

Institut für Mikrobiologie



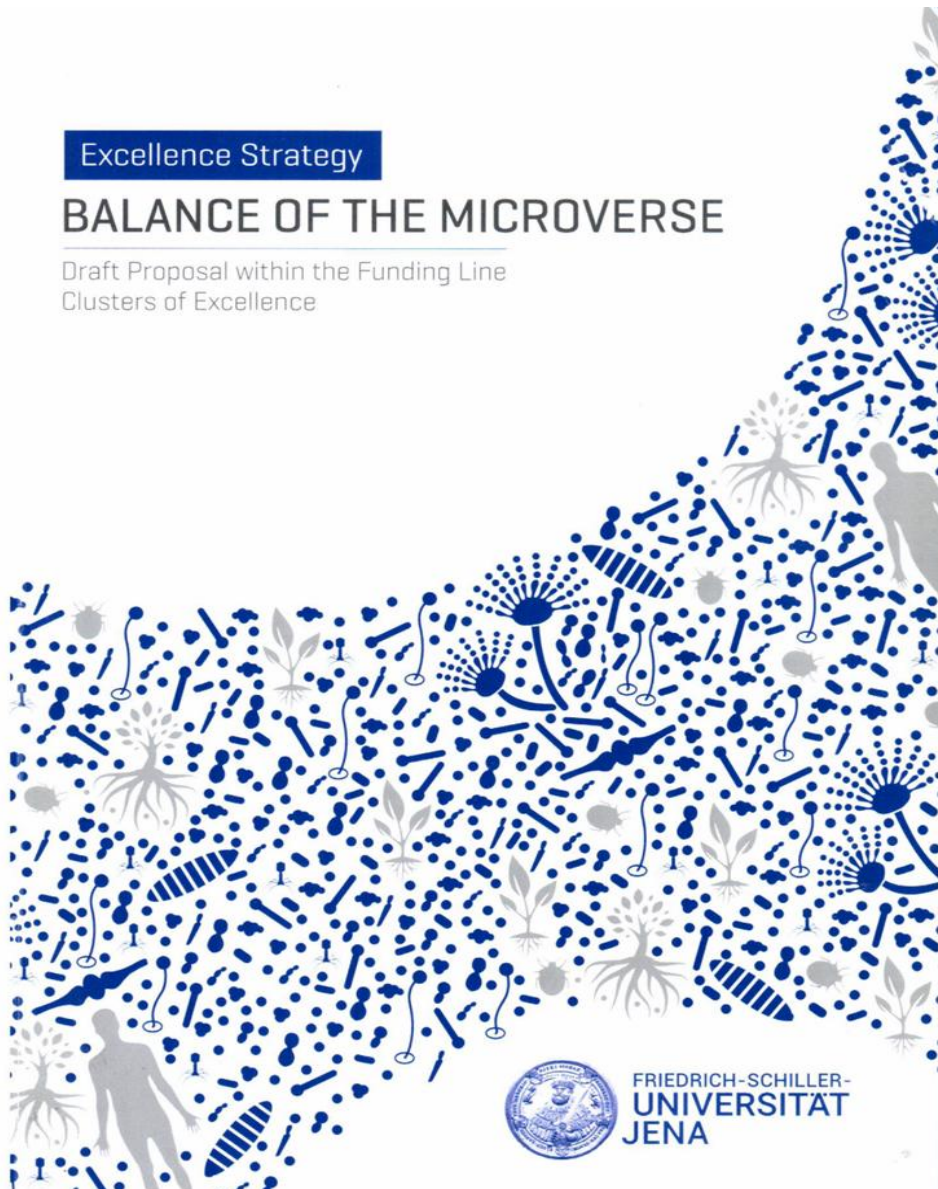
FRIEDRICH-SCHILLER-
UNIVERSITÄT
JENA

Jahresbericht 2018

Excellence Strategy

BALANCE OF THE MICROVERSE

Draft Proposal within the Funding Line
Clusters of Excellence



Vorwort

Liebe Leserin, lieber Leser,

das Jahr 2018 hat mit einer Neuordnung der Institute sowie der Exzellenzstrategie eine große Bedeutung für die Weiterentwicklung des gesamten Instituts. Mit der Förderung der bisherigen Struktur der Nachwuchsförderung in der Jena School for Microbiology durch die Carl-Zeiss-Stiftung ist diese sehr erfolgreiche Förderung Promovierender und Promovierter weiterhin ohne Abstriche möglich. Darüber hinaus werden mit dem Exzellenz-Cluster „Balance of the Microverse“ zusätzliche Möglichkeiten geschaffen.

Ende September 2018 ist Frau Prof. Diekert in den wohlverdienten Ruhestand eingetreten. Das Institut bedankt sich ausdrücklich für die langjährige, sehr gute Zusammenarbeit. Die neue Professur für Allgemeine Mikrobiologie war im Wintersemester 2018/2019 mit Dr. Valiante vertreten. Auch hierfür möchte ich mich im Namen des gesamten Instituts herzlich bedanken. Das Berufungsverfahren konnte dankenswerter Weise bereits früh angeschoben werden, so dass ab Oktober 2019 ein neuer Kollege, Prof. Papenfort, für diese Stelle gewonnen werden konnte. Wir begrüßen ihn bereits jetzt sehr herzlich und freuen uns auf die Zusammenarbeit.

Bis September war Herr Dr. Valiante als Vertretungsprofessor für Mikrobielle Interaktionen für das Institut tätig. Hier konnte er die länger vakante Professur mit Leben füllen. Das Berufungsverfahren soll in 2019 abgeschlossen werden. Die Vertretung dieses Lehrstuhls ist derzeit durch Dr. Schubert abgesichert, der dankenswerter Weise hier Forschung und Lehre weiter betreibt. Auch hierfür herzlichen Dank.

Weitere Änderungen in der Institutsstruktur sind durch die offizielle Anbindung der gemeinsam berufenen Professuren an die Institute begründet. Damit ist das Institut neben dem bereits seit seiner Berufung als Institutsmitglied tätigen Prof. Brakhage derzeit um die Kolleginnen Profs. Jacobsen und Rosenbaum und die Kollegen Profs. Hertweck, Hube und Zipfel des Leibniz-Instituts für Naturstoffforschung und Infektionsbiologie Hans-Knöll-Institut erweitert. Eine Anbindung von Prof. Figge aus demselben Institut wird in 2019 angestrebt. Ebenfalls neues Institutsmitglied seit 2018 ist Frau Prof. Warriner des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte in Jena. Allen neuen Mitgliedern schon jetzt vielen Dank für die Arbeit im Institut!

Im Lehrstuhl Mikrobielle Kommunikation ist die Technische Mitarbeiterin Frau Barbara Groß ebenfalls seit diesem Jahr im Ruhestand. Die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sind dankbar für die Hilfe und wir wollen uns nochmals herzlichst für die Offenheit und gute Zusammenarbeit bedanken. Es gäbe viel Weiteres zu nennen, aber lesen Sie selbst!

Jena, im Februar 2019



Inhaltsverzeichnis

1. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Erika Kothe)		
Forschung	1	
Publikationen		4
Drittmittelprojekte	5	
Studium und Lehre	7	
Förderung wissenschaftlicher Nachwuchs	10	
Gleichstellung und Familie		11
Internationales	11	
Haushalt und Administration	13	
Team		
2a. Angewandte und Ökologische Mikrobiologie (Prof. Gabriele Diekert)		
2b. Allgemeine Mikrobiologie (Vertretung: Dr. Vito Valiante)		
3. Mikrobielle Interaktionen (Vertretung: Dr. Torsten Schubert)		
4. Molekulare Mikrobiologie (Prof. Axel Brakhage)		
5. Mikrobielle Pathogenität (Prof. Bernhard Hube)		
6. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Christian Hertweck)		
7. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Ilse Jacobsen)		
8. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Miriam Rosenbaum)		
9. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Peter Zipfel)		
10. Mikrobielle Kommunikation (Prof. Christina Warriner)		



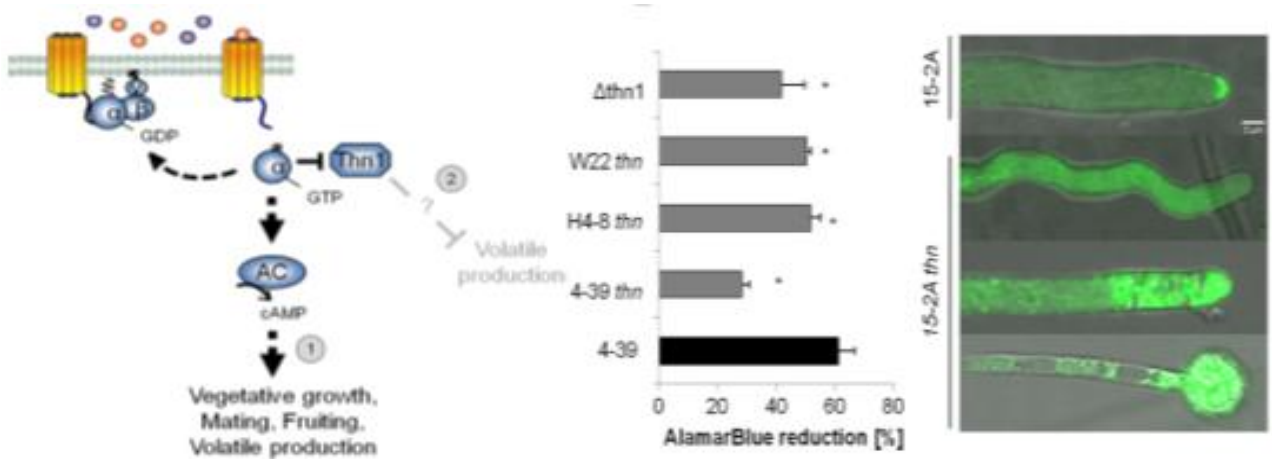
Lehrstuhl für Mikrobielle Kommunikation

Prof. Dr. Erika Kothe

1. Forschung

Pilzgenetik

Die sexuelle Vermehrung wird in dem Basidiomyceten *Schizophyllum commune* (Jung et al., 2018) durch Pheromone gesteuert, die eine Signaltransduktion in der Zelle auslösen. Hier konnte für ein Regulatorprotein der G-protein-gekoppelten Pheromonantwort (Thn1) gezeigt werden, dass Hyphenmorphologie, Schnallembildung, aber auch die Produktion von Volatilen reguliert werden (Wirth et al., 2017). Auch Einflüsse auf andere Signalwege wie cAMP-vermittelte Regulation und die Expression von Hydrophobinen oder des Sekundärmetabolismus werden durch die Interaktion von Thn1 mit der α -Unterheit des pheromonabhängigen G-Proteins reguliert. Damit kann gezeigt werden, dass die Pheromonantwort durch Deaktivierung des $G\alpha$ vermittelt wird und bis in die Bildung neuer Sequiterpene reicht.



Signaltransduktion in der Pheromonantwort führt zu Veränderung der Physiologie und Hyphenmorphologie (Wirth et al., 2018)

Ektomykorrhiza

Die Symbiose der Ektomykorrhiza wird durch Interaktionen mit anderen Bodenmikroorganismen beeinflusst. Diese Interaktionen in der Ektomykorrhizosphäre sind auch in anderen Pflanze-Pilz-Interaktionen, z.B. bei endophytischen Pilzen relevant, die im Bodenmycel ausserhalb der Pflanze mit anderen Partnern interagieren (Kothe und Turnau, 2018).



Ektomykorrhiza-Synthese im Labor: *Tricholoma vaccinum* und Fichte [Foto: Kasper, FSU]

Bio-Geo-Interaktionen

Die Verbindung zwischen Schwermetallresistenz und der Antwort auf Antibiotika im Boden wird in einem Projekt innerhalb des SFB ChemBioSys untersucht. Weitere Arbeiten zur Metallmobilität und Biomineralbildung werden mit *Streptomyces mirabilis* in einem Projekt innerhalb der IMPRS global Biogeochemical Cycles fortgeführt.

Als Modell für die Interaktion von Pilzen mit Metallen im Boden, die die Mycorrhiza ebenfalls beeinflussen können, wurde *Schizophyllum* genutzt. Hier konnte die Freisetzung von Metallen aus Schiefergestein gezeigt werden, die durch Laccasen unterstützt wird (Kirtzel et al., 2018a, b).



Biomineralbildung durch *Streptomyces* [Foto: Kasper, FSU]

Pflanzen-Mikroben Interaktionen (NWG Matt Agler: Plant Microbiosis Lab)

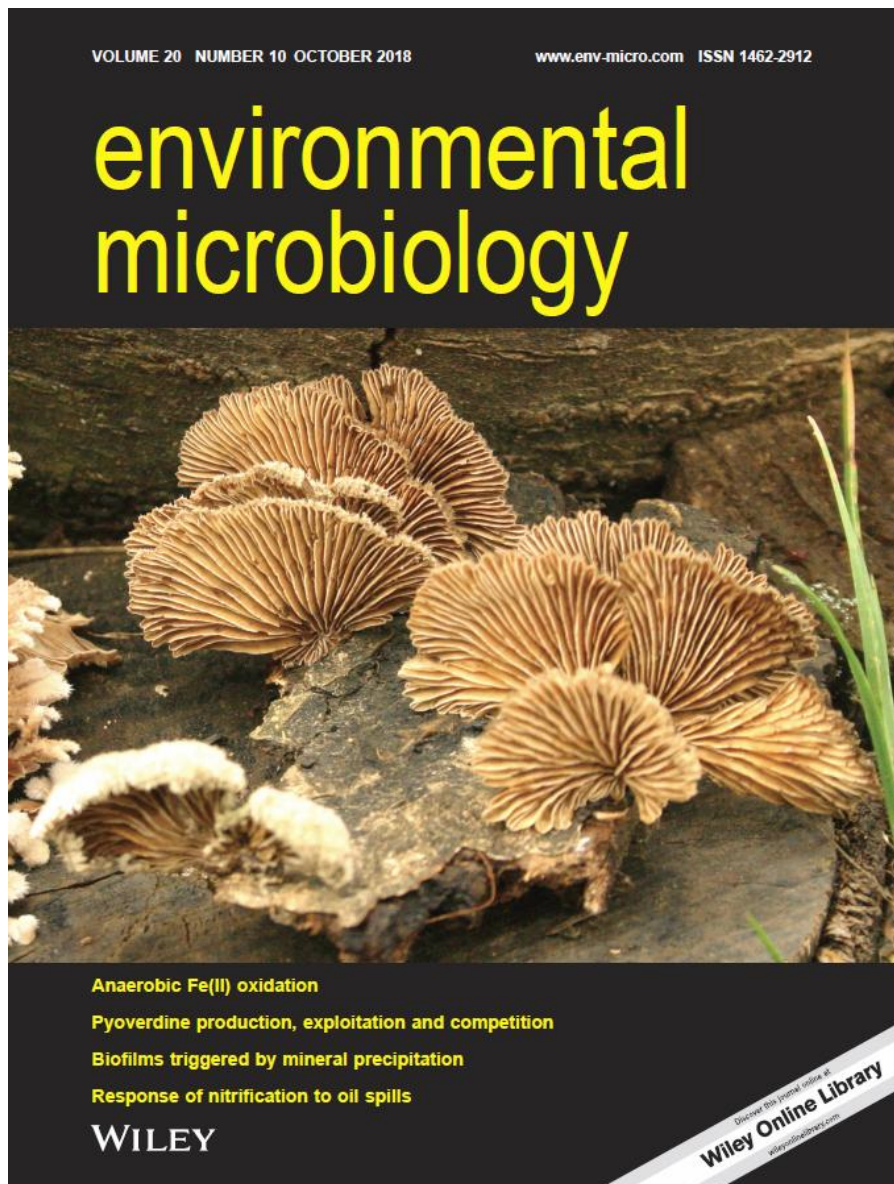
Auf der mikroskopischen Ebene sind Pflanzen lebende Ökosysteme, die gleichzeitig von diversen Mikroorganismen besiedelt sind. Diese beeinflussen wichtige Prozesse wie Pflanzenwachstum, Blüte, Stressresistenz und Krankheiten. Daher ist es von entscheidender Bedeutung zu verstehen, wie sich pflanzenassoziierte mikrobielle Gemeinschaften bilden und welche Auswirkungen sie haben. Durch die Untersuchung von mikrobiellen Gemeinschaften in natürliche Pflanzenpopulationen und deren Manipulation im Labor konnten wichtige Interaktionen zwischen pflanzenassoziierte Mikroben gezeigt werden. So ist die Wirtspflanze *Arabidopsis thaliana* sogar abhängig von kompetitiven Interaktionen zwischen Bakterien, Pilzen und Oomyceten: Ohne diese Interaktionen in der Rhizosphäre überleben die Pflanzen nicht (Duran et al., 2018).



A. thaliana in seiner natürlichen Umgebung in Jena, unter gnotobiotischen Kultivierungsbedingungen mit verschiedenen bakteriellen Isolaten sowie Wurzelgefäßsystem während der Kolonisierung mit *Rhodococcus* sp.

Diese Mikroben-Mikroben-Wechselwirkungen in Pflanzen (insbesondere von Endophyten in Blättern) und ihre Funktionen werden auf Nahrungsnetze und die Funktion von Schlüssel-mikroben in Gemeinschaften hin in natürlichen und kontrollierten Systemen durch Molekular- und Systemmikrobiologie untersucht.

2. Publikationen



- Jung EM, Kothe E, Raudaskoski M (2018) The making of a mushroom: Mitosis, nuclear migration and the actin network. *Fungal Genet Biol.* 111, 85-91
- Kirtzel J, Scherwietes EL, Merten D, Krause K, Kothe E (2018) Metal release and sequestration from black slate mediated by a laccase of *Schizophyllum commune*. *Environ Sci Pollut Res* doi: 10.1007/s11356-018-2568-z. [Epub ahead of print]
- Kothe E, Turnau K. 2018. Mycorrhizosphere Communication: Mycorrhizal Fungi and Endophytic Fungus-Plant Interactions. *Front Microbiol.* 9, 3015.
- Kirtzel J, Madhavan S, Wielsch N, Blinne A, Hupfer Y, Linde J, Krause K, Svatoš A, Kothe E. 2018. Enzymatic bioweathering and metal mobilization from black slate by the basidiomycete *Schizophyllum commune*. *Front Microbiol* 9, 2545.
- Wirth S, Kunert M, Ahrens LM, Krause K, Broska S, Paetz C, Kniemeyer O, Jung EM, Boland W, Kothe E. 2018. The regulator of G-protein signalling *Thn1* links pheromone response to volatile production in *Schizophyllum commune*. *Environ Microbiol* 20, 3684-3699.
- Duran P, Thiergart T, Garrido-Oter R, Agler MT, Kemen E, Schulze-Lefert P, Hacquard S. 2018. Microbial interkingdom interactions in roots promote *Arabidopsis* survival. *Cell* 175, 973-983.

3. Drittmittelprojekte

Projektträger	Vorhaben	Laufzeit	Mittel in 2018
DFG	Sonderforschungsbereich ChemBioSys – Teilprojekt C03	01.10.2014 – 30.06.2018	6.000,00 €+ 1 Doktorand
DFG	Sonderforschungsbereich ChemBioSys – Teilprojekt C03	01.07.2018- 30.06.2022	11.000,00 € + 1 Doktorand
Max-Planck-Gesellschaft	International Max Planck Research School "global Biogeochemical Cycles"	2017 - 2020	1 Doktorandin
BMBF (Karlsruhe)	USER: Umsetzung von Schwermetall-Landfarming zur nachhaltigen Landschaftsgestaltung und Gewinnung erneuerbarer Energien auf radionuklidbelasteten Flächen	01.12.2014 – 30.11.2018	38.000,00 € (Anteil AG Kothe)
BMBF (Karlsruhe)	Verbundprojekt: Untersuchung des Potenzials biologischer Verfahren zur Strahlenschutzvorsorge bei Radionuklidbelastungen (BioVeStRa)	01.06.2016 - 31.05.2019	85.434,00 € (Anteil AG Kothe)
DFG	Phänotypische Heterogenität und Populationsdynamik in Biofilmen	01.09.2015 – 31.08.2018	55.883,00 €
DFG	Das Leben auf der Oberfläche: Populationswachstum von Bacillus subtilis	01.10.2015 – 30.09.2018	62.555,00 €
Leibniz Science Campus (LSC) InfectoOptics	Verbundvorhaben "High end" optische Technologien zur Analyse intrazellulärer, membranbeeinflussender Infektionsprozesse – HoT-Aim	01.10.2015 - 30.09.2018	11.250,00 € + 1 Doktorandin
Deutsch-Argentinisches Hochschulzentrum	Anbahnung eines Studiengangs MSc Microbial Engineering mit der National Universidad de Tucuman	1.10.2017 - 30.9.2018	18.550,00 €
DAAD	Sachmittel- und Betreuungskostenzuschuss für DAAD Stipendiaten	01.03.2018- 28.02.2019	1.000,00 €
Drittmittelprojekte Nachwuchsgruppe Plant Microbiosis			
DFG	JSMC Teilprojekt (Dr. Matthew T. Agler) Graduiertenschule für Mikrobielle Kommunikation	01.3.2018 – 28.02.2021	10.000,00 €+ 1 Doktorandin
Leibniz Gemeinschaft	ILRS Teilprojekte International Leibniz Research School	01.3.2018 – 28.02.2021	10.000,00 €+ 1 Doktorandin



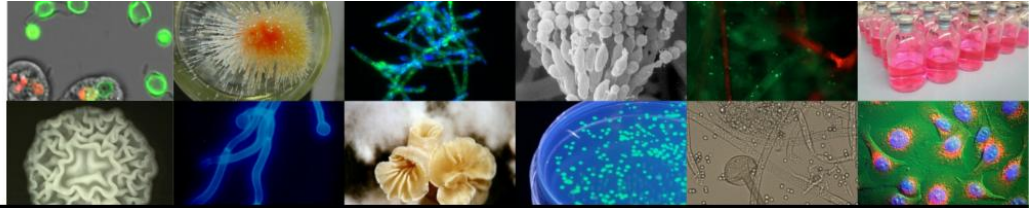
4. Studium und Lehre

Angebotene Module der Mikrobiellen Kommunikation

Modulnummer	Veranstaltung	ECTS	Teilnehmerzahl
Wintersemester 2017/2018			
BB3.MB3	Praktikum Isolierung und Charakterisierung von Bodenmikroorganismen	10	9
	Seminar Aktuelle Methoden und Anwendungen		9
BBGW3.6/ LBio-Mbio/ BEBW4/ BEW2G4/ BBC2.2	Vorlesung Mikrobiologie	6	23
			44
			3
			70
			49
BBGW 1.4	Vorlesung Bio-Geo-Interaktionen	3	16
MMB 1.3	Vorlesung Mikrobielle Interaktionen	10	28
	Praktikum Mikrobielle Interaktionen		28
	Seminar Mikrobielle Interaktionen		28
	Microbial Communication Colloquium		~50
MBGW1.1	Bio-Geo-Kolloquium	3	???
MBGW 1.3	Vorlesung/Übung/Seminar Bioremediation	5	14
MBGW 1.4.6	Praktikum Bodenmikrobiologie	6	10
	Seminar Organismische Interaktionen		~30
Sommersemester 2018			
BB1.5/BEBW4	Vorlesung Vielfalt mikrobieller Lebensformen	3	84
BE2.1 / BBGW3.6	Praktikum Mikrobiologie für Ernährungs- und Biogewissenschaften	3	64
BBGW 1.4 / 2	Seminar Bio-Geo-Interaktionen I/2	3	15
MMB1.1, 1.2,	Microbial Communication Colloquium		~50
MMB2.9	Vorlesung Anatomie und Morphologie bei Basidiomyceten (Dr. Dörfelt)	10	17
	Praktikum Zellbiologie und Kommunikation bei Basidiomyceten		17
	Seminar Zellbiologie und Kommunikation bei Basidiomyceten		17
MMB2.7	Praktikum Bodenmikroorganismen und Biofilme	10	19
	Seminar Bodenmikroorganismen und Biofilme		19
	Übung Bodenmikroorganismen und Biofilme		19
MBGW1.1	Bio-Geo-Kolloquium	3	???
BBGW 4.3	Bio-Geo-Interaktionen II	6	17
	Seminar Organismische Interaktionen		~30

Vertiefungs- und Projektmodule

	ECTS	Anzahl Studierende
Vertiefungspraktikum Mikrobiologie BB3.MB4	10	5
Biogewissenschaftliches Projektmodul BBGW 6.3.2	10	-
Projektmodul MMB 3.1	15	14
Vertiefungsmodul MMB 3.2	15	6
Biogewiss. Projektmodul 1	15	3
Biogewiss. Projektmodul 2	15	5



19-22 March 2018 | 7th International Conference on Microbial Communication for Young Scientists

Bachelorarbeiten

Bachelorarbeit Josef Beimel: "Mykorrhizapilze: Identifizierung, Stammhaltung und Transformation" (Januar 2018)

Bachelorarbeit Johanna Zieth: "Einfluss bodenverbessernder Maßnahmen auf die Vitalität und den Biomassezuwachs von Bäumen einer Kurzumtriebsplantage am Standort „Gessenwiese“" (Juli 2018)

Bachelorarbeit Florian Beulke: "Beitrag mikrobiologischer Behandlung auf das Pflanzenwachstum auf schwermetallbelasteten Böden" (September 2018)

Bachelorarbeit Clara Gansert: „Hydrochemische Kartierung und mikrobiologische Charakterisierung des ehemaligen Tailinggebiets Culmitzsch/Trünzig“ (Oktober 2018)

Bachelorarbeit Markus Salbreiter: „Interaction between *Tricholoma vaccinum*, *Picea abies* and *Streptomyces* under the influence of nickel“ (September 2018)

Zweitbetreuung/-gutachten:

Bachelorarbeit Johann Ulrich: "Identifizierung von Wachstumsfaktoren in der Chemosphäre von *Ulva* (*Chlorophyta*) und ihren assoziierten Bakterien" (Februar 2018)

Bachelorarbeit Oceanne Elli Hubert: „Biofacies and Environments of Marine and Estuarine Surface Sediments from the Mossel Bay Area (South Africa)“ (Juli 2018)

Bachelorarbeit Therese-Christin Voges: „Charakterisierung der extrazellulären Alkalinisierung klinischer *Candida albicans*-Stämme“

Masterarbeiten

Masterarbeit Julia Gellert: "Phytoremediation mit den schnellwachsenden Baumarten Pappel, Weide und Robinie auf schwermetallkontaminiertem Substrat" (Januar 2018)

Masterarbeit Alexandra Schirmacher: „Investigating a novel β -etherase activity in the composting fungus *Graphium* sp.“ (Januar 2018)

Masterarbeit Nina Carl: „Glutathion-S-Transferasen und Adaption unter Schwermetallstress bei *Tricholoma vaccinum*“ (Februar 2018)

Masterarbeit Marycolette N. Ezediokpu: „O-acyl sugars (O-AS) from *N.attenuata* show potential to recruit and stabilize native root-associated bacteria community“ (Januar 2018)

Masterarbeit Mona Riahi: „Bodenmikrobiologische, physikochemische und umweltanalytische Charakterisierung von Schwermetall-kontaminierten Flächen während der *in situ*-Phytoremediation“ (September 2018)

Masterarbeit Louis Schneider: „Physikochemische und biologische Charakterisierung von Silica-Nanopartikeln zur Etablierung von Struktur-Aktivitäts-Beziehungen“ (Oktober 2018)

Masterarbeit Berit Frizzy Porsche: „Lipid rafts in *Schizophyllum commune* – Einblicke in Zusammensetzung und Lokalisierung“ (September 2018)

Masterarbeit Vincent Hubert Kessler: „Assessing metal tolerance mechanism and intra-/intercellular metal distribution within symbiotic association of *Picea abies* and *Tricholoma vaccinum*“ (Oktober 2018)

Masterarbeit Kevin Lenk: „Antibiotikaresistenzen in Bodenbakterien“ (Dezember 2018)

Masterarbeit Mohammad Hasan Rahman Khattak: „Stress response triggered in *Tricholoma vaccinum* by biotic and abiotic stress conditions“ (Dezember 2018)

Masterarbeit Muhammad Waqas: „Investigation of conjugational transfer of plasmids from *Streptomyces* strains to bacteria isolated from a heavy metal contaminated site“ (Dezember 2018)

Zweitbetreuung/-gutachten:

Masterarbeit Daniel Schäfer: „The influence of matrix mutants in pellicle development and population dynamics of *Bacillus subtilis*“ (Januar 2018)

Masterarbeit Valliyammai Ramaswami: „Molecular characterization of bacterial and fungal interactions“ (Januar 2018)

Masterarbeit Kodwo Appoh Odum: „Comparative mycobiome analysis of two *mythilidae* species from different marine environments“ (Februar 2018)

Masterarbeit Hammad Ahmed: „Induction of Turion formation by Phosphate, Nitrate and Sulfate deficiency in the genus *Wolffia* (*Lemnaceae*)“ (Juli 2018)“



5. Wissenschaftlicher Nachwuchs

Promotionsabschlüsse 2018

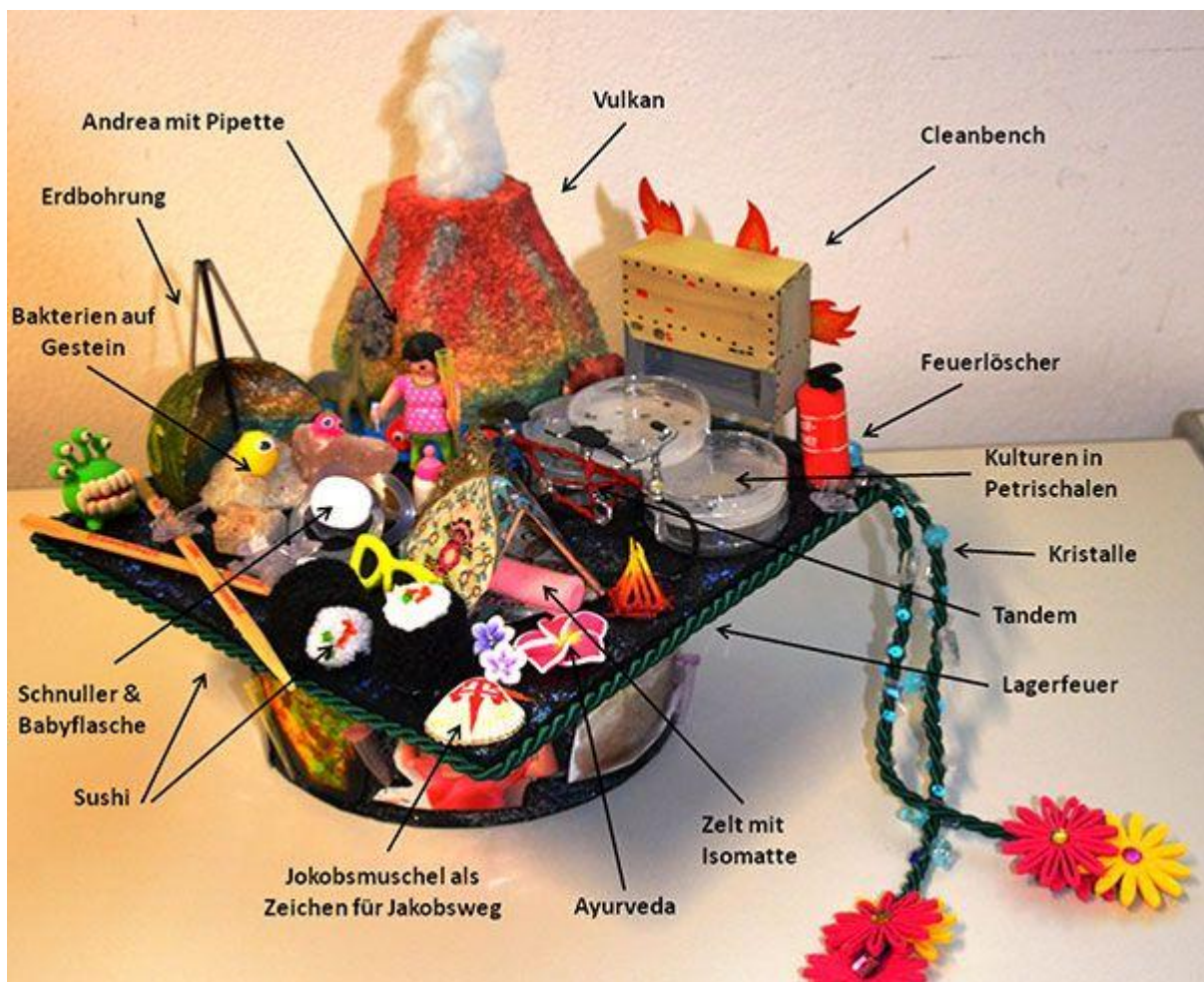
Beng-Soon Teh: "Development and role of the indigenous gut microbiota of *Spodoptera littoralis*" (Erstbetreuer: Prof. Wilhelm Boland)

Pol Alonso Pernas: "On the composition and function of the gut microbiome of two insect species, the generalist *Spodoptera littoralis* and the specialist *Melolontha hippocastani*" (Erstbetreuer: Prof. Wilhelm Boland)

Julia Kirtzel: "Geomicrobiology of *Schizophyllum commune*" (Verteidigung am 26.10.2018)

Sophia Wirth: "Volatilome of *Schizophyllum commune*"

Reyna Murry: „Inositol phosphate in the basidiomycete fungus *Schizophyllum commune*“



Gewinner des Wettbewerbs „Hut ab“ 2018 der Graduiertenakademie [Andrea Beyer]

6. Gleichstellung und Familie

Anteil Frauen	Anteil Männer	Mit Kindern unter 12 Jahren
17	6	16
2 PostDoc, weiblich		1
2 Technische Assistentinnen		



Die Drillinge Elli, Helena und Emma [Foto: OTZ]

7. Internationales

Kooperationen mit internationalen Universitäten

ENEA – Casaccia Research Centre – **Italien**
University of Bucharest – **Rumänien**
Babes-Bolyai University of Cluj-Napoca – **Romänien**
Jagiellonian University in Krakow – **Polen**
University of Vienna – **Österreich**
Örebro Universitet – **Schweden**
University of Cagliari – **Italien**
University of Tucumán & PROIMI – **Argentinien**
University of Debrecen – **Hungary**
Instituto Politécnico Nacional CICATA-QRO – **Mexiko**
State Ecological Academy in Kiew – **Ukraine**

Internationale Tagungsbesuche

14th European Conference on Fungal Genetics, 25.02. – 28.02.2018 Haifa, Israel

Ecology of Soil Microorganisms 2018, 17.06. – 21.06.2018, Helsinki, Finnland

11th International Micological Congress, 16.07. – 21.07.2018, San Juan, Puerto Rico

Wissenschaftlicher Workshop im Rahmen des Anbahnungsprojektes MSc Microbial Engineering, 01.05. – 05.05.2018, Tucuman, Argentinien



Die Teilnehmenden des Anbahnungsworkshops in Tucuman

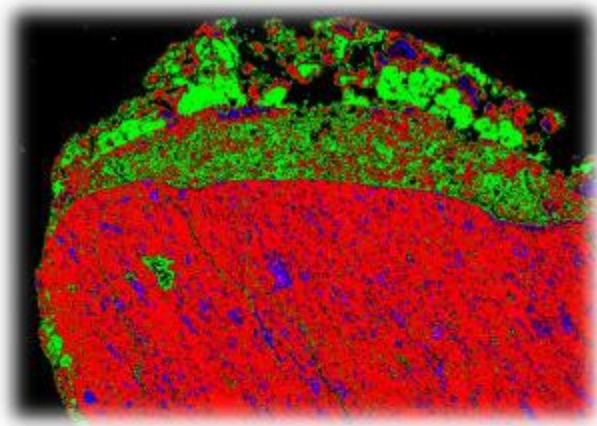
Sanierungskolloquium

Das 17. Jenaer Sanierungskolloquium hat vom 01.10.-02.10.2018 stattgefunden. Unter dem Titel „The role of heterogeneity in contaminated site assessment, bio-geo interactions and reactive transport“ waren Themen von der Nano- zur Microskala, mikrobiellem Einfluss auf Metallmobilität, reaktivem Transport, nachhaltigen Bergbau und Phytoremediation enthalten.

17. Sanierungskolloquium

**The role of heterogeneity in
contaminated site
assessment,
bio-geo interactions and
reactive transport**

First announcement



**Jena
October, 1st to 2nd
2018**



Prof. Dr. Erika Kothe
Institut für Mikrobiologie
Prof. Dr. Thorsten Schäfer
Institut für Geowissenschaften

8. Administration/Finanzen

Beschäftigungsstruktur

	Personen	Stellenanteile
Beschäftigte im Rahmen von Haushaltsmitteln		
Wissenschaftliche MitarbeiterInnen	9	3,0
Profillinie Life	2	1,0
Technische Assistenz	2	2,0
Sekretariat	1	1,0
Tutorinnen	8	
Beschäftigte im Rahmen von Drittmitteln		
Wissenschaftliche MitarbeiterInnen	9	
Postdoc	1	
Wissenschaftliche Hilfskräfte	1	
Studentische Hilfskräfte	2	
Weiteres Personal		
Auszubildende	1	

Vertretung in Selbstverwaltungsgremien (Prof. Kothe)

Studiengangsleiterin MSc Microbiology

Mitglied der Prüfungskommission BSc/MSc Biogeowissenschaften

Sprecherin der Profillinie Life der FSU

Sprecherin des „Jena Center for Microbial Communication“ der FSU

Co-Sprecherin der Exzellenzgraduiertenschule Jena School for Microbial Communication

Präsidentin des Universitätsverbands zur Qualifizierung des wissenschaftlichen Nachwuchses in Deutschland "UniWiND"

Mitglied des Beirats des Helmholtz-Zentrums Dresden-Rossendorf

Mitglied des Kuratoriums des Helmholtz-Zentrums Dresden-Rossendorf

Vorsitzende des Beirats des Leibniz Research Clusters „Bio/Synthetische Multifunktionale Produktionseinheiten“

Mitglied des Exekutivkommittees der International Max Planck Research School "global Biogeochemical Cycles"

Mitglied der International Max Planck Research School "Molecular Ecology", International Leibniz School "Molecular Microbial Interactions", DFG-SFB "ChemBioSys"; LeibnizCampus InfectoOptics; InfectoGnostics; Abbe Center of Photonics; HIGRADE

Editor-in-Chief: Journal of Basic Microbiology

Mitglied des Fachausschusses Mathematik und Naturwissenschaften der Akkreditierungsagentur Acquin

Vorsitzende der Berufungskommission W3 „Pharmazeutische Mikrobiologie“

Vorsitzende der Berufungskommission W2 „Mikrobielle Interaktionen“

Mitglied der Berufungskommission W3 „Allgemeine Mikrobiologie“

Mitglied der Berufungskommission W2 "Mikrobielle Immunologie"

Mitglied der Berufungskommission W2 „Zoologie“

Mitglied der Berufungskommission „Archaeogenetik“

Mitglied der Berufungskommission „Genetik“

9. Team



Univ.-Prof. Dr. Erika Kothe

Stellvertretung

Dr. Katrin Krause

Technische Assistenz

Petra Mitscherlich

Barbara Groß

Verwaltung – Sekretariat

Christin Reichmann

Promovierende

Brangsch, Hanka

Burow, Katja

Funai, Benjamin

Fürst, David

Dr. Jung, Elke-Martina

Kirtzel, Julia

Klose, Michael

Krauße, Thomas

Murry, Reyna C

Östreicher, Manuela

Pietschmann, Sebastian

Pötschner, Jessica

Stoiber-Lipp, Jennifer

Traxler, Lea

Wirth, Sophia

Studierende

Ahmad, Atif

Bonrath, Anna

Elias, Diana

Hayee, Abdul

Höller, Marlene
Khattak, Mohammad Hasan Rahman
Korkmaz, Ülke
Lenk, Kevin
Scherzer, Alisa
Shamim, Farzana
Shrestha, Jenny
Waqas, Muhammad

Lehraufträge

HDoz. Dr. Heiner Dörfelt



Lehrstuhl für Mikrobielle Interaktionen

(bis 09/18 Angewandte und Ökologische Mikrobiologie)

1. Forschung

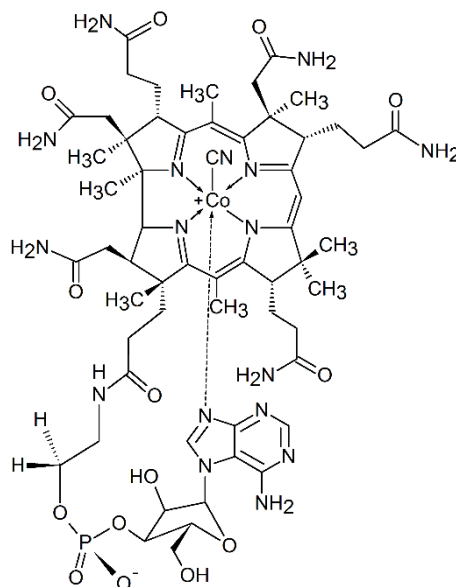
Methylotropher Stoffwechsel von homoacetogenen Bakterien

Acetobacterium dehalogenans ist in der Lage die Methylgruppe in Phenylmethylethern als Energiesubstrat zu nutzen. Die Methylgruppe wird über den Kohlenmonoxid-Dehydrogenase-Weg zu Acetat verstoffwechselt. Die Etherspaltung in Abwesenheit von Sauerstoff wird durch das Enzym O-Demethylase katalysiert. Das Enzym besteht aus vier separaten Proteinkomponenten. Eine Komponente trägt Vitamin B₁₂ (Corrinoid) als prosthetische Gruppe. Die Methylgruppe wird mittels einer Methyltransferase I auf das Kobalt des Corrinoidproteins übertragen und danach durch eine Methyltransferase II mit Tetrahydrofolat verknüpft. Die vierte Komponente („aktivierendes Enzym“ AE) erfüllt eine Reparaturfunktion, indem es den Corrinoid-Kofaktor nach Autoxidation reaktiviert. Dieser Prozess ist ATP-abhängig. Die O-Demethylasereaktion und insbesondere die Struktur und Funktion des aktivierenden Enzyms sind Gegenstand aktueller Untersuchungen.

Organohalid-Respiration und Corrinoid-Biosynthese/-Nutzung

Verschiedene anaerobe Bakterien sind in der Lage halogenierte organische Verbindungen reaktiv zu dehalogenieren und diesen Prozess an Energiekonservierung zu koppeln. Der Energiestoffwechsel dieser phylogenetisch diversen Gruppe von Bakterien ist weitestgehend unverstanden und soll aufgeklärt werden. Des Weiteren wird die Struktur und Funktion der Schlüsselenzyme dieser anaeroben Atmung, der reduktiven Dehalogenasen (RDasen), und ihre Integration in die Atmungskette in der Zytoplasmamembran untersucht. RDasen sind Corrinoid-haltige Metallenzyme, welche auf der Außenseite der Zytoplasmamembran lokalisiert sind.

Organohalid-atmende Bakterien (OHRB) sind abhängig von Corrinoid-Kofaktoren für die Funktion von RDasen. Einige Vertreter dieser phylogenetisch diversen Organismengruppe sind in der Lage Corrinoid *de novo* zu synthetisieren, andere wiederum sind Corrinoid-auxotroph. Die Produktion von Corrinoiden und ihre Verwendung innerhalb der OHRB (und darüber hinaus) wird erforscht. Strukturell verschiedene Corrinoid-Kofaktoren werden erzeugt und auf ihre biologische Relevanz in Bakterien und Mikroalgen untersucht.



Norpseudovitamin B₁₂ isoliert aus dem Tetrachlorethen-atmenden Epsilon-proteobakterium *Sulfurospirillum multivorans*

2. Publikationen

- Sperfeld M, Diekert G, Studenik S. Anaerobic aromatic compound degradation in *Sulfuritalea hydrogenivorans* sk43H. *FEMS Microbiol Ecol.* 2019 Jan 1;95(1). doi:10.1093/femsec/fiy199.
- Sperfeld M, Diekert G, Studenik S. Community dynamics in a nitrate-reducing microbial consortium cultivated with p-alkylated vs. non-p-alkylated aromatic compounds. *FEMS Microbiol Ecol.* 2019 Jan 1;95(1). doi:10.1093/femsec/fiy200.
- Schubert T, von Reuß SH, Kunze C, Paetz C, Kruse S, Brand-Schön P, Nelly AM, Nüske J, Diekert G. Guided cobamide biosynthesis for heterologous production of reductive dehalogenases. *Microb Biotechnol.* 2018 Dec 13. doi:10.1111/1751-7915.13339.
- Kruse S, Goris T, Westermann M, Adrian L, Diekert G. Hydrogen production by *Sulfurospirillum* species enables syntrophic interactions of Epsilonproteobacteria. *Nat Commun.* 2018 Nov 19;9(1):4872. doi:10.1038/s41467-018-07342-3.
- Rischer M, Raguž L, Guo H, Keiff F, Diekert G, Goris T, Beemelmans C. Biosynthesis, Synthesis, and Activities of Barnesin A, a NRPS-PKS Hybrid Produced by an Anaerobic Epsilonproteobacterium. *ACS Chem Biol.* 2018 Aug 17;13(8):1990-1995. doi:10.1021/acscchembio.8b00445.
- Türkowsky D, Esken J, Goris T, Schubert T, Diekert G, Jehmlich N, von Bergen M. A Retentive Memory of Tetrachloroethene Respiration in *Sulfurospirillum halorespirans* - involved Proteins and a possible link to Acetylation of a Two-Component Regulatory System. *J Proteomics.* 2018 Jun 15;181:36-46. doi:10.1016/j.jprot.2018.03.030.
- Türkowsky D, Lohmann P, Mühlenbrink M, Schubert T, Adrian L, Goris T, Jehmlich N, von Bergen M. Thermal proteome profiling allows quantitative assessment of interactions between tetrachloroethene reductive dehalogenase and trichloroethene. *J Proteomics.* 2019 Feb 10;192:10-17. doi:10.1016/j.jprot.2018.05.018. Epub 2018 Jun 4.
- Buttet GF, Murray AM, Goris T, Burion M, Jin B, Rolle M, Holliger C, Maillard J. Coexistence of two distinct *Sulfurospirillum* populations respiring tetrachloroethene-genomic and kinetic considerations. *FEMS Microbiol Ecol.* 2018 May 1;94(5). doi:10.1093/femsec/fiy018.
- Schubert T, Adrian L, Sawers RG, Diekert G. Organohalide respiratory chains: composition, topology and key enzymes. *FEMS Microbiol Ecol.* 2018 Apr 1;94(4). doi:10.1093/femsec/fiy035.
- Sperfeld M, Rauschenbach C, Diekert G, Studenik S. Microbial community of a gasworks aquifer and identification of nitrate-reducing *Azoarcus* and *Georgfuchsia* as key players in BTEX degradation. *Water Res.* 2018 Apr 1;132:146-157. doi:10.1016/j.watres.2017.12.040.
- Keller S, Kunze C, Bommer M, Paetz C, Menezes RC, Svatoš A, Dobbek H, Schubert T. Selective Utilization of Benzimidazolyl-Norcobamides as Cofactors by the Tetrachloroethene Reductive Dehalogenase of *Sulfurospirillum multivorans*. *J Bacteriol.* 2018 Mar 26;200(8). pii: e00584-17. doi:10.1128/JB.00584-17.
- Türkowsky D, Jehmlich N, Diekert G, Adrian L, von Bergen M, Goris T. An integrative overview of genomic, transcriptomic and proteomic analyses in organohalide respiration research. *FEMS Microbiol Ecol.* 2018 Mar 1;94(3). doi:10.1093/femsec/fiy013.
- Gadkari J, Goris T, Schiffmann CL, Rubick R, Adrian L, Schubert T, Diekert G. Reductive tetrachloroethene dehalogenation in the presence of oxygen by *Sulfurospirillum multivorans*: physiological studies and proteome analysis. *FEMS Microbiol Ecol.* 2018 Jan 1;94(1). doi:10.1093/femsec/fix176.

3. Drittmittelprojekte

Projektträger	Vorhaben	Laufzeit	Mittel in 2018
DFG	Forschergruppe FOR1530 – Teilprojekt 01	01.06.2014 – 30.09.2018	Restmittel aus kostenneutraler Verlängerung
DFG	Corrinoid cofactor biosynthesis and insertion into reductive dehalogenases of anaerobic bacteria	01.06.2012 – 31.05.2018	Restmittel aus kostenneutraler Verlängerung
DFG	Untersuchungen zum Reaktionsmechanismus Corrinoid-reduzierender Metallo-ATPasen	01.05.2016- 30.09.2019	12.000,00 € + 1 Doktorandin
Leibniz Science Campus (LSC) InfectoOptics	Start up-Projekt „B-TWELVE – Microverse remastered - B ₁₂ vitamers in action“		12.000,00 € + 1 Postdoc

4. Studium und Lehre

Angebote Module der Mikrobiellen Interaktionen

Modulnummer	Veranstaltung	ECTS	Teilnehmerzahl
Wintersemester 2017/2018 + Sommersemester 2018			
BB3.MB2	Anwendung enzymatischer Analysen in der Mikrobiologie	10	10
BB2.3/ BEBW4	Vorlesung Mikrobiophysik	4	92
	Praktikum Mikrobiophysik	4	49
MMB 1.1	Vorlesung Ökologie und Physiologie der Bakterien	10	28
	Praktikum Energiestoffwechsel von Bakterien		
	Seminar Geschichte der Mikrobiologie		
	Microbial Communication Colloquium		~50
MMB2.2	Praktikum Biotechnologie von Fermentationsprozessen	10	5
	Seminar Aktuelle Themen der Umweltmikrobiologie		
	Übung zu physikalischen Meßmethoden		
MMB2.3	Praktikum Abbau von Natur- und Fremdstoffen	10	8
	Seminar Abbau von Natur- und Fremdstoffen		
	Übung zum wissenschaftlichen Publizieren		
	Graduiertenseminar Physiologie von anaeroben Bakterien		

Vertiefungs- und Projektmodule

	ECTS	Anzahl Studierende
Projektmodul MMB 3.1	15	2
Vertiefungsmodul MMB 3.2	15	2

Masterarbeiten

Masterarbeit Evans Osahon Iyamu: “Cobamide-dependent enzymatic reductive dehalogenation of tetrachloroethene: Chemical basis of chloroform inhibition” (01/18)

Masterarbeit Sarah Postel: “The pyruvate:ferredoxin/flavodoxin oxidoreductase as an electron delivering system for ATP-dependent corrinoid reduction in anaerobic bacteria” (11/18)

Masterarbeit Christoph Baum: “The pyruvate:ferredoxin/flavodoxin oxidoreductase as an electron delivering system for ATP-dependent corrinoid reduction in anaerobic bacteria” (01/19)

Zweitbetreuung/-gutachten:

Masterarbeit Sebastian Herkersdorf: “Investigation on nonribosomal peptides from plant pathogenic bacteria” (Erstbetreuer: Prof. Dr. Dirk Hoffmeister, Pharmazeutische Mikrobiologie)

5. Wissenschaftlicher Nachwuchs

Promotionsabschlüsse 2018

Jennifer Gadkari: "Energiekonservierung über Organohalid-Respiration in *Sulfurospirillum multivorans*"

Sebastian Keller: "Biosynthesis and utilization of structurally diverse norcobamide cofactors in the tetrachloroethene-respiring bacterium *Sulfurospirillum multivorans*"

Cindy Kunze: "Structural and functional relations in cobamide-containing reductive dehalogenases from anaerobic bacteria"

Stefan Kruse: "Hydrogen metabolism and syntrophic interactions of *Sulfurospirillum* spp. in anaerobic co-cultures"

Martin Sperfeld: "Microbial communities at a gasworks site: A marker gene- and cultivation-based approach to explore anaerobic aromatic compound degradation"

Steffi Franke: "Characterization of anaerobic microbial dehalogenation in *Thauera chlorobenzoica* and *Dehalococcoides mccartyi* using multi-element compound-specific stable isotope analysis" (Erstbetreuer: PD Dr. Ivonne Nijenhuis, UFZ Leipzig)

6. Gleichstellung und Familie

Anteil Frauen	Anteil Männer	Mit Kindern unter 12 Jahren
7	5	2
1 PostDoc, weiblich		
3 Technische Assistentinnen		1

7. Team

Univ.-Prof. Dr. Gabriele Diekert (Ruhestand ab 10/18)

Stellvertretung

Dr. Jörg Nüske

Dr. Torsten Schubert (Vertretungsprofessur ab 10/18)

Dr. Sandra Studenik

Technische Assistenz

Peggy Brand-Schön

Yvonne Greiser

Stefanie Kröckel

Verwaltung – Sekretariat

Sabine Schein

Promovierende

Hendrike Dürichen

Jens Esken

weiter wissenschaftliche Mitarbeiter

Dr. Stefan Kruse (PostDoc)

Christoph Baum (wissenschaftl. Hilfskraft, Tutor)

Pressemitteilung**Friedrich-Schiller-Universität Jena****Axel Burchardt**

21.11.2018

<http://idw-online.de/de/news706435>Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie, Medizin
überregional**Wenn Verwandte von Krankheitserregern Gutes tun**

Es gibt Bakterien, die Wasserstoff und Naturstoffe produzieren, was sowohl für die Umwelt als auch für die Medizin wichtig ist. In Jena hat ein Forschungsteam nun die Fähigkeit zur Wasserstoff- und Naturstoffproduktion in einer Gruppe von Bakterien nachgewiesen, die bis dahin eher als Krankheitserreger bekannt waren. In Gemeinschaft mit einem methanproduzierenden Bakterium konnten diese Bakterien Milchsäure zu Methan umwandeln.

Es gibt Bakterien, die Wasserstoff und Naturstoffe produzieren, was sowohl für die Umwelt als auch für die Medizin wichtig ist. In Jena hat ein Forschungsteam nun die Fähigkeit zur Wasserstoff- und Naturstoffproduktion in einer Gruppe von Bakterien nachgewiesen, die bis dahin eher als Krankheitserreger bekannt waren. In Gemeinschaft mit einem methanproduzierenden Bakterium konnten diese Bakterien Milchsäure zu Methan umwandeln.

Bakterien dieser Gruppe, der sogenannten Epsilonproteobakterien, werden zum Beispiel mit der Entstehung von Magengeschwüren in Verbindung gebracht oder sind als Auslöser von Lebensmittelvergiftungen bekannt. Die Epsilonproteobakterien, die an der Universität Jena erforscht werden, sogenannte Sulfurospirillen, sind hingegen harmlos und leben unter Ausschluss von Sauerstoff in Abwässern und Flusssedimenten und können Schadstoffe in der Umwelt umwandeln. Diese Transformation ist an die bakterielle Atmung gekoppelt, die biochemisch ähnlich zur menschlichen Sauerstoffatmung ist. Nun hat ein Jenaer Forschungsteam zwei weitere besondere Stoffwechselleistungen von Sulfurospirillen entdeckt und erstmals beschrieben: die Fähigkeit, sowohl Wasserstoff als auch Naturstoffe zu produzieren. Letztere könnten eventuell als Medikamente dienen. Die Ergebnisse der langjährigen Forschung, die von der Exzellenz-Graduiertenschule „Jena School for Microbial Communication“ (JSMC) und der DFG-Forschergruppe FOR 1530 – „Anaerobic Biological Dehalogenation: Organisms, Biochemistry, and (Eco-)physiology“ gefördert wurde, sind jetzt in Artikeln in den renommierten Fachzeitschriften „Nature Communications“ und „ACS Chemical Biology“ erschienen.

Einblicke in die Maschinerie des Stoffwechselweges

Die Wasserstoffproduktion wurde von Dr. Stefan Kruse, der zur JSMC gehörte, im Labor der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Gabriele Diekert an der Uni Jena nachgewiesen. Um tiefere Einblicke in die Maschinerie des Stoffwechselweges und der daran beteiligten Enzyme zu erlangen, wurden Studien durchgeführt, die die Gesamtheit der Proteine des Bakteriums in gärenden Zellen mit der in atmenden Zellen vergleicht. Dabei bekam das Jenaer Team Unterstützung von Prof. Dr. Lorenz Adrian, Arbeitsgruppenleiter am Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ) in Leipzig. Zusammen mit der Mikrobiologin Gabriele Diekert untersuchten sie seit 2011 die Transformation halogener, oft giftiger Verbindungen, zum Beispiel durch Sulfurospirillen. Dr. Tobias Goris, Wissenschaftler und Koordinator in der Forschergruppe FOR 1530, stellte nach Genomuntersuchungen an Sulfurospirillen die ursprüngliche These zur Wasserstoffproduktion auf. „Zu Beginn hatten wir nur sehr unsichere Hinweise auf Wasserstoff- und Naturstoffproduktion dieser Bakterien. Wir haben die Sequenz einer sogenannten Hydrogenase – das sind Enzyme, die Wasserstoff spalten oder herstellen können – im Genom von Sulfurospirillum gefunden. Die gefundene Hydrogenase ähnelt entfernt anderen Hydrogenasen, die Wasserstoff produzieren. Daher wollten wir die für die Wasserstoffproduktion verantwortlichen Enzyme eindeutig

nachweisen und wurden mit den Ergebnissen der vergleichenden Proteomik in Leipzig und den biochemischen Arbeiten von Stefan Kruse belohnt: Wir konnten einen großen, Wasserstoff produzierenden Komplex nachweisen“, sagt Goris.

Ökologische Interaktionen sichtbar gemacht

Die Wasserstoffproduktion von Sulfurospirillen kann weitreichende Auswirkungen auf ökologische Fragestellungen haben: Da Wasserstoff in mikrobiellen Gemeinschaften als wertvoller Nährstoff gilt, lag es nahe, dass Sulfurospirillen andere Bakterien mit dem produzierten Wasserstoff „ernähren“ können. Daher hat das Jenaer Team „Sulfurospirillum multivorans“ in Kombination mit „Methanococcus voltae“ kultiviert, da Letzteres für die Methanproduktion aus Wasserstoff als Energiequelle bekannt war. Die Interaktion beider Organismen führte tatsächlich zur Produktion von Methan aus Milchsäure und außerdem zu einer biofilmartigen Aggregatbildung, die am Elektronenmikroskopischen Zentrum des Jenaer Universitätsklinikums unter Mitwirkung von PD Dr. Martin Westermann untersucht wurde. Die elektronenmikroskopischen Aufnahmen zeigten ein dichtes Netzwerk an Zellen, wodurch ein enger Kontakt zwischen den Organismen ermöglicht wurde, der einen verbesserten Wasserstoffaustausch zur Folge haben könnte.

Die Interaktion von Sulfurospirillen mit anderen Bakterien wird weiterhin am Institut für Mikrobiologie der Friedrich-Schiller-Universität erforscht, wobei eine Fokussierung auf den Abbau von Schadstoffen in diesen mikrobiellen Lebensgemeinschaften gelegt wird.

Genom-Untersuchungen als Grundlage

Genom-Untersuchungen waren ebenfalls der Anlass, die Produktion eines Naturstoffes durch „Sulfurospirillum barnesii“ zu erforschen. Die Untersuchungen dazu wurden zusammen mit der Arbeitsgruppe von Dr. Christine Beemelmans am Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie durchgeführt. Dort wurde der aufwendige chemische Nachweis durch Maja Rischer und andere Forschende geführt. Das komplexe Molekül, nach dem Bakterium „S. barnesii“ Barnesin genannt, hat eine ähnliche Wirkungsweise wie z. B. bereits in der Krebsbehandlung eingesetzte Proteasehemmer.

„An beiden Arbeiten lässt sich verfolgen, wie wichtig es ist, anfänglichen Untersuchungen am Genom von Bakterien biochemische Experimente im Labor folgen zu lassen“, ist Stefan Kruse überzeugt.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dr. Stefan Kruse, Dr. Tobias Goris, Prof. Dr. Gabriele Diekert
Institut für Mikrobiologie der Friedrich-Schiller-Universität Jena
Philosophenweg 12, 07743 Jena
E-Mail: stefan.kruse[at]uni-jena.de, tobias.goris[at]uni-jena.de, gabriele.diekert[at]uni-jena.de

Maja Rischer, Dr. Christine Beemelmans
Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie – Hans-Knöll-Institut (HKI)
Beutenbergstraße 11a, 07745 Jena
E-Mail: maja.rischer[at]leibniz-hki.de, christine.beemelmans[at]leibniz-hki.de

Originalpublikation:

Kruse S, Goris T, Westermann M, Adrian L, Diekert G: Hydrogen production by Sulfurospirillum species enables syntrophic interactions of Epsilonproteobacteria, Nature Communications 2018, 9, Article Number 4872, DOI: 10.1038/s41467-018-07342-3

Rischer M, Raguž L, Guo H, Keiff F, Diekert G, Goris T, Beemelmans C.: Biosynthesis, Synthesis, and Activities of Barnesin A, a NRPS-PKS Hybrid Produced by an Anaerobic Epsilonproteobacterium, ACS Chemical Biology 2018, Aug 17;13(8):1990-1995, DOI: 10.1021/acscchembio.8b00445

URL zur Pressemitteilung: <https://www.nature.com/articles/s41467-018-07342-3>

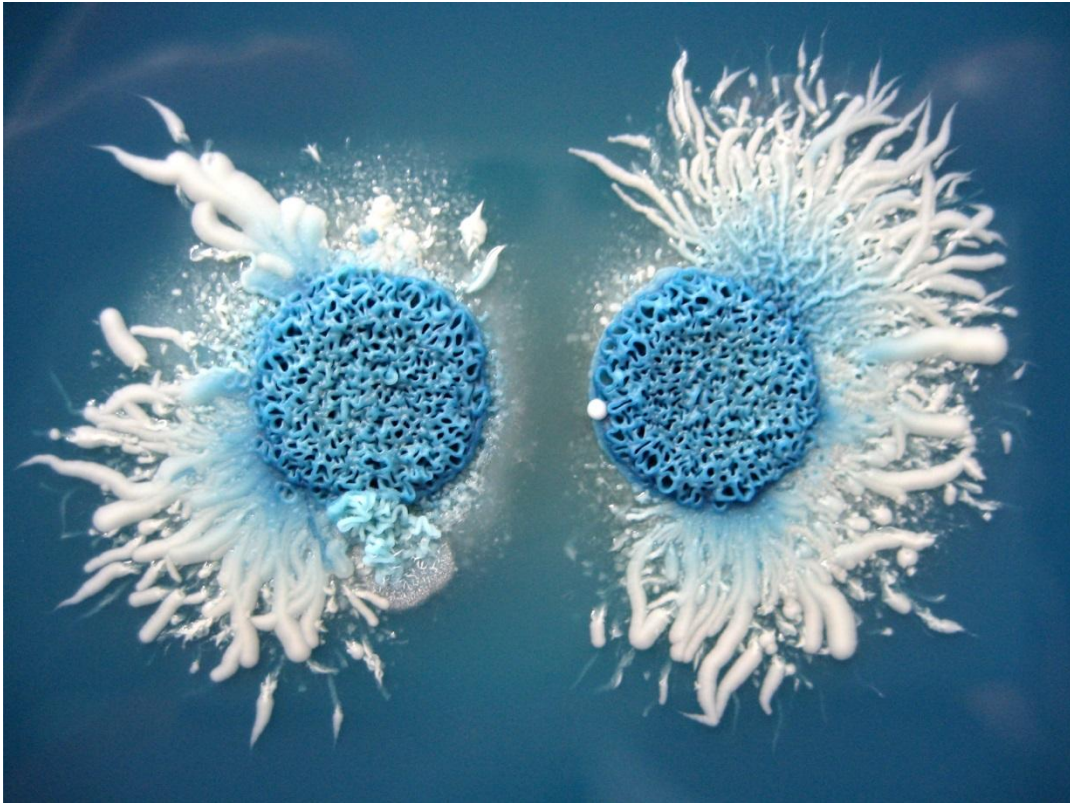
URL zur Pressemitteilung: <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acscchembio.8b00445>



Dr. Stefan Kruse bereitet eine Bakterienkultur für die Untersuchung in einer sogenannten Anaerobenkammer vor.
(Foto: Jan-Peter Kasper/FSU)



Dr. Stefan Kruse bereitet eine Bakterienkultur vor. Auf dem Bildschirm ist eine elektronenmikroskopische Aufnahme einer biofilmartigen Aggregatbildung zu sehen.
(Foto: Jan-Peter Kasper/FSU)



Lehrstuhl für Mikrobielle Pathogenität

Prof. Dr. Bernhard Hube



Mission

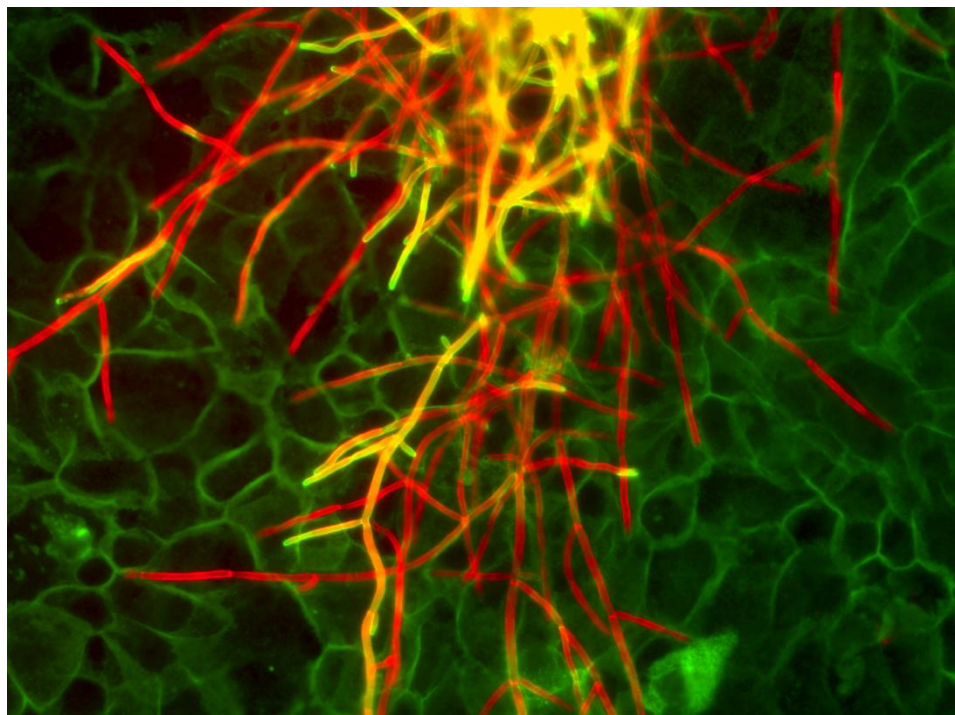
Using cellular, microbial, molecular and biochemical methods and *Candida albicans* and *C. glabrata* as model organisms, the goal of our research is to understand how human pathogenic yeasts cause disease.

Most important Results 2016- 2018 (Topics-Staff-Publications-News see also: <https://www.leibniz-hki.de/en/microbial-pathogenicity-mechanisms.html>):

Role of a secreted peptide toxin – Candidalysin – in *Candida albicans* pathogenicity

Candida albicans pathogenicity has long been linked to its ability to form hyphae, and this morphological state has frequently been associated with infections ranging from superficial to

systemic and even sepsis. What makes hyphae so important in pathogenicity, compared to the yeast morphological form, was, however, not completely understood: On the one hand hyphae are more adhesive and invasive on both biotic and abiotic surfaces, and this was often thought to sufficiently explain the different pathogenic potential of the two morphologies. But hyphae, or hyphae-associated processes, were also known to trigger an inflammatory response able to specifically sense pathogenic *C. albicans* — a "danger response" capable of discriminating between yeast and hyphal growth. To differentiate whether hyphae per se or hypha-associated factors are responsible for the "danger response", we performed, in collaboration with Prof. Julian Naglik and his team at the King's College in London (UK), a screening of a set of mutants that lack genes linked with filamentation. We evaluated markers of the "danger response", including the ability of the strains to cause damage to host cells. Of all the mutants tested, those that were unable to filament were consistently also unable to trigger the danger response, whereas all strains that were able to filament were fully able to do so – all except one. This strain lacks the ECE1 gene, which we later discovered to encode a peptide toxin that is secreted by invading hyphae and which we found to be critical for mucosal infection. Due to its ability to lyse host cells we named this toxin "Candidalysin", the first of its kind discovered in a human pathogenic fungus. "ECE1 and Candidalysin" have since become a major driving topic in our laboratory, putting us and our collaboration partners in a world-leading position in this new aspect of *Candida* pathogenicity. In collaboration with Prof. Sarah Gaffen, University of Pittsburgh (USA), and other long standing collaborators, we have recently published another major finding on Candidalysin: We found that the innate immune response, which is predominantly orchestrated by IL-17 producing cells during *C. albicans* pathogenicity, is triggered by *C. albicans* hyphae more than by yeasts due to their Candidalysin secretion. While this was demonstrated in oral epithelial cells, other cell types are similarly affected by Candidalysin, including vaginal epithelia. This way the toxin exacerbates immunopathogenesis of *C. albicans* vaginitis, the most common manifestation of *C. albicans* infections.

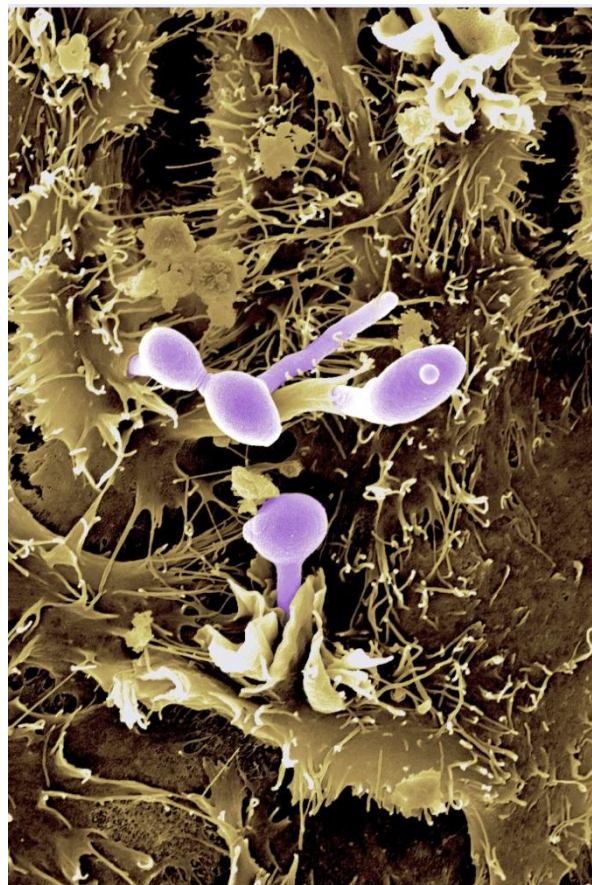


C. albicans hyphae invade into human epithelium (red hyphae) or grow on its surface (yellow hyphae). Cover photograph - *Eukaryotic Cell* 2014 Aug;13(8) (Copyright © 2014, American Society for Microbiology)

Networks of micronutrient acquisition during *Candida* infections

Damage to the host is, however, not a self-serving event during pathogenesis, but is rather required by pathogens to obtain nutrients during infections. Among the arguably most limited nutrients in the host are different metals, and in the past we have investigated how *C. albicans* can acquire iron or zinc from different host molecules. In fact, the active limitation of metal availability is a long-recognized phenomenon, frequently called nutritional immunity, and the study and disruption of the pathogen's countermeasures is considered a promising avenue to the development of new treatment options. We have focused mainly on *C. glabrata* in this research period. Among our most important results is the new finding that *C. glabrata* seems to use a unique regulatory network to respond to iron abundance in its environment. As a yeast with a close evolutionary relationship with *Saccharomyces cerevisiae*, we expected this pathogen to employ the unusual and – in comparison to other fungi – newly developed regulatory system of baker's yeast. Indeed we found that both species rely mainly on the same transcription factor, Aft1, to regulate iron homeostasis, but *C. glabrata* shows important deviations from this network. Our research revealed a hybrid regulatory network in *C. glabrata*, which combines features from both harmless baker's yeast and pathogenic fungal species. In the same vein, we found that *C. glabrata* differs from other pathogenic fungi in its absence of surface ferric reductases. These enzymes normally allow efficient iron uptake even under severely limited conditions as encountered in the host. Consequently, fungi like *C. albicans* have large gene families of these reductases at their disposal. Again, *C. glabrata* follows a seemingly unique strategy among pathogenic yeasts by employing a soluble, non-proteinaceous substance to fulfil the same role – although the nature of this reducing agent is still not fully known. Thus, we have shown that *C. glabrata* has evolved solutions to the problem of iron starvation in the host which frequently differ from those of other pathogenic fungi.

These results allow us to better understand the host-pathogen interaction in *Candida* infections, both from the side of host damage and immune response (Candidalysin) and from the side of pathogen fitness, survival and growth (metal uptake). We will continue to investigate these frontline events at the interface between host and fungus to understand and in the long term disrupt the strategies of *Candida* species in human pathogenesis.



C. albicans hyphae (purple) are taken up by oral epithelial cells (induced endocytosis). Cover photograph - *Science Immunology* 2017 Nov 3;2.

Selected publications:

1. Verma AH, Richardson JP, Zhou C, Coleman BM, Moyes DL, Ho J, Huppler AR, Ramani K, McGeachy MJ, Mufazalov IA, Waisman A, Kane LP, Biswas PS, Hube B, Naglik JR, Gaffen SL (2017) Oral epithelial cells orchestrate innate type 17 responses to *Candida albicans* through the virulence factor candidalysin. *Sci Immunol* 2, pii: eaam8834.
2. Gerwien F, Safyan A, Wisgott S, Brunke S, Kasper L, Hube B (2017) The fungal pathogen *Candida glabrata* does not depend on surface ferric reductases for iron acquisition. *Front Microbiol* 8, 1055.
3. Gerwien F, Safyan A, Wisgott S, Hille F, Kaemmer P, Linde J, Brunke S, Kasper L, Hube B (2016) A novel hybrid iron regulation network combines features from pathogenic and nonpathogenic Yeasts. *MBio* 7, pii: e01782-16.
4. Moyes DL, Wilson D, Richardson JP, Mogavero S, Tang SX, Wernecke J, Höfs S, Gratacap RL, Robbins J, Runglall M, Murciano C, Blagojevic M, Thavaraj S, Förster TM, Hebecker B, Kasper L, Vizcay G, Iancu SI, Kichik N, Häder A, Kurzai O, Luo T, Krüger T, Kniemeyer O, Cota E, Bader O, Wheeler RT, Gutschmann T, Hube B, Naglik JR (2016) Candidalysin is a fungal peptide toxin critical for mucosal infection. *Nature* 532, 64-68.
5. Böttcher B, Pöllath C, Staib P, Hube B, Brunke S (2016) *Candida* species rewired hyphae developmental programs for chlamydospore formation. *Front Microbiol* 7, 1697.

Major third party funding

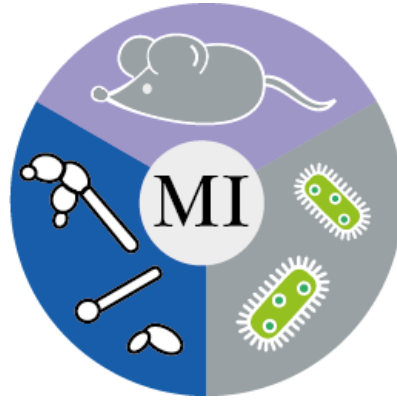
Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) Collaborative Research Centre/Transregio 124 – FungiNet - Project C1 and Z2

DFG SPP 1580 Hu 528/17-1 and STA1147/1-1

Infect ERA-NET Program FunComPath; German Federal Ministry of Education and Health (BMBF) 031L0001A

The European Union, H2020–Marie Skłodowska-Curie Actions–European Training Networks–Marie Skłodowska-Curie (grant agreement no. 642095)–“OPATHY.”

Center for Sepsis Control and Care, Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) Grant Numbers 01E01002



Lehrstuhl für Mikrobielle Immunologie

Prof. Dr. Ilse Jacobsen



General research focus

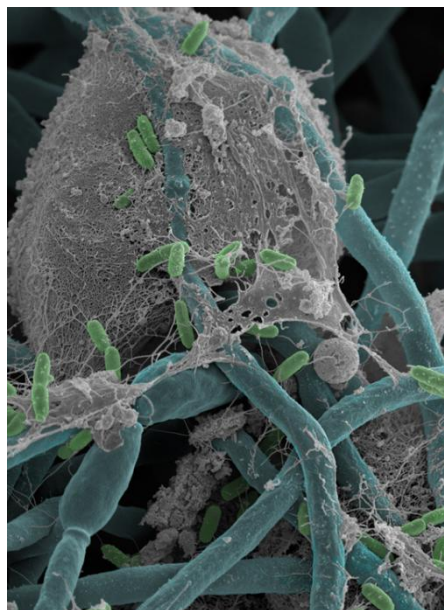
The Research Group Microbial Immunology investigates the pathogenesis of fungal infections, especially caused by *Candida albicans*, with a focus on interactions between the immune system and the host, and the consequences for development of disease. In mice, *C. albicans* infects almost all organs after intravenous application; however, while *C. albicans* is gradually cleared from liver and spleen, infection progresses in the kidneys. We aim to better understand the mechanisms of this organ-specific outcome, and to elucidate the exact role that filamentation plays in this. In parallel, we address the role of *C. albicans* as a commensal in the gut and the interactions with bacteria, especially in the context of factors that might facilitate translocation and development of life-threatening systemic infection. We believe that a deeper understanding on how infections develop and progress will allow to more accurately identify patients that benefit from prophylactic therapy and that it might lead to development of novel therapeutic approaches, aimed at strengthening host resilience or modulating fungal virulence. To this purpose, we have established a range of infection models, including mouse models, within our group and collaborate closely with other units at the HKI and groups from the FSU that work in the field of pathogenesis of *C. albicans* infections (MPM, Septomics HFI), immunology (IB, Prof. Jungnickel, Prof. Werz, PD Dr. Kosan), and bioinformatic analysis of – omics and image data (ASB, SBB, NM).

Selected Results 2016-2018

Although the organ-specific outcome of *C. albicans* infection in mice has been known for decades, the underlying mechanisms are only poorly understood. By performing gene expression profiling of the fungus and the host tissue during *in vivo* infection of mice, we identified distinct responses of both the host and the fungus in kidneys compared to the liver (*Sci Rep* 2016). The results indicate a delayed immune response accompanied by unhindered growth of the fungus in the kidneys. In contrast, proinflammatory responses occurred early in

the liver and a fungal response suggesting interaction with phagocytes which likely mediates fungal control in the liver. Notably, hypha-associated genes were upregulated in the absence of visible filamentation in the liver, indicating an uncoupling of gene expression and morphology. We hypothesize that early interaction with resident phagocytes in the liver is mediating suppression of filamentation, which we are currently investigating in collaboration with PD Dr. A. Mosig (UKJ) using an organ-on-chip model that facilitates tissue-specific differentiation of macrophages. In a related project, we investigated the susceptibility and response of organ-specific epithelial cells (renal, hepatic, oral) to *C. albicans* infection. We found that both susceptibility and host response differed significantly between these epithelial cells in dependence of the fungal cell wall structure (Pawlik et al., in preparation), indicating that epithelial cells likely contribute to organ-specific interactions by distinct cytokine production profiles stimulating different downstream immune reactions.

Morphogenesis, and especially the ability to form hyphae, is considered a key virulence attribute of *C. albicans*. Surprisingly though, we found *C. albicans* mutants lacking *EED1*, a gene required for hyphal maintenance, to be fully virulent in a murine model of systemic candidiasis despite the absence of hyphae in infected tissue (Dunker et al., in preparation). We discovered that *EED1* reduces sensitivity to the filament-inhibitory effect of farnesol, a quorum sensing molecule. In addition, *EED1* regulates farnesol production and the hyphal maintenance-defect in the *eed1Δ* mutant strain is at least partially linked to farnesol (*Mol Microbiol* 2017). Using a genetic approach, we could show that *EED1* acts independently of other pathways previously implicated in farnesol sensing. These molecular findings raise novel questions concerning farnesol sensing and regulation of production (reviewed in *Curr Genet* 2017). Farnesol is however not only the major quorum sensing molecule of *C. albicans* but also involved in virulence (reviewed in *Crit Rev Microbiol* 2017), providing possible link between the quorum sensing and virulence phenotype of the *eed1Δ* mutant which we plan to address in the future.



4 k magnification

Electron micrograph depicting physical interactions of *Candida albicans* and *Proteus mirabilis* [Joanna M. Niemiec, Sandor Nietzsche, Susanne Linde].

The intestinal tract is the main reservoir of *C. albicans* and a source for infections. Using murine models we could show that *C. albicans* behaves as a commensal in this niche and does not trigger inflammatory responses even in a dysbiotic setting (Rudolphi et al., in preparation). This is likely to be influenced by interactions with bacterial members of the gut microbiota (reviewed in *Reference Module in Life Sciences* 2017 and *Current Topics Microbiol Immunol* 2018). We have found that such interactions influence bacterial virulence *in vitro* and are currently analysing whether this is also the case *in vivo*. Furthermore, we could demonstrate that alterations of oxygen levels in intestinal tissue, for example during hypoxic shock and reperfusion, affect the interaction of *C. albicans* with enterocytes, which might contribute to translocation in specific situations (Engert et al., in preparation).

Finally, we supported collaboration partners by providing our specific expertise in murine infection models and thereby contributed to a better understanding of the pathogenesis infections with *C. glabrata* (*Cell Microbiol* 2018), mucormycoses (*Virulence* 2017), and invasive aspergillosis (*Cell Chem Biol* 2016, *PLoS Path* 2016, *Mol Microbiol* 2016, *J Allergy Clin Immunol* 2017).

Perspective

We envisage continuing our focus on organ-specific host-fungal interactions and the role of farnesol in pathogenesis, as well as further elucidating the impact of bacterial-fungal interactions on (i) *Candida* colonization and infection, and (ii) the consequences for the host's immune response and pathogenesis. The latter will include both analysis of interactions between distinct bacterial species and *C. albicans* and investigation and functional analysis of the microbiota in the context of colonization, dissemination, and the outcome of systemic infection. Interactions between microbes and the microbiome are receiving increasing attention across different areas of research as important determinants for disease development. This research focus furthermore is in line with the scope of the Jena School for Microbial Communication and the recently approved excellence cluster "Balance of the Microverse". Furthermore, a project addressing the impact of microbiota composition and *Candida* colonization on subsequent infections has recently acquired funding as part of the European ITN FunHoMics. We have established collaborations that enable us to perform state-of-the-art microbiome analysis (SBB and Prof. Slevogt, UKJ) which together with our expertise in murine models of colonization and infection should allow us to perform cutting edge research in this rapidly growing field.

Selected publications

Primary research papers 2016-2018

1. Allert S*, Förster TM*, Svensson CM, Richardson JP, Pawlik T, Hebecker B, Rudolphi S, Juraschitz M, Schaller M, Blagojevic M, Morschhäuser J, Figge MT, Jacobsen ID, Naglik JR, Kasper L, Mogavero S, Hube B (2018) *Candida albicans*-induced epithelial damage mediates translocation through intestinal barriers. *mBio* 9(3), e00915-18. *equal contribution.
2. Beyer R, Jandric Z, Zutz C, Gregori C, Willinger B, Jacobsen ID, Kovarik P, Strauss J, Schüller C (2018) Competition of *Candida glabrata* against *Lactobacillus* is Hog1 dependent. *Cell Microbiol*, e12943.
3. Desai PR, Lengeler K, Kapitan M, Janßen SM, Alepuz P, Jacobsen ID, Ernst JF (2018) The 5' untranslated region of the EFG1 transcript promotes its translation to regulate hyphal morphogenesis in *Candida albicans*. *mSphere* 3(4), pii: e00280-18.
4. Eberl C, Speth C, Jacobsen ID, Hermann M, Hagleitner M, Deshmukh H, Ammann CG, Lass-Flörl C, Rambach G (2018) *Candida*: platelet interaction and platelet activity *in vitro*. *J Innate Immun*, doi: 10.1159/000491030.
5. Schaarschmidt B, Vlaic S, Medyukhina A, Neugebauer S, Nietzsche S, Gonnert FA, Rödel J, Singer M, Kiehntopf M, Figge MT, Jacobsen ID, Bauer M, Press AT (2018) Molecular signatures of liver dysfunction are distinct in fungal and bacterial infections in mice. *Theranostics* 8(14), 3766-3780.
6. Cunha C, Gonçalves SM, Duarte-Oliveira C, Leite L, Lagrou K, Marques A, Lupiáñez CB, Mesquita I, Gaifem J, Barbosa AM, Pinho Vaz C, Branca R, Campilho F, Freitas F, Ligeiro D, Lass-Flörl C, Löffler J, Jurado M, Saraiva M, Kurzai O, Rodrigues F, Castro AG, Silvestre R, Sainz J, Maertens JA, Torrado E, Jacobsen ID, Lacerda JF, Campos A, Carvalho A (2017) IL-10 overexpression predisposes to invasive aspergillosis by suppressing antifungal immunity. *J Allergy Clin Immunol* 140(3), 867-870.e9.
7. Polke M, Jacobsen I (2017) A Flow-assay for farnesol removal from adherent *Candida albicans* cultures. *Bio-protocol* 7(19), e2562.
8. Polke M, Sprenger M, Scherlach K, Albán-Proaño MC, Martin R, Hertweck C, Hube B, Jacobsen ID (2017) A functional link between hyphal maintenance and quorum sensing in *Candida albicans*. *Mol Microbiol* 103(4), 595-617.
9. Schulze B, Rambach G, Schwartze VU, Voigt K, Schubert K, Speth C, Jacobsen ID (2017) Ketoacidosis alone does not predispose to mucormycosis by *Lichtheimia* in a murine pulmonary infection model. *Virulence* 8(8), 1657-1667.

10. Geib E, Gressler M, Viediernikova I, Hillmann F, Jacobsen ID, Nietzsche S, Hertweck C, Brock M (2016) A non-canonical melanin biosynthesis pathway protects *Aspergillus terreus* conidia from environmental stress. *Cell Chem Biol* 23(5), 587-597.
11. Hebecker B, Vlaic S, Conrad T, Bauer M, Brunke S, Kapitan M, Linde J, Hube B, Jacobsen ID (2016) Dual-species transcriptional profiling during systemic candidiasis reveals organ-specific host-pathogen interactions. *Sci Rep* 6, 36055.

Reviews, contributions to monographs, book chapters, editorials 2016-2018

12. Kapitan M, Niemiec MJ, Steimle A, Frick JS, Jacobsen ID (2018) Fungi as part of the microbiota and interactions with intestinal bacteria. *Curr Top Microbiol Immunol*, doi: 10.1007/82_2018_117.
13. Jacobsen ID, Hube B (2017) *Candida albicans* morphology: still in focus. *Expert Rev Anti Infect Ther* 15(4), 327-330.
14. Niemiec MJ, Kapitan M, Polke M, Jacobsen ID (2017) Commensal to pathogen transition of *Candida albicans*. In: Elsevier (ed.) Reference Module in Life Sciences 2017 Elsevier. ISBN: 9780128096338.
15. Polke M, Leonhardt I, Kurzai O, Jacobsen ID (2017) Farnesol signalling in *Candida albicans* - more than just communication. *Crit Rev Microbiol* 44(2), 230-243.

Major third-party funding

EU: MARIE SKŁODOWSKA-CURIE ACTIONS Innovative Training Network (ITN) FunHoMic (2019-2023): Impact of microbiota diversity and *Candida* colonization on systemic candidiasis

BMBF: Center for Sepsis Control & Care, CSCC 2.0 (2018-2020): Applying an organ-on-chip model to elucidate principles of microbiome-host interactions

DFG: SFB/TR 124 FungiNet Pathogenic fungi and their human host (2013-2021): Networks of interaction; Project C5: Influence of gut microbiota on *Candida albicans* colonisation, host immune response and candidiasis

BMBF: InfectControl 2020, project „Management von Pilzinfektionen bei zunehmender Azolresistenz (FINAR; 2015-2018); in collaboration with O. Kurzai

BMBF: Center for Sepsis Control & Care, CSCC 2.0 (2015-2018): CanBac – Interaction of *C. albicans* with bacteria

BMBF: Forschungscampus InfectoGnostics: Innovative Diagnostik für Pneumonien bei Immunsuppression (2015-2020) – Teilvorhaben: Tiermodell opportunistische Erreger bei Pneumonien

Chair of Synthetic Biotechnology

Prof. Miriam Agler-Rosenbaum



General research focus

The research of the HKI Bio Pilot Plant is focused on the development, optimization and scale-up of biotechnological processes (<https://www.leibniz-hki.de/en/bio-pilot-plant.html>).

With the change in leadership of the Bio Pilot Plant to Miriam Rosenbaum as Chair and Lars Regestein as Deputy Chair at the end of 2017, 2018 was a year full of changes and developments for the Bio Pilot Plant. With the promotion to a full HKI department, new visibility was created. In 2018, the HKI massively invested in remodeling the department's laboratory infrastructure, which is still ongoing and is complemented by investment in research equipment to expand the scientific activities. With the opening of the remodeled laboratory, new research activities have started to establish new scientific areas at the Bio Pilot Plant.



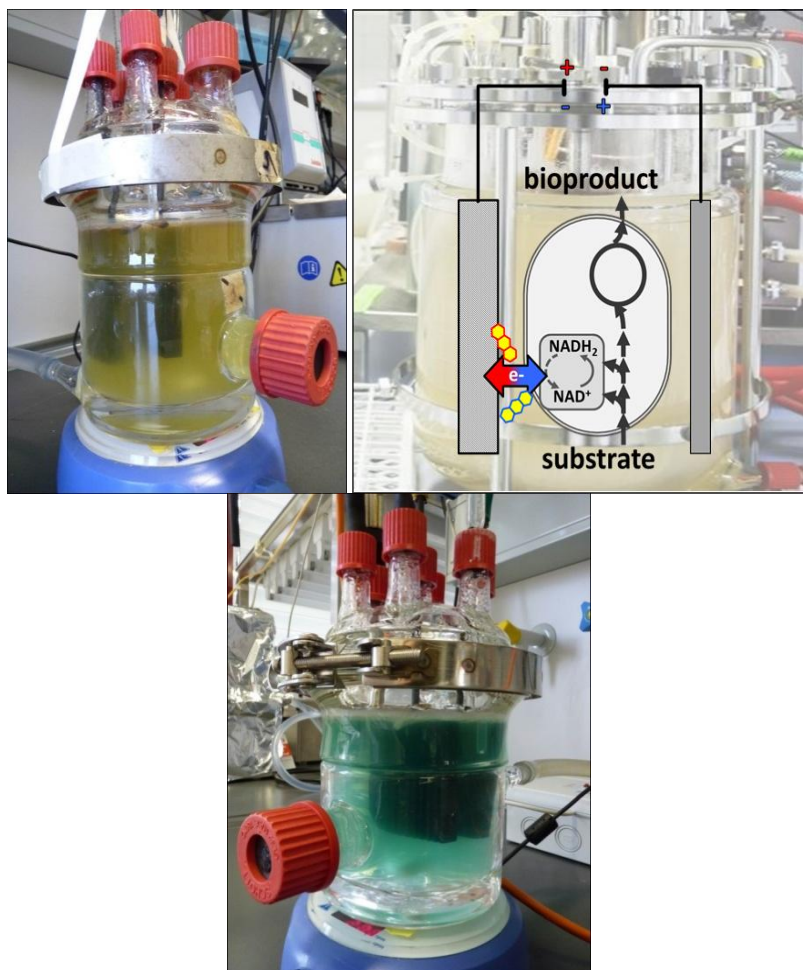
Research topics

Microbial bioelectrochemistry and defined co-cultures

A major research focus of the Chair Miriam Rosenbaum are biotechnological processes, which are coupled to electrochemistry to steer and improve the microbial reaction. To accomplish the biotechnological utilization, we work on the investigation, understanding and manipulation of microorganisms, which are in electrochemical interaction with electrodes and of inter-microbial relationships in these environments. While the overall goals of our efforts are the development and advancement of new biotechnological applications, we seek to uncover the bioelectrochemical and physiological principles of the microbial systems we use. Thereby, activities go into two directions: i) we investigate and utilize redox-active secreted natural products as electronic link between the microbial metabolism and an electrode to develop new biotechnological reaction routes; and ii) we investigate, engineer and utilize of CO₂-fixing bacteria for new bioelectrochemical productions.

Beyond this, we are expanding on preliminary work to establish controlled biotechnological processes with defined microbial co-cultures. This is a very hot area in microbial biotechnology, which will not only provide biotechnological access to complex substrates but also will benefit from microbial share of work and ecological stimulation of product synthesis.

For these completely new research directions of the Bio Pilot Plant, the laboratories were equipped with extensive electrochemical instrumentation and an anaerobic working chamber to enable the handling and manipulation of obligate anaerobic bacteria. We also updated and extended our instrumentation for efficient molecular biology work.



Production of colorful phenazines by *P. aeruginosa* in a bioelectrochemical system and concept for electrochemical bioprocesses.

Bioprocess Development

The Bio Pilot Plant continues to be the hub for microbial cultivation, production of natural products and the development of new bioprocesses for researchers at the HKI and in Jena. Since November 2017 the process development is run by the Deputy Chair of the Bio Pilot Plant, Lars Regestein. His major research interest is focusing on pressure fermentation and the development and evaluation of new online measurement techniques for biochemical processes. For this reason, we successfully applied for a pressure reactor cascade at the TAB (Thüringer Aufbaubank), which is currently under acquisition. With this new process technology we aim for highly increased product titers and space-time-yields for any rare but interesting substance generated by the microbial systems, which are under investigation at the HKI and its partners. With respect to online measurement techniques we increased our capabilities especially in small scale cultivation and screening systems. We have two microtiter plate screening systems (BioLector®) for aerobic and anaerobic screening based on scattered light, pH, dissolved oxygen and selected fluorescence signals. For large scale processes up to 4.3 m³ a new off gas analysis is now available not only for monitoring oxygen consumption and CO₂ formation of all processes, but also to calculate carbon balances. Moreover, viscous microbial systems (e.g. due to mycelia, viscous product formation or cellulose fermentation) currently represent one area of particular interest. Therefore, we have purchased a highly precise rheometer to investigate the non-Newtonian fluid behavior of different biological systems.



The Bio Pilot Plant is a research facility to investigate and develop new bioprocesses from substrate to pure (natural) products. In contrast to many academic pilot plants, we have an experienced permanent team of technicians, engineers and natural scientists for professional process development.



With our stirred tank reactors in pilot and technical scale, scale up can be performed up to 4.3 m³.

m³



Our droplet-based microfluidic platform enables incubation, screening and separation with ultrahigh-throughput.



Beside two BioLector® systems for aerobic and anaerobic screening in microtiter plates, more than 20 lab scale reactor systems are available to develop and investigate processes in batch, fed-batch and continuous cultivations.

pL



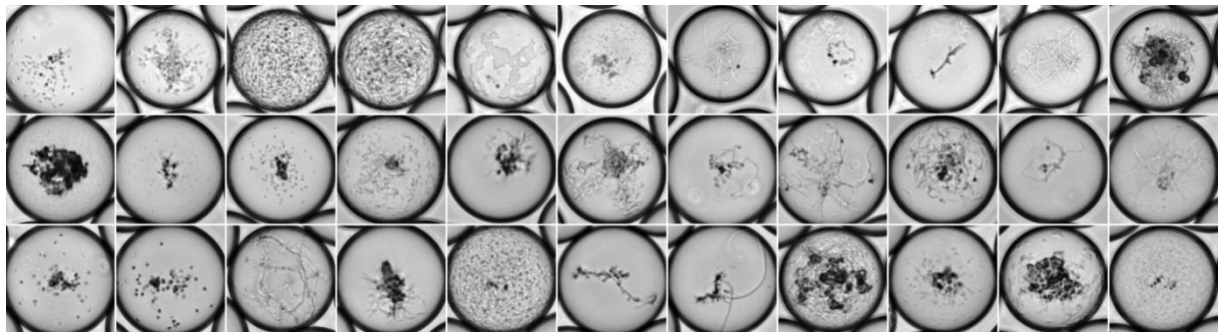
The Bio Pilot Plant aims for developing overall processes from substrate to pure product. Therefore, several downstream techniques are available to handle liquid streams also in m³-scale, ATEX conditions are possible if necessary.

Droplet-based microfluidics

We continued in developing our powerful, quantitative and miniaturized platform for microbiological research with droplet microfluidics.

Our major aim is to contribute to the challenge of refilling of the antibiotic pipeline with novel chemical scaffolds by using this platform. The vast diversity of naturally occurring bacterial species can be harnessed by parallelized cultivation in pL droplets with an integrated screening for antibiotic substances. Due to encapsulation of single cells in pL droplets, as an inherent advantage of the microfluidic platform, a broader set of microbes which are different to the set obtained on plates can be cultivated in droplets.

To expand into further microbiological applications, we integrated more functionalities in the microfluidic platform. Besides applying the established in-droplet cultivation to various natural samples (soil and water) the incubation strategy was further extended to pH control. We further developed a new encoding method that tracks individual conditions inside large droplet populations ($>10^5$). This expands the versatility of experimental conditions and samples that could be studied in droplet microfluidics. The encoding approach is based on the encapsulation of a defined mixture of colored beads together with biological samples in pL-droplets. For the decoding and detection of droplet content we developed an automated image-analysis-based method. We used this approach for analysis of bacterial susceptibility to antibiotics under 20 different experimental conditions simultaneously. Further technological advancements comprise a multi-wavelength detection system, capable of simultaneously detecting four different fluorescence colors using a single detector. This enables multi-parametric measurements in various microbiological and bioanalytical studies, e. g. co-cultivation, and multivariable cytometry. Optical elements have been replaced with optical fibers, which makes the overall microfluidic detection system simple, flexible, low-cost and compact. Additional developments include an automatic valve-switching system for controlling absolute numbers of droplets, a method for easier production of complex chip architectures, capable of fiber integration or pseudo-3D structures, and electronic improvements.



Species diversity observed in picolitre droplets. A microbial community derived from soil was encapsulated in 9 million droplets and incubated for a month under continuous and enhanced oxygen supply. The resulting species diversity of the grown cells was determined by sequencing the 16S rRNA gene.

Selected publications

16. Arp J, Götze S, Mukherji R, Mattern DJ, Garcia-Altare M, Klapper M, Brock DA, Brakhage AA, Strassmann JE, Queller DC, Bardl B, Willing K, Peschel G, Stallforth P (2018) Synergistic activity of co-secreted natural products from amoebae-associated bacteria Proc Natl Acad Sci USA 115, 3758-3763.
17. Benndorf R, Guo H, Sommerwerk E, Weigel C, Garcia-Altare M, Martin K, Hu H, Kuefner M, de Beer ZW, Poulsen M, Beemelmans C (2018) Natural products from Actinobacteria associated with fungus-growing termites. Antibiotics 7(3), pii: E83.
18. Mahler L, Wink K, Beulig RJ, Scherlach K, Tovar M, Zang E, Martin K, Hertweck C, Belder D, Roth M (2018) Detection of antibiotics synthesized in microfluidic picoliter-droplets by various actinobacteria Sci Rep 8(1), 13087.
19. Regestein L, Klement T, Grande P, Kreyenschulte D, Heyman B, Maßmann T, Eggert A, Sengpiel R, Wang Y, Wierckx N, Blank LM, Spiess A, Leitner W, Bolm C, Wessling M, Jupke A, Rosenbaum M, Büchs J (2018) From beech wood to itaconic acid: case study on biorefinery process integration. Biotechnol Biofuels 11, 279.
20. Schmitz S, Rosenbaum M (2018) Boosting mediated electron transfer in bioelectrochemical systems with tailored defined microbial cocultures. Biotech Bioeng 115(9), 2183-2193.
21. Svensson CM, Shvydkiv O, Dietrich S, Mahler L, Weber T, Choudhary M, Tovar M, Figge MT, Roth M. (2018) Coding of experimental conditions in microfluidic droplet assays using colored beads and machine learning supported image analysis. Small. Volume 15, Issue 4.

Major third party funding

Collaborative project – “Microfluidic platform technology for ultra-high-throughput screening of novel antimicrobial compounds from microorganisms - DropCode”, funded by the Free State of Thuringia.

Fiber based analysis of microorganisms in picoliter droplets, funded by Life Science Foundation and Leibniz Foundation.

Development and optimization of fermentation and downstream processes for the production of polyhydroxyalkanoates for medical applications, funded by Tepha Medical Devices, USA.

Innovative microbial sources for new anti-infectives, funded by German Center for Infection Research (DZIF).

Friedrich-Schiller-Universität Jena
Institut für Mikrobiologie
Lehrstuhl für Mikrobielle Kommunikation
Neugasse 25
07743 Jena
Tel.: +49-3641-949290
Fax: +49-3641-949292
erika.kothe@uni-jena.de
www.mikrobiologie.uni-jena.de