

Marine Genomik Deutschland – Genomforschung im und am Meer

Positionspapier der Arbeitsgruppe Genomik
des Konsortiums Deutsche Meeresforschung

KDM

Konsortium Deutsche Meeresforschung

Vorwort

Diese Broschüre fasst den Stand und die Perspektiven der marinen Genomforschung in Deutschland zusammen. Im Sommer 2008 trafen sich Meeresbiologen, Mikrobiologen, Bioinformatiker und Mediziner im schleswig-holsteinischen Sankelmark zu einem mehrtägigen Gedankenaustausch unter der Schirmherrschaft des Konsortiums Deutsche Meeresforschung (KDM). In Vorträgen und Gesprächen diskutierten die Teilnehmer, welche Beiträge die marine Genomforschung in den Bereichen Klima und Umwelt, Gesundheit und Industrie erbringen kann.

Bremen, September 2009

Prof. Dr. Rudolf Amann
Direktor des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie

Diese Broschüre liegt auch als PDF-Dokument auf den Internetseiten des Konsortiums Deutsche Meeresforschung (www.deutsche-meeresforschung.de) bereit.

Preface

This brochure summarizes the state of the art and the perspectives of marine genomics in Germany. In 2008 the German Marine Research Consortium (KDM) invited marine biologists, bioinformaticians, microbiologists and medical scientists to a meeting in Sankelmark, a conference center in Schleswig-Holstein. During the presentations and talks the participants discussed what perspectives marine genomics may offer for research in the areas of climate, environment, health and industry.

Bremen, September 2009

Prof. Dr. Rudolf Amann
Director of the Max Planck Institute for Marine Microbiology

This brochure is also available as a pdf on the internet pages of the German Marine Research Consortium (www.deutsche-meeresforschung.de).

Marine Genomik Deutschland – Genomforschung im und am Meer

| | |
|---|----|
| 1. Einleitung und Zusammenfassung | 1 |
| 2. Introduction and Executive Summary | 5 |
| 3. Themenschwerpunkte der marinen Genomik | 7 |
| 3.1 Im Dienste von Klima und Umwelt – Verständnis und Vorhersage | 7 |
| 3.2 Im Dienste der Gesundheit – vom Meer lernen | 11 |
| 3.3 Im Dienste der Industrie – die „verbesserte Formel“ | 15 |
| 4. Empfehlungen für die Forschung und deren Förderung | 17 |
| 5. Beteiligte Institute und Kontaktdaten | 19 |
| 6. Glossar | 22 |

Impressum

Herausgeber: Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Celsiusstraße 1
D-28359 Bremen
Telefon: +49 (0)421 2028-50
Fax: +49 (0)421 2028-580
www.mpi-bremen.de

Konzept
und Redaktion: Prof. Dr. Rudolf Amann, Dr. Fanni Aspetsberger,
Dr. Manfred Schlösser



Die Deutsche Bucht (NASA)

1. Einleitung und Zusammenfassung

Die Genomforschung, ein junger Teilbereich der Molekularbiologie und in der Medizin längst etabliert, entwickelt sich zunehmend zu einem wesentlichen Bestandteil der Meereswissenschaften. Sie ermöglicht neuartige Einblicke in die Vielfalt und Funktion der Meeresbewohner und ihre Wechselwirkung mit der Umwelt. Viele der im Konsortium Deutsche Meeresforschung e.V. (KDM) zusammengeschlossenen Institute forschen bereits erfolgreich auf diesem Gebiet. Durch die für eine biologische Disziplin relativ hohen Kosten, spezifische Geräteanforderungen und große Datenmengen stellt die Genomforschung jedoch große Herausforderungen an jede Einzelinstitution. Daher besteht der dringende Bedarf nach Abstimmung und Integration der aktuellen Aktivitäten, gerade im Hinblick auf zukünftige Forschungsverbünde und gemeinsame Forschungsanträge. Hierfür richtete das KDM im Jahr 2007 eine Arbeitsgruppe ein, deren Ergebnisse zum Stand der deutschen Genomforschung im und am Meer in dieser Broschüre zusammengefasst sind.

Die Marine Genomik umspannt ein weites Feld: Sie umfasst neben der Sequenzanalyse des Genoms einzelner Meeresorganismen auch die Metagenomik, die versucht, die gesamte Erbinformation eines Lebensraumes zu erfassen. Zudem werden umfassende Genexpressionsanalysen (Bestimmung der Genaktivität) mittels Transkriptomik und Proteomik durchgeführt. Eine spezielle Rolle in der Genomik nehmen die Bioinformatik und statistische Analyse der Daten bis hin zur Modellierung von Ökosystemen ein. Viele der im KDM organisierten Institutionen bauen zur Zeit eigene Kapazitäten im Bereich Genomik auf oder nutzen – z.B. für die Genomsequenzierung oder die Proteomik – nationale und internationale Ressourcen.

Nationale Zentren für Genomforschung bestehen an den Universitäten in Bielefeld, Göttingen, Kiel und Greifswald sowie am Max-Planck-Institut (MPI) für Molekulare Genetik in Berlin. Deutschland hat aufgrund seiner langen Tradition in der Erforschung der Physiologie und Biochemie mariner Organismen einen entscheidenden Standortvorteil. Die deutsche Expertise in Genomik und Meereswissenschaften zusammen mit den Langzeit-Beobachtungsstationen in der Nordsee (z.B. Helgoland, Sylt), der Ostsee und in Schlüsselregionen des Atlantischen Ozeans (z.B. bei den Kapverdischen Inseln) bieten exzellente Möglichkeiten, genomische Untersuchungen mit Umwelteinflüssen in Folge des Klimawandels und menschlichen Einflusses zu verbinden. Die Umsetzung dieses

Warum Marine Genomik?

Unsere Welt verändert sich – die Daten der Klimaforscher sprechen eine deutliche Sprache. Auch die Marine Genomik ist dadurch gefordert. Sie hat bereits die Sicht auf die Rolle der Mikroorganismen in den globalen Stoffkreisläufen nachhaltig verändert. Heute ist klar, dass die biogeochemischen Kreisläufe im Meer von Mikroorganismen kontrolliert werden. Die Marine Genomik erlaubt einen schnellen und umfassenden Blick in den genetischen Bauplan der im Meer und Meeresboden lebenden Mikroorganismen und in die biologische Vielfalt mikrobieller Lebensgemeinschaften. Diese Informationen sind wesentlich, um das System Erde als Ganzes und seine mögliche zukünftige Veränderung zu verstehen.

Im Erbgut der Tiere, Algen und Mikroorganismen spiegeln sich Vielfalt und Funktion der Lebewesen wider. Bisher ist nur ein kleiner Teil der weltweit vorkommenden Mikroorganismen wissenschaftlich erfasst. Um die komplexen ökologischen Systeme, die Lebensgemeinschaften und ihre vielfältigen Wechselwirkungen zu erforschen, bedarf es entsprechender genomischer Untersuchungen. Die technischen Möglichkeiten sind vorhanden: das Tempo, mit dem Erbinformation mittels Genomsequenzierung gelesen werden kann und die daran anschließende bioinformatische Analyse der riesigen Datensätze haben sich in den letzten Jahren rasant entwickelt. Dadurch liegen neue Werkzeuge bereit, um die Wirkungen und Rückkopplungen des globalen Klimawandels und die Anpassung von Lebensgemeinschaften an ihre veränderte Umwelt zu erfassen. Neben den Umweltaspekten eröffnet die Marine Genomik auch der Identifizierung und kommerziellen Nutzung von Naturstoffen neue Wege. Hier seien als Beispiel effektive Waschmittel, neuartige Biomaterialien und Werkstoffe, aber auch neue Medikamente und medizinische Therapien genannt.

großen Potentials allerdings erfordert jetzt angesichts der technischen Komplexität und der hohen Kosten eine gezielte Förderung. Hier waren und sind vor allem das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) ebenso wie die Helmholtz-Gemeinschaft (HGF), Max-Planck-Gesellschaft (MPG) und Leibniz-Gemeinschaft aktiv.

Die KDM-Arbeitsgruppe erwartet in Zukunft vor allem aus Verbundprojekten unter Beteiligung von Universitäten und Forschungsinstituten große Synergien und eine Stärkung der Forschung im deutschen Küstenraum in der Schlüsseltechnologie Genomforschung. Konkret werden in dieser Broschüre drei Schwerpunkte vorgestellt:

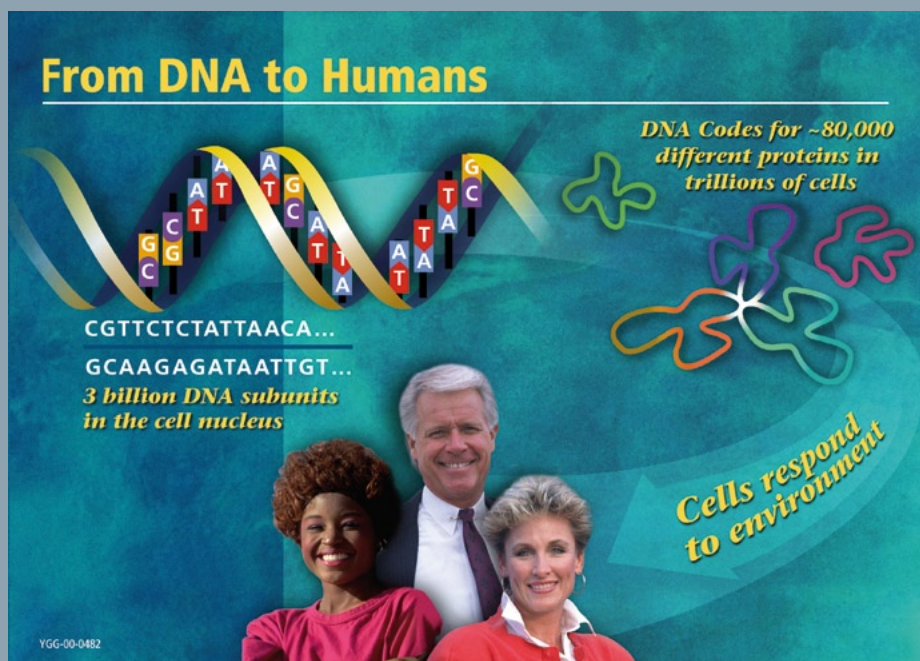
- **Genombasierte Erdsystemforschung**, um Einblicke in das komplexe Zusammenspiel der Organismen mit ihrer Umwelt zu bekommen,
- **Gesundheit und Ernährung**, über die Erforschung von Infektionsbarrieren und toxischen Algen und
- **„blaue“ Biotechnologie** mit dem Ziel der industriellen Nutzung der marinen Diversität.

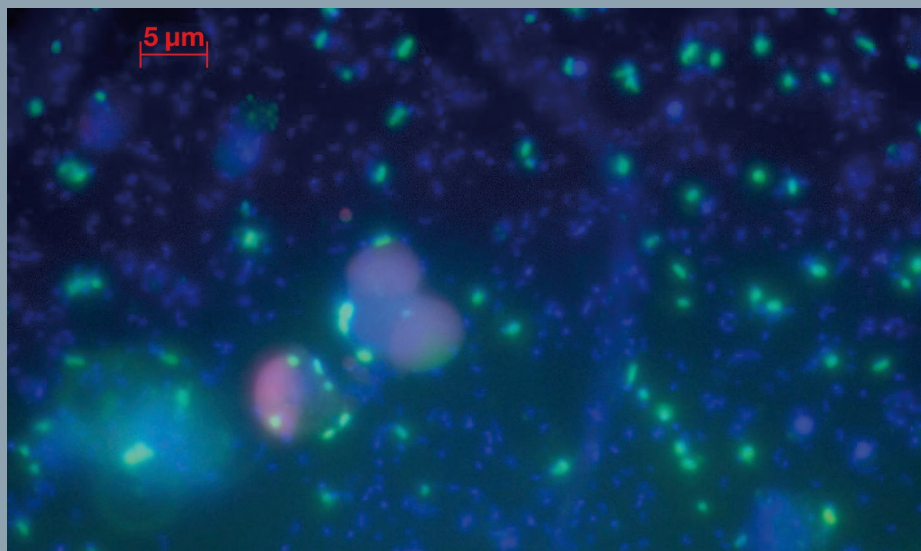
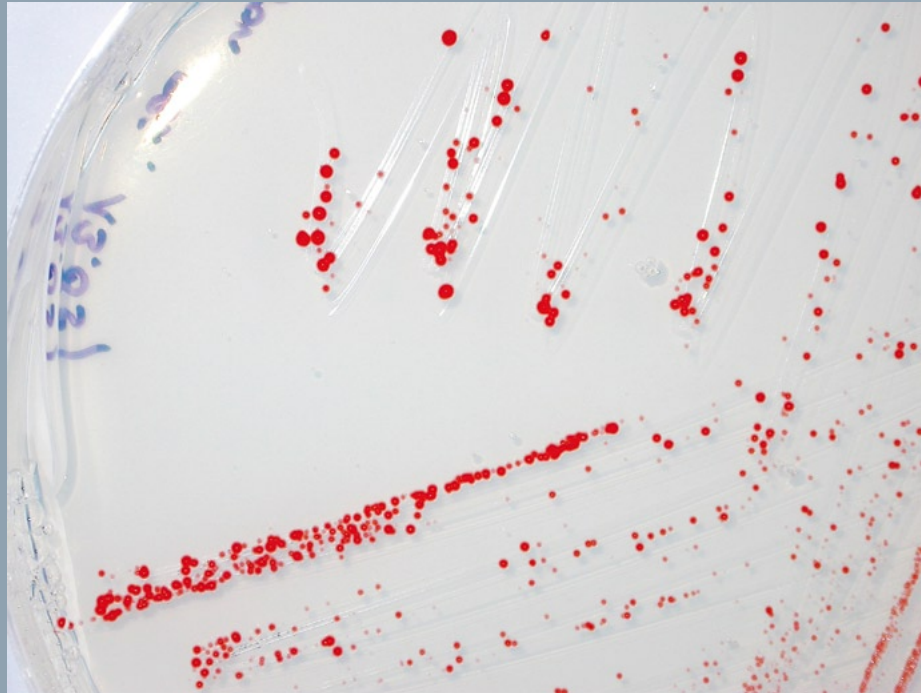
Mit einer angemessenen Förderung kann die „Genomforschung im und am Meer“ zu einem bundesländerübergreifenden Schwerpunkt werden, der national und international das wissenschaftliche Profil in den deutschen Küstenländern sichtbar macht und schärft.

Geno... – was?

Was hinter den Begriffen Genomik, Metagenomik und funktionelle Genomik steckt.

Forscher haben in den letzten Jahren Werkzeuge geschaffen, um aus der wenig informativ erscheinenden Abfolge der DNA-Bausteine C, G, A und T die darin gespeicherte Information herauszufiltern. Wie die einzelnen Gene im „Orchester“ Genom zusammenwirken und sich gegenseitig beeinflussen, ist das Thema der **Genomik**. Schützenhilfe kommt dabei von der Bioinformatik, die die Sequenzdaten mit Computerprogrammen analysiert. Verschiedene Strategien helfen, an die Sequenzdaten zu kommen. Aus einem einzelnen Makroorganismus oder einer Reinkultur von Mikroorganismen kann man die unbekannte DNA isolieren, mit moderner Sequenzieretechnik sehr schnell entschlüsseln und daraus das Genom rekonstruieren. Problematisch ist es bei Proben aus der Natur. Viele Mikroorganismenarten wachsen nicht unter Laborbedingungen, nur wenige kann man züchten. Um die einzelnen Gensequenzen aus einer Umweltprobe zu erhalten, nutzt man die **Metagenomik**, die die zeitraubende Zellkultivierung umgeht: Man analysiert einfach mehrere Genome gleichzeitig. Dazu isoliert man die Gesamt-Erbsubstanz einer Umweltprobe und erhält ein Gemisch verschiedener DNAs. Dieses wird zerkleinert und als Klone vervielfacht. Man erhält so eine Metagenombibliothek, die anschließend sequenziert werden kann. Dieses durcheinander geratene DNA-Puzzle kann nur noch mit Computerhilfe sortiert werden. Nach einem mathematischen Algorithmus analysiert ein Computerprogramm die Sequenzen und kann mit statistischen Methoden die ursprünglichen Genome nachbilden. Die **Funktionelle Genomik** versucht zu erklären, welche Genabschnitte durch welche extra- und intrazellulären Signale angeschaltet (Transkriptomik) und als Protein (Proteomik) exprimiert werden.





Genomanalytik an Makroorganismen, z.B. Menschen (U.S. Department of Energy Genome Programs <http://genomics.energy.gov>), mikrobiellen Reinkulturen (Genomik) und Mischkulturen (Metagenomik). Genomische Analysen kultivierter Bakterien und kultur-unabhängige genomische Methoden ergänzen sich bei der Untersuchung: Die Sequenzierung des gesamten Genoms kultivierter Meeresbakterien beschränkt sich auf die wenigen kultivierbaren Arten. Diese Technik hat allerdings den Vorteil, deutlich mehr physiologische Details zu liefern als die Metagenomik. Letztere bietet stattdessen Aussagen von hoher ökologischer Relevanz.

2. Introduction and Executive Summary

Genomic research, well established in medicine, is becoming increasingly important in Marine Sciences. It allows for novel insights into the diversity and function of marine organisms and their interaction with the environment. Many of the institutions united in the German Marine Research Consortium e.V. (KDM) are already successfully working in this new area of research. However, genomic research – with high costs compared to other biological disciplines, specific instrument requirements and high data loads – poses great challenges to single institutions. Hence, there is a strong incentive to coordinate and integrate



current activities, especially with regard to future research networks and concerted research proposals. Therefore, the KDM set up a working group in 2007, which – based on two workshops – herewith presents a brochure about the state-of-the-art of German marine genomic research.

Marine Genomics span a broad field: They comprise single organism genome sequence analysis as well as metagenomics, which aims at the total genetic information in a habitat, comprehensive analyses of gene expression using transcriptomics and proteo-

mics, bioinformatics and modelling. Many of the KDM member institutions are currently building capacities in the area of genomics or utilising national and international resources – e.g. for genome sequencing or proteomics. National centres for genomic research exist at the universities of Bielefeld, Göttingen and Greifswald as well as at the Max Planck Institute for Molecular Genetics in Berlin. The German expertise in genomics and marine science combined with long-term sampling locations in the North Sea (e.g. Helgoland, Sylt), the Baltic Sea and in key regions of the Atlantic Ocean (e.g. off the Cape Verde Islands) present excellent opportunities for linking marine genomics with changes in environmental forcing resulting from climate change, and other human impacts. However, the high costs and technical complexity now require a concerted effort to promote research projects to get the maximum out of this great potential. Above all, the BMBF, DFG and the research societies HGF, MPG and Leibniz have been active in this field in the past and present.

The KDM work group expects great synergies and a strengthening of marine genomics research along the German coasts from joint research projects involving universities and research institutes. In detail, three main focuses are presented in this brochure:

- **genome-based earth system studies**
- **health and nutrition**, comprising the investigation of infection barriers and toxic algae and
- **‘blue’ biotechnology**, aiming at an industrial use of marine genetic resources.

Adequate sponsorship can help develop genomic research in the sea and at sea to a research focus spanning across the borders of federal states, supporting the national and international profile of state-of-the-art marine science in Germany.

„Mikrobielles Monitoring“ – Bedeutung der Genomforschung für die marine Umweltüberwachung

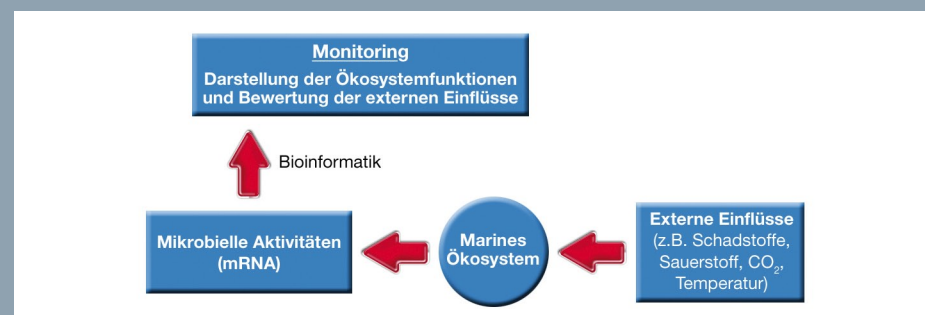
Insbesondere in Randmeeren wie der Nord- und Ostsee ist eine kontinuierliche Langzeitüberwachung (Monitoring) physiko-geochemischer und biologischer Parameter notwendig, um Änderungen im Ökosystem zu erfassen. Ein solches Monitoring erfasst heute bereits langfristige Änderungen in den Nährstoffkonzentrationen, im Zoobenthos sowie in höheren Organismen der pelagischen Nahrungskette (Phyto-, Zooplankton), die Ergebnisse fließen in Modellvorhersagen ein.

Doch es klafft eine große Lücke: Für die biogeochemischen Stoffumsetzungen, Grundlage der gesamten Ökosystemdynamik, sind Mikroorganismen verantwortlich, deren Vielfalt und Aktivität bisher nicht oder unzureichend erfasst wird. Gründe liegen in der mangelnden Kenntnis der beteiligten Organismen und in der bisher nicht für Routinearbeiten etablierten Methodik.

Die rasante Entwicklung molekularer Techniken führt zu grundlegend neuen Möglichkeiten, insbesondere für die Untersuchung mikrobieller Aktivitäten und Funktionen. Mikroorganismen reagieren auf Umweltveränderungen sehr schnell mit einer Umstellung ihres Stoffwechsels (d.h. die so genannte mRNA, Boten-RNA, wird herunter- und hochreguliert). Die Analyse von Umwelt-mRNA gibt somit zügig ein detailliertes Bild über den ökologischen Zustand der Lebensgemeinschaft und den Einfluss externer Faktoren (z.B. Schadstoffe, Sauerstoff, CO₂, Temperatur) (Abb. 1).

Dieses „mikrobielle Monitoring“ ist von hoher ökologischer und umweltpolitischer Relevanz, da Ozeane und Seen – je nach Organismengemeinschaft – als Senke oder Quelle von Treibhausgasen wie CO₂ fungieren. Globale Erwärmung kann die aquatischen Mikroorganismengemeinschaft und in der Folge wichtige Stoffflüsse verändern. Die Folgen dieser Veränderung müssen abschätzbar sein, um darauf angemessen reagieren zu können.

Die Zukunftsvision eines on-line Monitoring, in dem die neuen Technologien der Molekularbiologie mit bereits zur Verfügung stehenden, automatisierten Mess- und Probenahmeeinrichtungen gekoppelt werden, erfordert noch einigen Aufwand. Doch nur die marine Genomforschung ermöglicht eine zeitgemäße und effektive biologische Überwachung und Einschätzung mariner Systeme.



Hochauflösendes Monitoring von externen Einflüssen über die Analyse von mRNA-Spektren, welche die entsprechenden Umweltparameter widerspiegeln.

3. Themenschwerpunkte der marinen Genomik

3.1 Im Dienste von Klima und Umwelt – Verständnis und Vorhersage

Der globale Klimawandel ist mittlerweile unbestritten, ebenso wie der menschliche Beitrag, beispielsweise in Form von Treibhausgasen, Umweltverschmutzung und Überdüngung. Wissenschaftler beobachten beispielsweise für die Nord- und Ostsee einen kontinuierlichen Temperaturanstieg über die letzten 40 Jahre. Um diesen Wandel zu erfassen, müssen wir genau verstehen, aus welchen Gruppen und Arten sich ein Ökosystem zusammensetzt und welche Rolle sie spielen. Die Genomik ermöglicht es – dank der Entwicklung in den Bereichen Robotik, Sequenzieretechnik und Bioinformatik und so genannter Hochdurchsatzmethoden – die enorme Vielfalt und deren räumliche und zeitliche Veränderung großräumig zu beschreiben.

Die Auswirkungen des globalen Wandels werden im marinen Lebensraum besonders deutlich: Gerade sensible Systeme wie die polaren Ozeane oder die relativ kleine und erdgeschichtlich junge Ostsee reagieren schon auf geringe



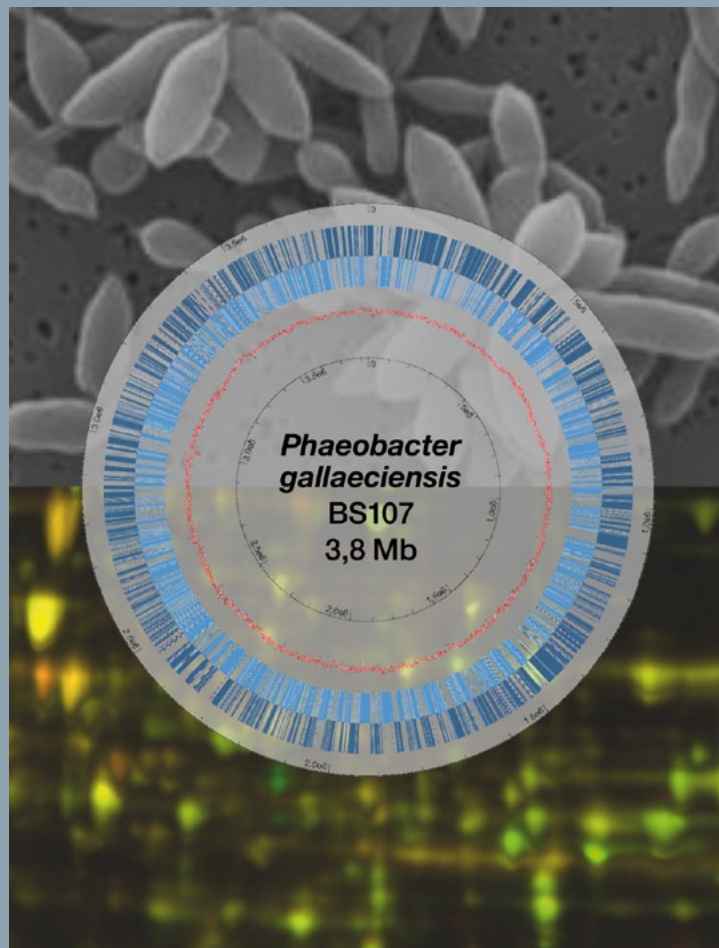
Veränderungen sehr empfindlich. Viele Meere und im Speziellen deren Küstenregionen leiden unter den Folgen des gestiegenen Eintrags von Nährstoffen wie Phosphaten und Nitraten, der zu Eutrophierung und vermehrtem Algenwachstum führt. Die „neuen“ Stressfaktoren belasten einzelne Individuen ebenso wie die Population bis hin zum ganzen Ökosystem. Die Folgen sind mannigfaltig: von Verschiebungen der Artenzusammensetzung bis zu Störungen der Stoffkreisläufe im Meer, die über den Austausch von Gasen auf die Atmosphäre rückkoppeln.

Envisat-Satellitenbild einer Cyanobakterienblüte in großen Teilen der Ostsee (aufgenommen am 13. Juli 2005). Solche Blüten sind in der Ostsee zu dieser Jahreszeit nicht unüblich, als Folge der Kombination warmen Wetters mit phosphorreichen Wassermassen. (ESA/Envisat)

Beispielsweise kann es zur Verdrängung einheimischer Arten kommen. Besser angepasste, fremde Arten wandern ein und verändern die Lebensgemeinschaft nachhaltig. Zudem fördert die globale Vernetzung der Märkte den Transport von Arten über weite Strecken, beispielsweise im Ballastwasser von Schiffen. Erschreckende Beispiele hierfür sind die Ausbreitung der Rippenqualle *Mnemiopsis leidyi* im Schwarzen Meer, die die dortigen Fischbestände dezimiert, oder giftige Algenblüten in der Ostsee.

Fallbeispiel: Roseobacter

Etwa 20% des gesamten Bakterioplanktons in Küstengewässern und etwa 5 bis 10% im offenen Ozean entstammen der Roseobacter-Bakteriengruppe. Auf Grund ihrer Häufigkeit und Vielfalt sind Roseobacter wichtige Akteure im marinen Kohlenstoff-, Stickstoff- und Schwefelkreislauf. Sie sind heterotroph, verwerten Treibhaus relevantes Kohlenmonoxid und DSMP (Dimethylsulfonio-propionat), bauen Aromaten ab, produzieren pro- und antibiotische Sekundärstoffe und können assoziiert mit Eukaryonten (z.B. Algen) leben. Roseobacter leben auf Schwebstoffen, können auch in sauerstofffreien Oberflächenwässern aktiv sein und beeinflussen die Entwicklung von gelöstem organischem Kohlenstoff (DOC) in der marinen Wassersäule. Da Mitglieder der Roseobacter-Gruppe im Labor kultivierbar sind, stellen sie ein hervorragendes Studienobjekt für genomische und nachfolgende systembiologische Untersuchungen dar. Auf Grund ihrer ökophysiologischen Bedeutung für das Meer werden gegenwärtig 40 Roseobacter-Genome bestimmt. Diese vergleichende Genomanalyse wird ein erstes Verständnis vom globalen Erfolg, aber auch spezifischer Nischenanpassungen der Roseobacter-Gruppe erlauben. Mit Hilfe moderner systembiologischer Untersuchungen an ausgewählten Modellorganismen (z.B. *Phaeobacter gallaeciensis*) sollen die molekularen Mechanismen für Erfolg im Lebensraum (Habitat), Anpassungsstrategien an die Habitatdynamik und Wechselwirkungen mit Eukaryonten verstanden werden.

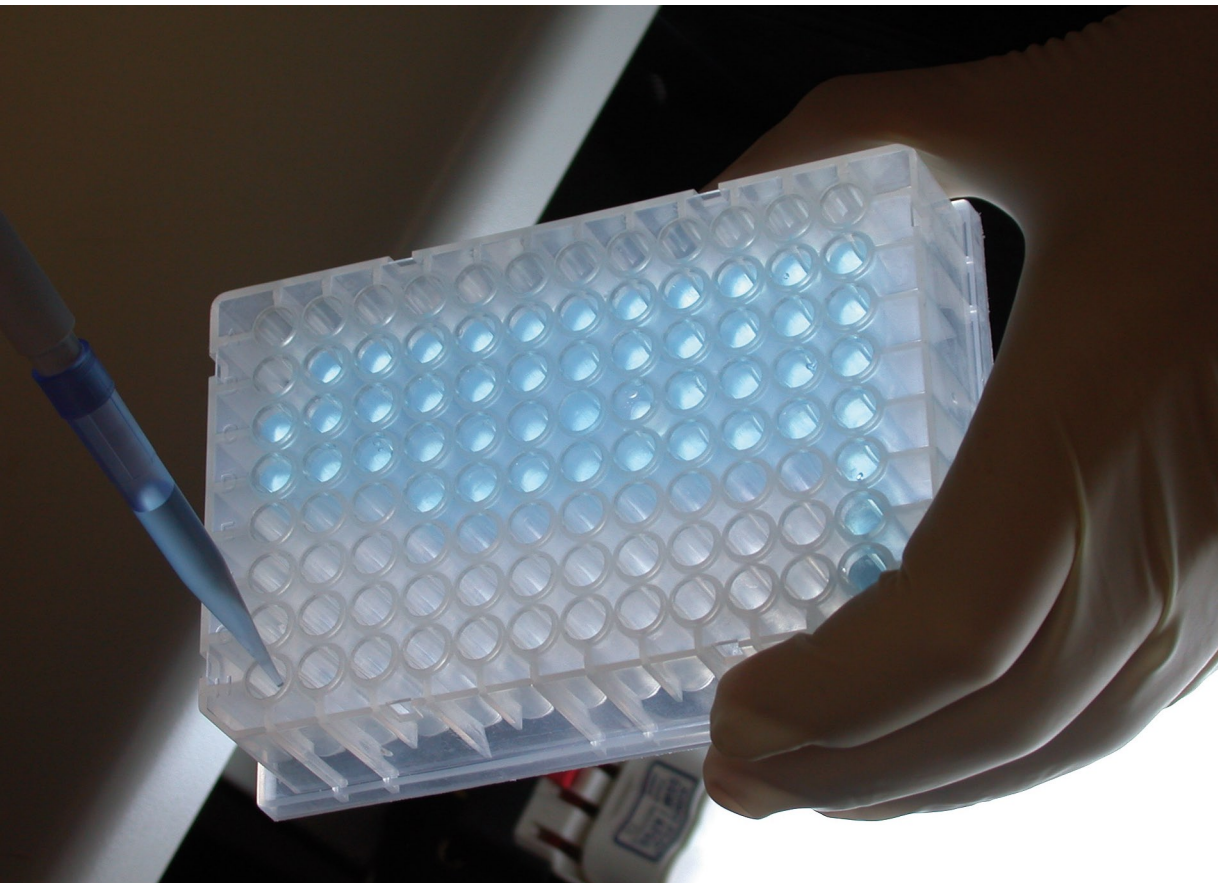


Elektronenmikroskopische Aufnahme und ein stilisiertes Genom von dem Modellorganismus *Phaeobacter* (R. Rabus).

Die Anpassungsfähigkeit der einzelnen Arten ist durch ihre physiologischen Toleranzgrenzen bestimmt. Kennt man die Genome und Proteome der jeweiligen Organismen, so ist man den Prozessen, die diese Grenzen definieren, auf der Spur. Dadurch kann man die Gefährdung von oder durch Schlüsselarten – beispielsweise dominante oder eingewanderte Arten, pathogene Organismen oder giftige Algen – abschätzen. Eine verlässliche Risikoabschätzung ermöglicht schließlich die Erstellung belastbarer Vorhersagemodelle über mögliche Veränderungen des Artenspektrums.

Solche belastbaren Vorhersagen erstrebt die Marine Genomik auch noch in anderer Hinsicht: Genomische Untersuchungen erlauben einen Blick hinter die Kulissen der großen biogeochemischen Kreisläufe – beispielsweise den Kohlenstoffkreislauf im Meer. Die mikrobielle Gemeinschaft kontrolliert diese Stoffflüsse maßgeblich, wurde bislang aber häufig als eine Art „black box“ betrachtet. So blieb meist unklar, welche mikrobiellen Prozesse den Stoffflüssen zugrunde liegen. Das machte die Prozesse wiederum kaum vorhersagbar.

Die „genomische Revolution“ öffnet erstmals ein Fenster auf die mikrobiellen Aspekte der Biogeochemie: Die Sequenzierung mikrobieller Genome erlaubt, den Stoffwechsel einzelner Arten nachzuvollziehen. Die Metagenomik, die ein weitgehend unverfälschtes Bild der DNA einer mikrobiellen Gemeinschaft liefert, bildet entsprechend die Umsetzungen ganzer Gemeinschaften ab. In der Folge können Stoffflüsse mit biochemischen Stoffwechselwegen der anwesenden Mikroorganismen korreliert und besser verstanden und vorhergesagt werden – und beispielsweise in Klimamodelle einfließen.



Fallbeispiel Cyanobakterien: Genomanalyse auf allen Niveaus

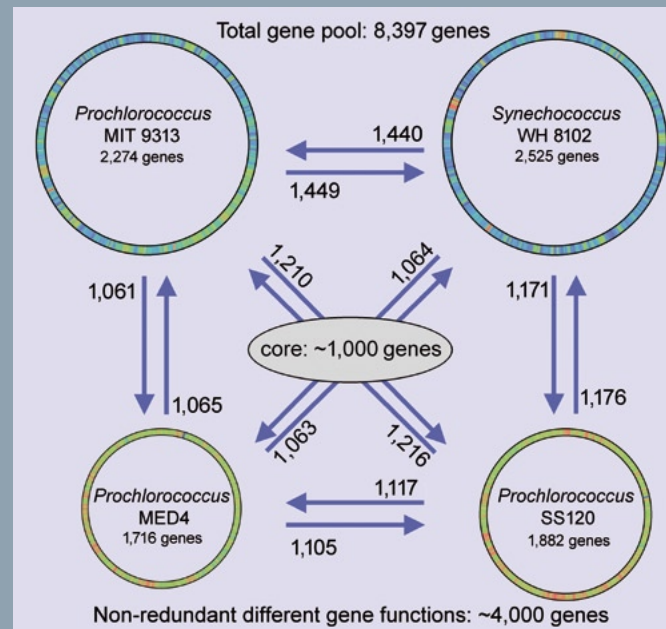
Cyanobakterien bieten ein besonders spannendes Forschungsobjekt der Systembiologie – der Analyse der Gesamtheit aller für einen bestimmten Organismus verfügbaren Informationen (Genom, Transkriptom, Proteom) in übergreifenden Modellen. Mit den beiden Gattungen *Synechococcus* und *Prochlorococcus* stellen die früher auch als blaugüne Algen bezeichneten Cyanobakterien die bedeutendste Gruppe mariner Primärproduzenten; andere Arten reichern das Meer durch die Fixierung von Stickstoff direkt mit diesem wichtigen Nährstoff an. Es existieren bereits umfassende Datensets, darunter 22 Totalgenomsequenzen, die einen intensiven und effektiven Gentransfer innerhalb dieser Organismengruppe belegen.

Die Zahl der Gene, die allen bisher untersuchten *Synechococcus* und *Prochlorococcus*-Cyanobakterien gemeinsam ist, beträgt etwa 1000-1100 – das so genannte **Kerngenom**. Die von diesen Genen kodierten Proteine decken alle grundlegenden Funktionen ab. Interessanterweise enthält jedes einzelne der untersuchten 22 Genome darüber hinaus 600-1700 weitere Gene. Diese sind entscheidend für die genetische Vielfalt dieser Mikroorganismen und die Anpassung an sich wandelnde Umweltbedingungen.

Mit Hilfe mathematischer Modelle versuchen Wissenschaftler, die genetische Diversität auf Grundlage der existierenden Genomdaten zu berechnen. Dabei wird entweder die Gesamtzahl aller vorhandenen Gene (**Pangenom**) oder die Zahl der Gene, die mit einer bestimmten Mindesthäufigkeit, z. B. von 1% vorkommen, abgeschätzt (**Supragenom**). Das Supragenom von *Synechococcus* und *Prochlorococcus* umfasst demnach beinahe 35500 Gene – mehr, als es beispielsweise im menschlichen Genom gibt!

Aus solchen Modellen kann man ableiten, wie viele weitere individuelle Genome analysiert werden müssen, um die wichtigsten Gene der Gruppe zu erfassen. Im vorliegenden Beispiel wären das beinahe 1500 weitere Genome – keine leichte Aufgabe.

Noch spannender ist, dass die Funktion der Gene außerhalb des Kerngenoms weitgehend unerforscht ist – sie ist nur von einem knappen Drittel bekannt. Durch funktionelle Analysen können die physiologischen und biochemischen Funktionen der „schweigenden zwei Drittel“ identifiziert werden. Das Verständnis gerade dieser Genfunktionen ist essentiell, um die Anpassungsfähigkeit dieser wichtigsten marinen Primärproduzenten an Stressfaktoren und generell an sich wandelnde Umweltbedingungen zu verstehen. Ähnliches gilt auch für die meisten anderen marinen Mikroorganismen. Die nächsten Jahre werden hier eine Vielzahl fundamentaler metabolischer und biochemischer Eigenschaften ans Tageslicht bringen.

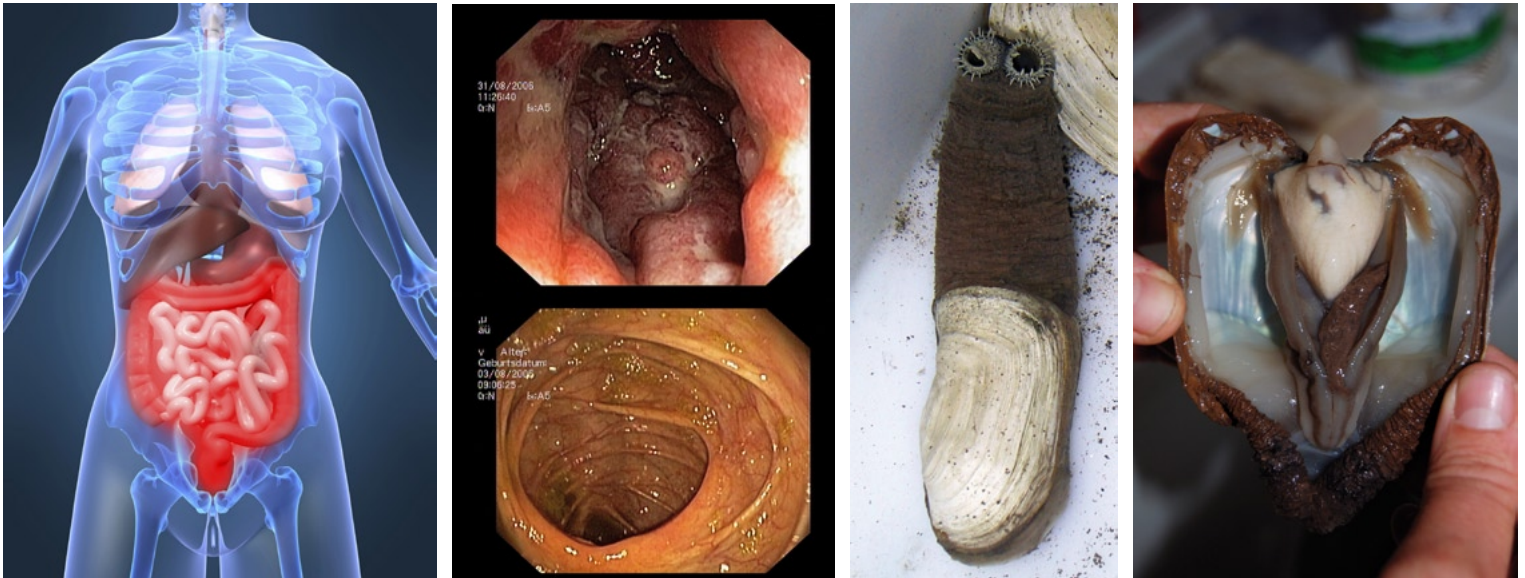


Vergleichende Genomik von vier marinen Cyanobakterien (W. Hess, Current Opinion in Biotechnology 2004).

3.2 Im Dienste der Gesundheit – vom Meer lernen

Naturstoffe sind in der Menschheitsgeschichte seit jeher zur Behandlung von Erkrankungen mehr oder weniger erfolgreich eingesetzt worden. Vor der Entdeckung der Krankheitserreger – Bakterien und Viren – gab es für zahlreiche Erkrankungen keine wirkungsvolle Behandlung. Erst die Entwicklung von Antibiotika und antiviralen Medikamenten basierend auf Naturstoffen bot die Chance einer vollständigen Heilung mancher sonst tödlich verlaufender Infektionskrankungen. Auslöser dieser Entwicklung war die Entdeckung des Penicillins in den 1930er Jahren durch Alexander Fleming, der beobachtete, wie eine Bakterienkultur durch Wirkstoffe eines Schimmelpilzes am Wachsen gehindert wurde. Dieses erste Antibiotikum war ein Zufallsfund. Inzwischen geht die Forschung bei der Suche nach neuen Wirkstoffen zielgerichteter vor. Verbindungen zu isolieren bzw. deren Struktur als Leitstruktur für die Synthese neuer bioaktiver und pharmakologisch bedeutsamer Substanzen zu nutzen, ist mittlerweile ein wichtiger Zweig der medizinischen Forschung und Entwicklung.

Im Laufe der Evolution haben Pflanzen und andere festsitzende Meeresbewohner wie Schwämme und Korallen Strategien entwickelt, um sich gegen Fraßfeinde und Mikroorganismen zu verteidigen. Sie schütten spezielle chemische Verbindungen aus, die giftig für die Angreifer sind. Diese so genannten Sekundärmetabolite (s. sekundäre Naturstoffe) sind Produkt einer Millionen von Jahren andauernden Evolution, die eine Vielzahl verschiedener Moleküle hervorgebracht hat – und dies mit einer Effizienz, die kein chemisches Labor in absehbarer Zeit je erreichen wird. „Von den Abwehrstrategien der Natur lernen“ heißt die Devise, denn die Forscher sehen deutliche Parallelen zwischen der Infektion eines menschlichen Organs und der Infektion von Meeresbewohnern.



Marine Organismen können zur Aufklärung von Barrierekrankheiten, wie z. B. der chronisch entzündlichen Darmkrankheit Morbus Crohn, beitragen. Hier dargestellt sind ein entzündeter menschlicher Darm und die Muschel *Laternula elliptica*, die als Modellorganismus für feuchte Oberflächen dient. Aufgrund ihrer ständigen Filtrationsaktivität stehen die Muscheln im stetigen Austausch mit ihrer Umwelt und müssen ihre Oberflächen vor Angriffen von Mikroorganismen schützen. Wie sich dabei ihr Immunsystem entwickelt, ist Gegenstand der Forschung. Die Ergebnisse sollen helfen, menschliche Krankheiten besser zu verstehen und zu therapieren (E. Philipp & P. Rosenstiel, IKMB).

Fallbeispiel: Algen

Algen betreiben 50% der weltweiten Photosynthese. In Küstennähe bilden Makroalgen riesige unterseeische Wälder, die lichtdurchfluteten oberen Wasserschichten der Weltmeere und Seen sind von einzelligen Mikroalgen besiedelt. Die Genomforschung hat auch diese Organismengruppe erreicht. Ihre Genome sind 10 bis 100 mal größer als die von Bakterien. Dennoch sind schon etwa 15 Algengenome sequenziert, mindestens 10 weitere sind in Arbeit (Stand 3/2009). Die bisher am besten untersuchte Algengruppe sind die einzelligen Kieselalgen (Diatomeen). Diese sind besonders interessant, da sie etwa 40% der marinen Primärproduktion bewerkstelligen. In ihren Genomen wurden Gene für neue und unerwartete Stoffwechselwege, wie der bisher nur von Tieren bekannte Harnstoff-Zyklus, entdeckt. Obwohl in den Meeren andere Lichtverhältnisse herrschen als an Land, besitzen Diatomeen ähnliche Licht-Signalrezeptoren wie Landpflanzen, was interessante Rückschlüsse auf deren Interaktion mit der Umwelt zulässt.

Auch für die global verbreiteten Coccolithophoriden, Mikroalgen aus der Gruppe der Haptophyceen, die in der Erdgeschichte riesige Kalkablagerungen wie die Kreideklippen von Dover erzeugt haben, liegt das erste Genom vor. Daraus erhofft man sich Erkenntnisse zum Mechanismus der Kalzifizierung, der für den globalen CO₂-Haushalt bedeutsam ist. Überall da, wo in den Weltmeeren Nährstoffe knapp sind, spielen winzige Mikroalgen (Pikoplankton) eine wichtige Rolle. Auch hier wurden bereits die Genome mehrerer Arten charakterisiert. Erst in jüngster Zeit wurden die Genome von Makroalgen, je eine Rot- und eine Braunalge sequenziert. Makroalgen sind besonders in Küstennähe wichtig, da sie unterseeische Wälder bilden, die Schutz und Lebensraum für eine Vielzahl von Organismen bieten. Makroalgen spielen aber auch eine immer größere kommerzielle Rolle als Nahrungsmittel (z.B. Nori für Sushi, Carageen, Geliermittel etc.) oder als Rohstoff in der Industrie.

Algen sind eine sehr heterogene Organismengruppe – mit großem potentiellen Nutzen, aber auch möglichen wirtschaftlichen und gesundheitlichen Schäden durch giftige Algenblüten. Ein Überblick über ihre Diversität erfordert daher noch ausführliche Sequenzierarbeit. Entsprechend groß ist aber auch das Potenzial zur Entdeckung neuer Gene und Stoffwechselwege mit einem möglichen Nutzen für den Menschen.

Schutzfunktionen, die einfache Lebensformen im Meer im Laufe ihrer Stammesgeschichte entwickelt haben, können zudem zum Verständnis von Erkrankungen beim Menschen beitragen. So hat zum Beispiel die Evolution biologischer Barrieren, die ein- und mehrzellige Organismen vor widrigen Umweltbedingungen oder der Invasion durch Mikroorganismen abschirmen, ihren Ursprung im Ozean. Beim Menschen wurde in den letzten Jahrzehnten eine Zunahme chronisch entzündlicher Erkrankungen wie Asthma und Morbus Crohn festgestellt, die auf ein gestörtes Wechselspiel zwischen Grenzflächen im Körper (Lunge, Darm) und Mikroorganismen zurückgeführt werden. Ein neuer Forschungsansatz sieht in den marinen Organismen ein Modellsystem für diese Erkrankungen, denn die Oberfläche mariner Organismen steht im ständigen Kontakt mit Mikroorganismen. Die Forscher interessieren, welche Gene an der Bildung dieser Barriere beteiligt sind und wie es dazu kommt, dass solche Schutzmechanismen beim Menschen manchmal versagen und zu Erkrankungen führen.



Makroalgenwald in der Bretagne bei Ebbe (K. Valentin)

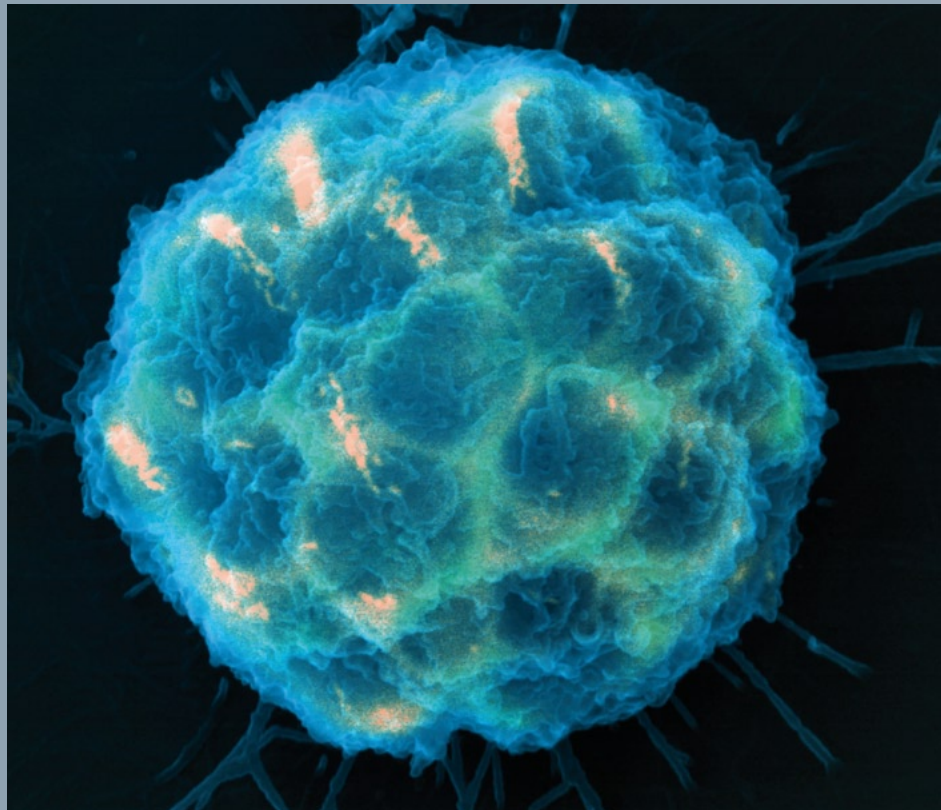
Neue Therapien und Diagnoseverfahren mit natürlichen Nano-Magneten

Bakterien mit Magnetpartikeln, den sogenannten Magnetosomen, leben in Sedimenten verschiedener mariner Lebensräume. Für geochemische Stoffkreisläufe sind die Bakterien besonders wichtig, da sie zur Biomineralisation magnetischer Kristalle das im Meerwasser seltene Element Eisen in großen Mengen anreichern und binden. Miniaturmagnete dieser Formen- und Größenvielfalt und mit ähnlich perfekten magnetischen Eigenschaften können bisher nicht synthetisch hergestellt werden. Daher haben bakterielle Magnetosomenpartikel ein gewaltiges Potential als neuartiges Biomaterial in vielen nanotechnologischen und biomedizinischen Anwendungen. Zum Beispiel sollen sie in der schonenden Therapie von Tumoren (magnetische Hyperthermie), in bildgebenden Diagnoseverfahren (Magnetic Resonance Imaging) und in biotechnologischen Analyseverfahren wie der Magnettrennung von Zellen, Organellen oder Biomolekülen zum Einsatz kommen.

Ein besonders ungewöhnlicher Mikroorganismus lebt im Schlamm des Wattenmeers: Der „multizelluläre magnetotaktische Prokaryot“ (MMP) synthetisiert magnetische Eisensulfidkristalle von einzigartiger Form und Anzahl. Je etwa 50 Zellen bilden hochorganisierte Aggregate, die sich ähnlich einem höheren Organismus koordiniert fortbewegen und teilen. Die Genomanalyse der MMPs würde nicht nur einen großen Schritt für die biotechnologische Nutzung der magnetischen Nanopartikel bedeuten, sondern auch wichtige Einsichten in die Entwicklung der mehrzelligen Lebensform liefern.

Obwohl sich MMPs nicht in Laborkultur züchten lassen, sind unkultivierte Magnetbakterien besonders gut für eine metagenomische Analyse geeignet – schließlich lassen sie sich in magnetischen Feldern gezielt anreichern.

Dies hat bereits zur Entdeckung einer konservierten genomischen „Magnetosomeninsel“ geführt, deren Sequenzvariabilität für die enorme Vielfalt der Magnetosomenkristalle in kultivierten und unkultivierten Magnetbakterien verantwortlich ist.



Rasterelektronenmikroskopische Mikrofotografie eines multizellulären magnetotaktischen Prokaryonten. Neben der vielzelligen Organisation des Aggregates (blau) erkennt man die Zellgrenzen (grün) und die Position der Magnetosomen (rosa) anhand rückgestreuter Elektronen (G. Wanner).

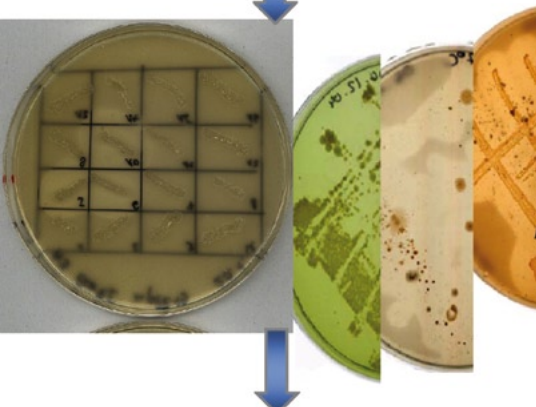
3.3 Im Dienste der Industrie – die „verbesserte Formel“

Die Erforschung der Weltmeere spielt sich in großen Dimensionen ab – nicht nur logistisch, sondern auch und gerade bezüglich ihres potentiellen Nutzens für die Biotechnologie und die pharmazeutische Industrie. Denn die besonderen Lebensbedingungen der Organismen im Meer lassen vermuten, dass der Stoff-

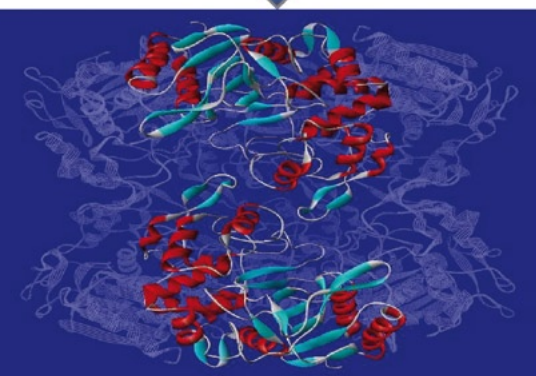


wechsel der Meeresbewohner besonders angepasst ist – dass also marine Organismen gegenüber den Landlebewesen eigene Problemlösungen und einzigartige Naturstoffe hervorbringen. Ihre hohe Artenvielfalt macht die Meeresbewohner zudem zu hervorragenden Lieferanten strukturell interessanter Naturstoffe.

Die biotechnologische Industrie entwickelt Screening-Verfahren, um diesen Schatz der Natur zu nutzen und sucht in verschiedenen Lebensräumen verwertbare bioaktive Verbindungen. Neue, interessante Wirkstoffe und bioaktive Moleküle werden anschließend isoliert und im Labor mit Hilfe klassischer Synthesechemie und biochemischer Methoden für die Anwendung im Dienste des Menschen optimiert.



Insbesondere sekundäre Naturstoffe dienen der „blauen“ Biotechnologie häufig als Grundlage bioaktiver Verbindungen. Sekundärstoffe sind beispielsweise für die Kommunikation innerhalb einzelner und zwischen verschiedenen Arten (Intra- und Inter-Spezies-Kommunikation) unverzichtbar. Viele Sekundärstoffe dienen desweiteren der Verteidigung gegen Fraßfeinde und Mikroorganismen. Vielfach ist ihre Rolle noch nicht vollständig geklärt. Es ist aber mehr als wahrscheinlich, dass Naturstoffe als Grundlage und Leitstruktur biotechnologischer Entwicklungen in unserer sich schnell verändernden Welt eine Renaissance erleben werden.



Strategie zur Nutzung der mikrobiellen Diversität der Meere zur Gewinnung von Biokatalysatoren oder bioaktiven Wirkstoffen aus marinen Organismen und als Ressource für die Grundlagenforschung. Mit Hilfe unterschiedlicher Screening-Verfahren wird nach Naturstoffen gesucht, die im Labor für die Anwendung im Dienste des Menschen optimiert werden.
(Ch. Vollstedt, Universität Hamburg)

Art und Eignung dieser Naturstoffe sind vielfältig.

Das Erdöl abbauende Bakterium *Alcanivorax borkumensis* beispielsweise, das erstmals in der Nordsee gefunden wurde, bildet ein ganzes Arsenal von sehr wirkungsvollen, Öl-abbauenden Enzymen. Das könnte für den Umweltschutz von großer Bedeutung sein:

Die biochemischen Tricks des Bakteriums, angelegt in seinen Genen, lassen sich möglicherweise vom Menschen gezielt für die Reinigung verseuchter Gewässer nutzen. Die Enzyme psychrophiler Bakterien wiederum – also jener Bakterien, die in großer Kälte beispielsweise im Meereis leben – sind Hoffnungsträger für die Entwicklung „kalter“ Waschmittel. Diese reinigen die Wäsche auch bei

niedrigen Temperaturen effizient und verringern so Energieverbrauch und Kohlendioxidemissionen. Die Bewohner anderer extremer Standorte wiederum bergen großes Potential zur Entwicklung neuartiger Produkte mit besonderer Widerstandskraft gegen hohe Temperaturen oder Säuregehalte. Schließlich bieten biotechnologische gegenüber chemischen Verfahren in der Industrie den Vorteil, unter umweltschonenderen und nachhaltigen Bedingungen stattfinden zu können: Mikroorganismen bewerkstelligen komplexe Stoffumwandlungen sehr effizient bei Zimmertemperatur und Normaldruck, wofür chemische Verfahren hohe Temperaturen und hohen Druck brauchen.

Die Marine Genomik bietet einzigartige Werkzeuge zur Erforschung und Nutzbarmachung des Stoffwechsels der Meeresbewohner: Globale Genom- und Proteomanalysen erlauben detaillierte Einblicke in die Lebensweise und Körperfunktionen kultivierbarer und nicht-kultivierbarer mariner Organismen. Darüber hinaus sind Kenntnisse über die Funktion von Biokatalysatoren (Enzymen) eine wichtige Basis für zukünftige biotechnologische Innovationen. Die Techniken der funktionellen Genomforschung – der Identifizierung und Analyse der Funktion von Genen – sind deshalb für die Entdeckung neuer biotechnologisch und medizinisch relevanter Eigenschaften der Meeresbewohner von großer Bedeutung. Durch den direkten Zugriff auf das genetische Material der mehrheitlich nicht im Labormaßstab kultivierbaren marinen Mikroorganismen können in Zukunft ökonomische und nachhaltige Konzepte für die Gewinnung von Biokatalysatoren oder bioaktiven Wirkstoffen aus marinen Organismen entwickelt werden.

Fallbeispiel: Waschmittel brauchen neue Enzyme aus dem Meer

Der überwiegende Teil der marinen Ökosysteme ist kalt – bei Temperaturen unter 5°C. Die Mehrheit der marinen Organismen ist daher an niedrige Temperaturen angepasst. Insbesondere marine Mikroorganismen bieten ein viel versprechendes Reservoir für kälteangepasste Enzyme. Diese zeigen durch ihre strukturellen Besonderheiten hohe enzymatische Aktivitäten bei niedrigen Temperaturen. Sie sind für die Etablierung energiesparender biotechnologischer Verfahren von besonderem Interesse.

Für die Waschmittelindustrie sind vor allem Proteasen, aber auch Lipasen interessant. Diese erlauben den Herstellern, mit „brillanter Reinheit schon ab kalten 15°C“ zu werben. Metagenomische Ansätze im Labor ermöglichen, die genetische Information für den Bauplan solcher Niedrigtemperaturenzyme von der Vielzahl der bisher unbekannt, nicht kultivierbaren marinen Bakterien zu gewinnen. In geeigneten mikrobiellen Zellfabriken werden diese Enzyme dann im großtechnischen Maßstab für ihre Anwendung in Waschmitteln produziert.



Kälteangepasste Enzyme marine Mikroorganismen können zu energiesparenden Prozessen in der Wasch- und Lebensmitteltechnologie beitragen. (Henkel AG & Co. KGaA)

4. Empfehlungen für die Forschung und deren Förderung

Struktureller Bedarf

Die gewaltigen Datenmengen, die moderne Hochdurchsatztechnologien produzieren, machen effektive Datenverarbeitungssysteme und intensiven wissenschaftlichen Austausch unverzichtbar. Das europäische Exzellenz-Netzwerk „Marine Genomics Europe“ hat in den Jahren 2004-2008 maßgeblich zum erfolgreichen Aufbau der marinen Umweltgenomforschung in Europa beigetragen. Neben der Nutzung vorhandener ist jetzt dennoch auch die Schaffung neuer Synergien für die Weiterentwicklung des Genomikstandorts Deutschland unumgänglich. Diese umfassen:

- Die Sicherung des **Zugangs zu modernsten Geräten und Technologien**, beispielsweise der Hochdurchsatzsequenzierung, der Proteomik und der Bioinformatik.
- Die **gezielte Nutzung und Ausstattung von Forschungsschiffen und Tauchbooten** für die Probenahme von biologischem Material für genomische Analysen auch in weit entlegenen Ozeangebieten
- Die Schaffung von **Kompetenzen in der bioinformatischen Auswertung genomischer Daten** an den KDM-Institutionen. **Gemeinsame Trainingseinheiten** haben sich im Rahmen des Exzellenznetzwerks „Marine Genomics Europe“ als hervorragendes Mittel für den Wissenstransfer zwischen den beteiligten Institutionen erwiesen. Darüber hinaus stärken sie die Vernetzung zwischen den Instituten. Dies führt zu einer nachhaltigen Stärkung der Marinen Genomik in Deutschland. Darüber hinaus sollte die **Ausbildung und Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses**, beispielsweise in Graduiertenkollegs, ausgebaut werden.

Das erleichtert in Folge den **Brückenschlag zwischen Experten** in der Genomik und an den Langzeitstationen beispielsweise in Nord- und Ostsee und anderer aus ozeanographischer Sicht strategisch wichtiger Orte, wie der vor kurzem von deutschen Wissenschaftlern ins Leben gerufenen Initiative des Kapverdischen Observatoriums für den tropischen Atlantik (beispielsweise für Klimastudien).

- Die **gemeinsame Finanzierung von Verbundprojekten in der „blauen“ Biotechnologie** durch die öffentliche Hand und Industrie.

Forschungsbedarf

Ziel der Marinen Genomik ist ein besseres Verständnis der molekularen Anpassungen und Wechselwirkungen mariner Mikroorganismen in ihrer natürlichen Umgebung. Viele Gene, die wichtig für die globalen Stoffkreisläufe sein könnten, wurden mit Hilfe der Marinen Genomik bereits identifiziert. Weiterer Forschungsbedarf besteht auf verschiedensten Gebieten:

- Erforschung der **Genomsequenzen von Schlüsselorganismen und Metagenome wichtiger Lebensgemeinschaften**

- **Funktionelle Analysen** der physiologischen und biochemischen Aktivität der zahlreichen „neuen“, bisher unbekanntem Gene
- anschließende **Bestimmung der Aktivität dieser Gene** in der Umwelt und **Abgleich mit den biogeochemischen Gegebenheiten**
- **Vertiefung des physiologischen Verständnisses ausgewählter Schlüssel- bzw. Modellorganismen.**
- Den rasant zunehmenden (meta)genomischen Datenmengen steht ein wachsendes Defizit in deren Interpretation gegenüber. Hier kommt der **Kultivierung von Mikroorganismen in enger Verzahnung mit der Proteomik** eine herausragende Rolle zu. Es gilt, in definierten Laborexperimenten, die *in situ* Bedingungen nachempfunden sein sollten, die Funktion von Genprodukten aufzuklären. Dabei sind neben bereits bekannten Modellorganismen auch neue Anreicherungs- und Reinkulturen aus besonderen marinen Standorten interessant.
- Um vergleichende Analysen zu vereinfachen und die Qualität der Analysen zu sichern, sind **standardisierte Analyseschritte** (Standard Operating Procedures), und eine **gewissenhafte Datendokumentation** eine Grundvoraussetzung. Diese wissenschaftlichen Arbeitsgrundlagen gilt es weiter zu optimieren und abzugleichen. Ein tiefgreifendes Ökosystemverständnis verlangt zudem die **konsequente Integration von Umweltparametern** (z.B. Zeit, Ort und Tiefe der Beprobung, chemische Parameter). Dazu bedarf es wiederum einer einheitlichen Dokumentation dieser Parameter. Zudem müssen die Daten öffentlich verfügbar sein. Das internationale „Genomic Standards Consortium“ (GSC) hat dazu im Mai 2008 in „Nature Biotechnology“ einen ersten Minimalstandard für die Hinterlegung zusätzlicher Daten in der Genomforschung vorgeschlagen.

5. Beteiligte Institute und Kontaktdaten

Arbeitsgruppen-Mitglieder aus dem KDM:

Alfred-Wegener-Institut für Polar- und Meeresforschung (AWI)

Forschungszentrum der Helmholtz-Gemeinschaft

Am Handelshafen 12, D-27570 Bremerhaven

Das AWI forscht in der Arktis, Antarktis und in den Ozeanen. Es koordiniert die deutsche Polarforschung und betreibt den Forschungseisbrecher Polarstern.

Tel.: +49 (0)471 4831-0

www.awi.de

| | |
|---|--|
| Prof. Dr. Allan Cembella | allan.cembella@awi.de |
| (Planktonökologie, schädliche Algenblüten, marine mikrobielle Biotechnologie, Ökotoxikologie) | |
| Dr. Gunnar Gerdts | gunnar.gerdts@awi.de |
| (Mikrobielle Molekularökologie, Nahrungsnetzbeziehungen, Chemische Ökologie) | |
| Dr. Uwe John | uwe.john@awi.de |
| (Molekulare Ökologie, funktionelle Genomik, Toxische Algen) | |
| Dr. Klaus Valentin | klaus.valentin@awi.de |
| (Genomprojekte, Algen, Virusentwicklung, Entwicklungsbiologie) | |

Carl von Ossietzky Universität Oldenburg

Institut für Chemie und Biologie des Meeres (ICBM)

Allgemeine und Molekulare Mikrobiologie

Carl-von-Ossietzky Str. 9-11, D-26111 Oldenburg

Forschungsschwerpunkte sind Stoffwechselphysiologie und molekulare Anpassungsstrategien von marinen Umweltbakterien.

Tel.: +49-(0)441-798-3884

www.icbm.de

| | |
|--|--|
| Prof. Dr. Ralf Rabus | rabus@icbm.de |
| (Kultivierung, Physiologie, Proteogenomik) | |

Jacobs University Bremen gGmbH

Campus Ring 1, D-28759 Bremen

Die „School of Engineering and Sciences“ der privaten, unabhängigen Jacobs University Bremen hat ihren Schwerpunkt in den Bereichen Bio-Geo-Marine Ressourcen und der Modellierung von komplexen Systemen.

Tel.: +49-(0)421-200-3167

www.jacobs-university.de

| | |
|--|--|
| Prof. Dr. Frank Oliver Glöckner | f.gloeckner@jacobs-university.de |
| (Bioinformatik, Mikrobielle Genomforschung, Ökosystembiologie) | |

Leibniz-Institut für Meereswissenschaften (IFM-GEOMAR)

Düsternbrooker Weg 20, D-24105 Kiel

Aufgabe des Instituts ist es, in interdisziplinärer Zusammenarbeit alle wichtigen Bereiche der modernen Meeresforschung von der Geologie des Meeresbodens bis zur maritimen Meteorologie zu bearbeiten.

Tel.: +49-(0)431-600-2800

www.ifm-geomar.de

| | |
|--|--|
| Prof. Dr. Julie LaRoche | jlaroche@ifm-geomar.de |
| (Marine Biogeochemie, Stickstofffixierung, Eisendüngung) | |

Leibniz-Institut für Ostseeforschung Warnemünde (IOW)

Seestrasse 15, D-18119 Rostock

Das IOW ist eine außeruniversitäre Forschungseinrichtung, die sich der interdisziplinären Meeresforschung in Küsten- und Randmeeren widmet. Der Schwerpunkt der Arbeiten liegt in der Erforschung des Ökosystems der Ostsee.

Tel.: +49-(0)381-5197-0

www.io-warnemuende.de

| | |
|--|--|
| Prof. Dr. Klaus Jürgens | klaus.juergens@io-warnemuende.de |
| (Mikrobielle Gemeinschaften [Prokaryonten, Eukaryonten], Klimaänderung, Oxisch-anoxische Grenzflächen) | |
| Dr. habil. Matthias Labrenz | matthias.labrenz@io-warnemuende.de |
| (Mikrobielle Diversität und mikrobielle Funktionen, Schlüsselorganismen, Bakterielle Taxonomie) | |

MARUM Zentrum für Marine Umweltwissenschaften

Leobener Straße, D-28359 Bremen

Das MARUM erfasst die Wechselwirkungen zwischen geologischen und biologischen Prozessen im Meer und liefert Beiträge für eine nachhaltige Nutzung der Ozeane. www.marum.de

Prof. Dr. Kai-Uwe Hinrichs

khinrichs@uni-bremen.de

(Biogeochemie der Mikroorganismen, Biomarker, Methan)

Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie (MPIMM)

Celsiusstr. 1, D-28359 Bremen

Das MPI ist ein Institut der Max-Planck-Gesellschaft und untersucht die mikrobiellen Gemeinschaften im Meer.

Tel.: +49-(0)421-2028-50

www.mpi-bremen.de

Prof. Dr. Rudolf Amann

ramann@mpi-bremen.de

(Mikrobielle Gemeinschaften, Metagenomik, Symbiosen, Phylogenetik)

Prof. Dr. Friedrich Widdel

fwiddel@mpi-bremen.de

(Bakterienphysiologie im C-, N-, S- und Fe-Kreislauf, anaerober Kohlenwasserstoffabbau)

Weitere Beteiligte:

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

Institut für Allgemeine Mikrobiologie

Am Botanischen Garten 1-9, D-24118 Kiel

Der Schwerpunkt liegt auf der molekularen Analyse regulatorischer Netzwerke von Mikroorganismen, sowie mariner Metagenomik und.

Tel.: +49-(0)431-880-4330

www.uni-kiel.de/mikrobio/

Prof. Dr. Ruth A. Schmitz-Streit

rschmitz@ifam.uni-kiel.de

(Stickstoff-Fixierung, Funktionelle Metagenomik, Mikrobielle Konsortien, Host-Microbe Interaktionen)

Dipl. Biologin Rebekka Metzger

rmetzger@ifam.uni-kiel.de

(Interaktionen niederer mariner Tiere und Bakterien, Angeborenes Immunsystem)

Institut für Klinische Molekularbiologie am Universitätsklinikum Schleswig-Holstein

(IKMB) Campus Kiel Arnold-Heller-Str. 3, D-24105 Kiel

Entwicklung neuer Konzepte zur Entstehung und zum Mechanismus komplexer Erkrankungen aufgrund von Veränderungen auf Ebene der Gene, der Transkripte und Proteine.

Tel.: +49-(0)431-597-2350

www.ikmb.uni-kiel.de/

Prof. Philip Rosenstiel

p.rosenstiel@mucosa.de

(Immunsystem, Hochdurchsatzsequenzierung)

Dr. Eva Philipp

e.philipp@ikmb.uni-kiel.de

(Immunsystem und Alterungsprozesse mariner Wirbelloser, Sauerstoffradikale)

Ernst-Moritz-Arndt Universität Greifswald

Institut für Mikrobiologie und Molekularbiologie

Friedrich-Ludwig-Jahn-Straße 15, D-17489 Greifswald

Die Forscher am Institut beschäftigen sich mit den Bereichen Proteomik, Stressphysiologie, Systembiologie und Pathogenomik. Massenspektrometrie ist dabei häufig das Mittel der Wahl.

Tel.: +49-(0)3834-864200

www.mikrobiologie.uni-greifswald.de/index.php?id=19

Prof. Dr. Michael Hecker

hecker@uni-greifswald.de

(Stressphysiologie, Proteomik, Pathogenomik)

Institut für Pharmazeutische Biologie

Friedrich-Ludwig-Jahn-Straße 17, D-17489 Greifswald

Das Institut widmet sich den biologischen Grundlagen der Pharmazie zur Entwicklung, Gewinnung und Anwendung von Arzneistoffen aus marinen Pilzen, Cyanobakterien, Makroalgen und höheren Pflanzen

Tel.: +49-(0)3834-864873

pharm1.pharmazie.uni-greifswald.de/biol/index.html

Priv.-Doz. Dr. Michael Lalk

lalk@uni-greifswald.de

(Metabolomics, Sekundärstoffe, Strukturaufklärung)

Institut für Marine Biotechnologie e.V. (IMaB)

Walther-Rathenau-Straße 49, D-17489 Greifswald

Hauptanliegen des Instituts ist die Förderung und Entwicklung der Forschung auf dem Gebiet der Marinen Biotechnologie in enger Kooperation mit der Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald. Forschungsschwerpunkte des IMaB umfassen die funktionelle Genom- und Proteomanalyse mariner Bakterien und die Auffindung, Gewinnung und Charakterisierung bioaktiver Verbindungen aus marinen Mikroorganismen.

Tel.: +49-(0)3834- 864212

www.marine-biotechnologie.de

Prof. Dr. Thomas Schweder

schweder@uni-greifswald.de

(Funktionelle Genomanalyse, Proteomics, Mikrobielle Fermentationsprozesse)

Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung GmbH

Inhoffenstraße 7, D-38124 Braunschweig

Das Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI) ist eine außeruniversitäre Forschungseinrichtung. Der wissenschaftliche Fokus liegt in der Infektionsbiologie.

Tel.: +49-(0)531-6181-0

www.helmholtz-hzi.de

Dr. Vitor A. P. Martins dos Santos

vds@helmholtz-hzi.de

(Systembiologie, Synthetische Biologie)

Ludwig-Maximilians-Universität München

Department Biologie I, Bereich Mikrobiologie, Großhaderner Str. 2-4, D-82152 Planegg-Martinsried

Die beteiligten Arbeitsgruppen untersuchen die Genetik und Physiologie der Biomineralisation von bakteriellen Magnetosomen (AG Prof. Schüler) sowie die molekularen Grundlagen der bakteriellen Multizellularität und der Kultivierung bislang unbekannter mariner Bakterienarten (AG Prof. Overmann).

Tel.: +49-(0)89-2180-74501

www.mikrobiologie.biologie.uni-muenchen.de

Prof. Dr. Jörg Overmann

joerg.overmann@lrz.uni-muenchen.de

(Bakterielle Multizellularität, Marine Diversitätsforschung, Neuartige Kultivierungsverfahren)

Prof. Dr. Dirk Schüler

dirk.schueler@lrz.uni-muenchen.de

(Mikrobielle Biomineralisation, Metagenomik, Herstellung und Anwendung von bakteriellen Magnetosomen)

Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Fakultät für Biologie, Schänzlestraße 1, D-79104 Freiburg

Die Einrichtung deckt ein sehr breites Forschungsgebiet ab. Schwerpunkte liegen in der Systembiologie, translationalen Forschung und Synthetischen Biologie.

Tel.: +49-(0)761-2032796

www.cyanolab.de

Prof. Dr. Wolfgang R. Hess

wolfgang.hess@biologie.uni-freiburg.de

(Systembiologie, funktionelle und komparative Genomik von Cyanobakterien)

Universität Hamburg

Biozentrum Klein Flottbek, Mikrobiologie & Biotechnologie, Ohnhorststr. 18, D-22609 Hamburg

Der Schwerpunkt liegt auf der Analyse und Isolierung von Genen für Biokatalysatoren und bioaktiven Wirkstoffen

Tel.: +49-(0)40-42816-463

www.mikrobiologie-hamburg.de

Prof. Dr. Wolfgang Streit

wolfgang.streit@uni-hamburg.de

(Industrielle Metagenomik, Enzymtechnologie, Wirkstoffe, Bakteriengenetik)

Dr. Mirjam Perner

mirjam.perner@uni-hamburg.de

(Mikrobielle Ökologie)

6. Glossar

Bioinformatik: Computergestützte Analyse von Gen- und Proteinsequenzen mit dem Ziel, Organismen zu identifizieren, ihre Stellung im entwicklungsgeschichtlichen Stammbaum einzuordnen, ihre Stoffwechselwege zu rekonstruieren und überprüfbar Hypothesen zu formulieren.

Biotechnologie: Anwendung von Wissenschaft und Technik auf lebende Organismen oder Teile von ihnen zur Herstellung neuartiger und umweltschonender Verfahren, Produkte und Wirkstoffe.

Enzyme: Proteine mit katalytischen Funktionen, die den Stoffwechsel einer Zelle ermöglichen.

Genom: Gesamtheit der genetischen Information eines Organismus.

Genomik: (Vergleichende) Analyse eines Einzelgenoms mittels sequenzbasierter, biochemischer sowie struktureller Methoden.

Hochdurchsatz-Sequenzierertechnologie: In den letzten Jahren entwickelte Technologie, die die in den 90er Jahren üblichen Sequenziermethoden weitgehend automatisiert. Zusätzlich erlaubt die HD-Sequenzierertechnologie eine erhebliche Verbesserung der Lesegenauigkeit und des Tempos, sowie eine deutliche Kostenreduktion.

Kultur, mikrobielle; kultivieren, kultivierbar: Kontrolliertes Wachstum von Mikroorganismen im Labor. Ziel ist oft eine Reinkultur einer einzelnen Mikrobenart.

Metagenom: Gesamtheit aller in einer Gemeinschaft von verschiedenen Zellen vorkommenden Genome (z.B. in symbiotischen Gemeinschaften in Korallen oder im Meerwasser, oder auch auf der Haut des Menschen).

Metagenomik: Technik, die mit sequenzbasierten und biochemischen sowie strukturellen Methoden sowohl die Einzelgenome, als auch das gesamte Metagenom einer Gemeinschaft beschreibt.

Modellorganismus: Ausgewählte Mikroorganismen, deren Genom vollständig sequenziert und charakterisiert wird und die im Labor zur Untersuchung von Stoffwechsellvorgängen gezüchtet werden.

Protein: Kettenförmiges Molekül, aufgebaut aus 21 verschiedenen Aminosäure-Bausteinen. Je nach Sequenz ergeben sich vielfältige Formen und damit verbundene Funktionen (Katalyse, Zellstrukturen).

Proteom: Gesamtheit aller in einer Zelle synthetisierten Proteine

Proteomik: Analyse der in einer Zelle synthetisierten Proteine

Robotik: Einsatz von Automaten in Screening-Verfahren, Probenaufarbeitung und Archivierung.

Screening-Verfahren: Durchmusterungsverfahren mit dem Ziel, aus Umweltgenbanken neuartige Biokatalysatoren und Wirkstoffmoleküle aufzufinden.

Sekundäre Naturstoffe: Stoffwechselprodukte des so genannten Sekundärstoffwechsels, die von Mikroorganismen synthetisiert werden, aber für die grundsätzlichen Lebensfunktionen nicht essentiell sind. Sie finden u.a. Anwendung in der Medizin als Antibiotika, Krebsmedikamente und Schmerzmittel.

Sequenz: Abfolge von molekularen Einheiten in einem kettenförmigen Molekül (z.B. Protein, DNA). Gene sind bestimmt durch die Abfolge von vier verschiedenen DNA-Bausteinen. Deren Sequenz dient als Bauanleitung für die nachfolgende Proteinsynthese.

Sequenzanalyse: Untersuchung und Aufschlüsselung dieser Sequenz.

Transkript: „Kopie“ eines aktiven Gens, die als Vorlage zur Synthese eines Proteins dient.

Transkriptom: Gesamtheit aller Transkripte, die unter definierten Umwelt- oder Experimentbedingungen in der Zelle vorliegen.

Transkriptomik: Analyse der in einer Zelle synthetisierten Transkripte.



Konsortium Deutsche Meeresforschung

Das Konsortium Deutsche Meeresforschung ist ein eingetragener Verein mit vierzehn Mitgliedern: den großen Forschungsinstituten und Einrichtungen von Universitäten auf den Gebieten der Meeres-, Polar- oder Küstenforschung.

Unsere Hauptanliegen sind:

- die Förderung der Wissenschaft und Forschung, insbesondere aller Belange der deutschen Meeresforschung einschließlich der meereswissenschaftlichen Polarforschung sowie der Küstenforschung,
- die Intensivierung der verbindlichen Kooperation der beteiligten Institutionen und die Entwicklung gemeinsamer Forschungsprogramme,
- die Intensivierung der Zusammenarbeit innerhalb der deutschen, europäischen und internationalen Meeresforschung hinsichtlich der verbindlichen Koordination, Planung und Ausrichtung der Forschungsprogramme – insbesondere bei Planung, Betrieb und Nutzung großer Infrastruktur,
- die Interessen der Meeresforschung gegenüber nationalen Entscheidungsträgern und der Europäischen Union sowie gegenüber der Öffentlichkeit einheitlich und gemeinsam zu vertreten.

Konsortium Deutsche Meeresforschung
Markgrafenstr. 37
D-10117 Berlin
www.deutsche-meeresforschung.de

