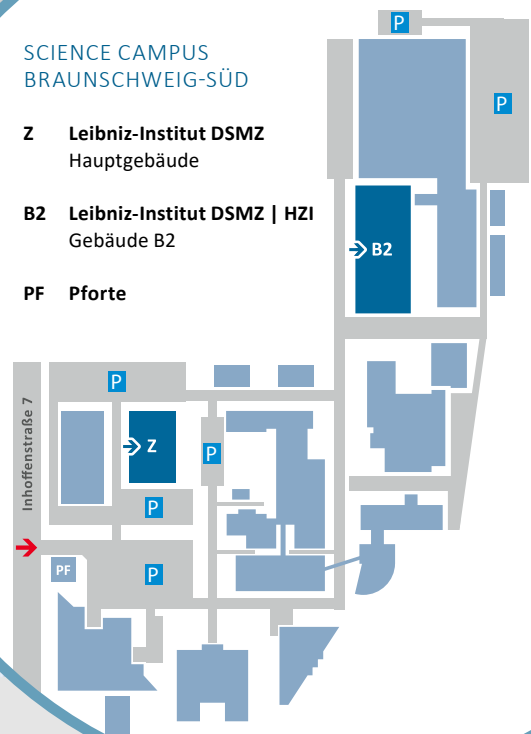
SCIENCE CAMPUS
BRAUNSCHWEIG-SÜD

SCIENCE CAMPUS
BRAUNSCHWEIG-SÜD

Z Leibniz-Institut DSMZ
Hauptgebäude

B2 Leibniz-Institut DSMZ | HZI
Gebäude B2

PF Pforte



IMPRESSUM

HERAUSGEBER



Inhoffenstraße 7 B
38124 Braunschweig
Science Campus Braunschweig-Süd
Deutschland

Telefon +49 531 2616-0

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

Saskia Schirmer (Redaktionssupport)

Vanessa Risch (Gestaltung)

FOTOS

DSMZ Fotoarchiv

mapz.com

pexels.com

DESIGN

Jonathan Stolze

www.jonathanstolze.de

Stand: 12.01.2024



Mitglied der

Leibniz
Leibniz
Gemeinschaft

