

Bachelor-Studiengang „Biologie“

Nach 26-jähriger Unterbrechung wurde im Oktober 1994 an der Technischen Universität Dresden die Ausbildung im Diplomstudiengang **Biologie** wieder aufgenommen. Im Zuge der Bologna-Beschlüsse wurde dieser 2007 auf den konsekutiven Bachelor-/Masterstudiengang Biologie umgestellt.

Der Bachelor-Studiengang Biologie bereitet vorzugsweise auf Tätigkeiten in anwendungsbezogenen Berufsfeldern vor. Ziel der Ausbildung ist die Beherrschung wesentlicher für die Berufspraxis notwendiger Fachkenntnisse und Methoden und die selbstständige Übertragung auf neue Problemkreise sowie das Verstehen fachübergreifender Zusammenhänge.

Der Abschluss des Studiums mit dem Hochschulgrad „Bachelor of Science“ (B. Sc.) bildet die Grundlage zur Fortsetzung des Studiums mit dem 4semestrigen Master-Studiengang Biologie an der TU Dresden bzw. in anderen biologisch orientierten konsekutiven oder nicht konsekutiven Studiengängen. Es besteht aber auch die Möglichkeit, direkt nach dem Bachelorabschluss qualifiziert in das Berufsleben einzusteigen.

Studieninhalt – Studienverlauf

Die Regelstudienzeit beträgt einschließlich der Bachelorarbeit 6 Semester. Das Studium ist modular aufgebaut. Es umfasst 25 Pflichtmodule und 2 Wahlpflichtmodule, die den Studierenden eine Schwerpunktsetzung in den letzten beiden Semestern ermöglichen. In der nebenstehenden Tabelle sind die Fachgebiete (Module) sowie deren Umfang und Aufteilung auf die einzelnen Semester aufgeführt.

In den **Vorlesungen** erfolgt die Einführung in die Stoffgebiete der Module, **Übungen** und **Seminare** dienen der eigenständigen Wissensaneignung und damit Ergänzung des Vorlesungsstoffes. **Praktika** dienen der Anwendung des vermittelten Lehrstoffes sowie dem Erwerb von praktischen Fertigkeiten in potenziellen Berufsfeldern. Dem Praktikum kommt im Studium ein hoher Stellenwert zu, der Anteil beträgt ca. 50 %. Die Studierenden werden mit allen wichtigen Arbeitstechniken bis hin zur Lösung von wissenschaftlichen Fragestellungen vertraut gemacht. Ergänzend werden **Exkursionen** zur Veranschaulichung von Ablaufprozessen in Biologie-relevanten Einrichtungen durchgeführt sowie in **Arbeitsgemeinschaften** komplexe Aufgaben im Team gelöst. Im 4. bis 6. Semester ist ein vierwöchiges Betriebspraktikum durchzuführen. Ein Vertiefungsmodul und die Bachelorarbeit schließen das Studium im 6. Semester ab. Nach erfolgreichem Studium wird der akademische Grad **„Bachelor of Science“** vergeben.

Leistungspunkte (Credits)

In der Regel werden pro Studienjahr 60 Leistungspunkte vergeben. Ein Leistungspunkt entspricht einer Arbeitsbelastung von 30 Stunden. Die Vergabe erfolgt grundsätzlich modulweise und nur dann, wenn die Modulprüfung bestanden wurde. Durch die nach Art und Umfang in den Modulbeschreibungen bezeichneten Lehrveranstaltungen sowie Studien- und Prüfungsleistungen als auch durch Selbststudium können inklusive Abschlussarbeit und Kolloquium insgesamt 180 Leistungspunkte vergeben werden.

Studienablaufplan Bachelor „Biologie“

	1. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	2. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	3. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	4. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	5. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	6. Sem. V/S/Ü/P (SWS)	LP
Pflichtmodule							
Botanik 1	2/0/2/0	2/0/2/0					10
Pflanzenphysiologie		2/0/0/0	0/0/0/2				5
Zoologie	2/0/0/0	1/0/3/0					8
Zellbiologie und Tierphysiologie		2/0/0/0	3/0/3/0				11
Mikrobiologie 1			4/0/0/4				10
Genetik	2/0/0/0	2/0/0/0					6
Chemie	4/0/0/4						10
Biochemie 1		2/0/0/0	2/0/0/4				10
Mathematik/Biostatistik	2/1/0/0	2/1/0/0					8
Informatik			2/0/1/0				3
Physik	2/0/0/0	0/0/0/2					5
Englisch	0/0/2/0	0/0/2/0					4
Grundlagen der Gentechnologie			2/0/0/0	0/0/0/4			7
Botanik 2				4/0/0/0			6
Umwelt				2/0/0/0	2/0/0/0		9
Bioethik/Biorechtliche Aspekte				3/0/0/0			5
Methoden d. Gentechnologie u. Biochemie				3/0/0/0			5
Systematik u. Taxonomie				0/0/0/4			4
Zellbiologie					2/0/0/0		3
Biophysik					2/0/0/0		3
Mikrobiologie 2					2/0/0/0		3
Wahlpflichtbereich				x	x	x	10
Betriebspraktikum (4 Wochen)					x		6
Vertiefungsmodul						0/2/0/9	10
Bachelorarbeit/ Seminar/Kolloquium						x	13
Summe LP							180

V Vorlesung
S Seminar
Ü Übung
P Praktikum

LP Leistungspunkte
SWS Semesterwochenstunden

Aus folgenden **Wahlpflichtmodulen** müssen zwei ausgewählt werden. Diese werden im 5. Studiensemester angeboten.

Parasitologie
Immunologie
Naturschutz
Vorlesung Wirbeltieranatomie und -evolution

Aus folgenden **Wahlpflichtmodulen** müssen zwei ausgewählt werden. Diese werden im 5. und 6. Studiensemester angeboten.

- Hydrobiologische Techniken
- Molekularbiologie der Pflanzen
- Pflanzliche Zellkultur und Transformationstechniken
- Mikrobiologische Methoden
- Molekulare Zellbiologie
- Zellkulturtechniken
- Wirbeltieranatomie und -evolution
- Gentechnische Methoden
- Biochemie II
- Zell- und Molekularbiologie von Naturstoffen
- Zell- und Entwicklungsbiologie
- Molekulare Zellphysiologie
- Mikrobentaxonomie

Berufsfelder

Einsatzfelder für Absolventen des Studienganges Biologie umfassen vorzugsweise anwendungsorientierte Tätigkeiten in den folgenden Bereichen:

- Umweltbiologie (Arbeit in staatlichen, kommunalen und privaten Untersuchungsanstalten sowie in Behörden oder im industriellen Umweltschutz)
- Landwirtschaft (u. a. Pflanzenzucht, Phytopathologie)
- Forschungseinrichtungen
- Pharmazeutische Industrie
- Chemische Industrie
- Lebensmittelindustrie
- Biotechnologie
- Umweltschutz und -analytik
- Medizin
- Hygiene
- Wasserwesen
- Fachjournalismus
- Mess- und Labortechnik

Bachelor-Studiengang „Molekulare Biotechnologie“

Seit dem Wintersemester 2000/01 gibt es an der Fachrichtung Biologie den Studiengang: „Molekulare Biotechnologie“ mit dem Abschluss **“Bachelor of Science“**.

Ziel dieses Studiums ist die Vermittlung wesentlicher für die Berufspraxis notwendiger Fachkenntnisse und wissenschaftlicher Methoden sowie das Aufzeigen fachübergreifender Zusammenhänge.

Studieninhalt – Studienverlauf

Der sechs Semester umfassende Bachelor-Studiengang ist modular aufgebaut. Die Modulprüfungen werden studienbegleitend erbracht. Insgesamt sind 25 Pflichtmodule, ein Wahlpflichtmodul und die Bachelorarbeit abzuleisten. Das Wahlpflichtmodul kann aus einer Gesamtzahl von 6 Wahlpflichtmodulen gewählt werden. Dieses, zusammen mit dem Vertiefungsmodul, ermöglicht den Studenten eine selbst gewählte Kompetenzerweiterung oder eine Vertiefung. In den ersten drei Semestern erfolgt eine solide „Grundlagenausbildung“. Im vierten bis sechsten Semester werden vor allem die biologischen und biotechnologischen Themen vertieft. Außer naturwissenschaftlichen Inhalten werden den Studenten auch grundlegende Kenntnisse in anderen Biotechnologie-relevanten Bereichen vermittelt, wofür die Module Englisch, Bioethik/Biorechtliche Aspekte und Grundlagen der Bioverfahrenstechnik stehen. Dem Praktikum kommt im Studium ein hoher Stellenwert zu, der Anteil beträgt ca. 50 %. Die Studierenden werden mit allen wichtigen Arbeitstechniken bis hin zur Lösung von wissenschaftlichen Fragestellungen vertraut gemacht. Im **Vertiefungsmodul** absolviert der Student ein vierwöchiges Praktikum in einer Arbeitsgruppe seiner Wahl, was den Einstieg in eine eigenständige Laborarbeit darstellt. Das vierwöchige **Betriebspraktikum** vermittelt den Studenten einen Einblick in den vorhandenen Arbeitsmarkt. Den Abschluss des Studiums bildet die zwölfwöchige **Bachelorarbeit**, die im 6. Semester ansteht. Hier werden den Studenten Grundzüge der Forschungsarbeit nahe gebracht. Die Fakultät Mathematik und Naturwissenschaften verleiht nach bestandener Bachelorprüfung den Grad **„Bachelor of Science“**.

Leistungspunkte (Credits)

In der Regel werden pro Studienjahr 60 Leistungspunkte vergeben. Ein Leistungspunkt entspricht einer Arbeitsbelastung von 30 Stunden. Die Vergabe erfolgt grundsätzlich modulweise und nur dann, wenn die Modulprüfung bestanden wurde. Durch die nach Art und Umfang in den Modulbeschreibungen bezeichneten Lehrveranstaltungen sowie Studien- und Prüfungsleistungen als auch durch Selbststudium können inklusive Abschlussarbeit und Kolloquium insgesamt 180 Leistungspunkte vergeben werden.

Berufsfelder

Zu den Einsatzgebieten der Absolventen des Bachelor-Studienganges Molekulare Biotechnologie gehören u. a. Biotechnologieunternehmen, Öffentlicher Dienst, Pharmaunternehmen, Forschungseinrichtungen.

Studienablaufplan Bachelor „Molekulare Biotechnologie“

	1. Sem. V/S/Ü/P	2. Sem. V/S/Ü/P	3. Sem. V/S/Ü/P	4. Sem. V/S/Ü/P	5. Sem. V/S/Ü/P	6. Sem. V/S/Ü/P	LP
Pflichtmodule							
Botanik	2/0/2/0	2/0/2/0					10
Pflanzenphysiologie		2/0/0/0	0/0/0/2				5
Zoologie	2/0/0/0	1/0/3/0					8
Zellbiologie und -physiologie		2/0/0/0	3/0/3/0				11
Mikrobiologie 1			4/0/0/4				10
Genetik	2/0/0/0	2/0/0/0					6
Chemie	4/0/0/4						10
Biochemie I		2/0/0/0	2/0/0/4				10
Mathematik/Biostatistik	2/1/0/0	2/1/0/0					8
Informatik			2/0/1/0				3
Physik	2/0/0/0	0/0/2/0					5
Englisch	0/2/0/0	0/2/0/0					4
Grundlagen der Gentechnologie			2/0/0/0	0/0/0/4			7
Bioinformatik				1/1/2/0	2/0/2/0		8
Grundlagen der mikrobiellen Bio- technologie				2/0/0/4			7
Molekularbiologie der Pflanzen				2/0/0/0			3
Genomik/Proteomik						2/0/0/0	3
Bioethik/-recht						3/0/0/0	5
Methoden der Gentechnologie und Biochemie				3/0/0/0			5
Spezielle Biochemie					0/0/0/4	2/0/0/0	7
Zellkulturtechniken mit Eukaryo- ten					1/1/0/4		6
Biophysik					2/0/0/0		3
Grundlagen der Bioverfahrens- technik						3/0/1/0	5
Betriebspraktikum (4 Wochen)					0/1/0/8		6
Vertiefungsmodul					0/1/0/7		8
Wissenschaftliche Abschlussar- beit/Kolloquium						x	13
Wahlpflichtbereich				x			5
Summe LP	30	30	32	28	31	29	180

Studienablaufplan Bachelor „Molekulare Biotechnologie“

Wahlpflichtmodul (mind. 1 Modul)							
Zell- und Molekularbiologie von Naturstoffen				0/2/0/2			5
Praktikum Genomik/Proteomik				0/1/0/3			5
Chemie der Ernährung					2/0/0/2		5
Histologie tierischer Gewebe					0/1/0/4		5
Praktikum Molekularbiologie der Pflanzen				0/1/0/4			5
Bioanalytik				0/1/0/4			5
Enzymatische Bioproduktion				0/1/4/0			5

V	Vorlesung	Ü	Übung
S	Seminar/Übung	LP	Leistungspunkte
P	Praktikum	SWS	Semesterwochenstunden

Master-Studiengang „Biologie“

Der Master-Studiengang komplettiert das Studienangebot der Fachrichtung Biologie.

Der vier Semester umfassende Master-Studiengang ist modular aufgebaut. Die Modulprüfungen werden studienbegleitend erbracht. Das Lehrangebot ist in vier Schwerpunkte und einen Optionsbereich gegliedert. Die Schwerpunkte sind: „**Biodiversität und Evolution**“, „**Genetik**“, „**Mikrobiologie**“ sowie „**Zellbiologie und molekulare Zellphysiologie**“. Der Studierende muss drei der vier Schwerpunkte belegen. Hinzu kommt ein flexibler Optionsbereich, bei dem der Studierende aus den Modulen der Schwerpunkte oder aus externen Angeboten wählen kann. Der Optionsbereich beinhaltet verpflichtend eine allgemeine Qualifikation (Aqua), für die geeignete Angebote der TU Dresden zur Verfügung stehen.

Im Forschungspraktikum absolviert der Student ein vierwöchiges Laborpraktikum in einer Arbeitsgruppe seiner Wahl, was den Einstieg in eine eigenständige Forschungsarbeit darstellt. Den Abschluss des Studiums bildet die 24-wöchige Master-Arbeit, die im 4. Semester ansteht. Anhand eines spezifischen Themas sammelt der Student Forschungserfahrung.

Schwerpunkte und Module	LP	
Schwerpunkt Biodiversität und Evolution	21-23	
Phylogenie und Evolution ¹	6	Pflichtm.
Mikroorganismen/Pflanzen Interaktionen ¹	5	Pflichtm.
Biogeographie ^{1,3}	6	Wahl-
Phylogenie und Evolution der Angiospermen ⁴	10	pflichtm.
Biologie und Ökologie der Moose ^{2,3}	5	
Vegetationskunde Pflanzensoziologie ^{2,3}	5	
Ausbreitungsbiologie: Früchte und Samen ^{2,3}	5	
Rasterelektronenmikroskopie ^{2,3}	5	
Phyloinformatik ^{2,3}	5	
Phytopathologie ^{2,3}	5	
Blütenbiologie ^{2,3}	5	
Exkursion Botanik ³	6	
Exkursion Zoologie ³	6	
Schwerpunkt Genetik	20	.
Gene und Genome ¹	10	Pflichtm.
Pflanzliche Genomik ^{2,3}	5	Wahl-
Interaktion Bakterien/Pflanzen ^{2,3}	5	pflichtm.
Molekularbiologie der Mitochondrien ^{2,3}	5	
Automatische DNA-Sequenzierung ^{2,3}	5	
Molekulare Chromosomenanalyse ^{2,3}	5	
Heterologe Genexpression ^{2,3}	5	
Analyse von Protein-Wechselwirkungen ^{2,3}	5	
Praktikum Medizinische Genetik ^{2,3}	5	
Molekulare Entwicklungsbiologie der Invertebraten ^{2,3}	5	
Molekulare Entwicklungsbiologie der Vertebraten ^{2,3}	5	
Molekulare Cytogenetik ^{2,3}	5	

Schwerpunkte und Module	LP	
Schwerpunkt Mikrobiologie	21	
Mikrobielle Systeme ¹	6	Pflichtm.
Mikrobielle Leistungen ^{1,5}	5	Wahl- pflichtm
Mikrobiologie anaerober Systeme ^{1,5}	5	
Mikrobielle Enzyme in Biotechnologie und Biokatalyse ^{1,5}	5	
Lebensmittelmikrobiologie ^{2,3}	5	Wahl- pflichtm
Sekundärstoffwechsel ^{2,3}	5	
Molekulare Physiologie der Mikroorganismen ^{2,3}	5	
Mikrobielle Biotechnologie ^{2,3}	5	
Physiologie anaerober Mikroorganismen ^{2,3}	5	
Enzymatische Bioproduktion ^{2,3}	5	
Taxonomie der Pilze ^{2,3}		
Praktische Grundlagen der molekularen Virologie ^{2,3}		
Schwerpunkt Zellbiologie und molekulare Physiologie	22-23	
Physiologie ^{1,3}	7	Wahl- Pflichtm.
Zelluläre Interaktion ^{1,3}	6	
Entwicklungsbiologie ^{1,3}	6	
Reproduktionsbiologie ^{2,3}	5	Wahl- pflichtm.
Pflanzliche Entwicklung ^{2,3}	5	
Wirkung von Naturstoffen ^{2,3}	5	
Wirkung hormoneller Substanzen ^{2,3}	5	
Praktikum Entwicklungsbiologie ^{2,3}	5	
Parasit-Wirtsbeziehung ^{2,3}	5	
Parasiten in Geweben ^{2,3}	5	
Zellkommunikation ^{2,3}	5	
Apoptose ^{2,3}	5	
Forschungspraktikum ²	12	Pflichtm.
Masterarbeit	29	Pflichtm.
Kolloquium zur Masterarbeit	1	Pflichtm.
Optionsbereich - Module des Aqua-Katalogs ⁶ - Module des Schwerpunktbereiches, soweit diese nicht schon als Wahlpflichtmodul im Schwerpunkt gewählt worden sind sowie die Module des Ergänzungskatalogs, von denen insgesamt so viele gewählt werden müssen, dass 78 Leistungspunkte im Wahlpflichtbereich erworben worden sind.		Wahl- pflichtm.

LP, Leistungspunkte; ¹Vorlesungsmodul; ²Modul mit Praktikum; ³aus dem jeweiligen Block müssen zwei Module gewählt werden; ⁴dieses Modul kann in diesem Block an Stelle von zwei anderen Modulen gewählt werden; ⁵alternativ; ⁶ein Modul muss gewählt werden

Module der Allgemeinen Qualifikation (Aqua-Katalog)

1. Einführung in die Berufs- und Wissenschaftssprache /EBW 1 und 2
2. Einführung in die Berufs- und Wissenschaftssprache / Fortgeschrittene/ EBW-F 1 und F2
3. Biologisches Zeichnen

Mit Zustimmung des Prüfungsausschusses sind weitere Module wählbar.

Module des Ergänzungskatalogs

1. Theoretische Grundlagen der molekularen Virologie
2. Praktische Grundlagen der molekularen Virologie (im Schwerpunkt Mikrobiologie anrechenbar)
3. Medizinische Genetik
4. Praktikum Medizinische Genetik (im Schwerpunkt Genetik anrechenbar)
5. Proteinreinigung und Enzymkinetik
6. Biokatalyse und Sekundärstoffwechselbiosynthese
7. Forschungspraktikum und Forschungsseminar Biochemie
8. Elektronenmikroskopie genetischer Systeme
9. Medizinische Mikrobiologie
10. Evolution der Insekten
11. Hydrobiologie
12. Genetik und Zellbiologie der Entwicklung
13. Molekulare Entwicklungsbiologie der Invertebraten (im Schwerpunkt Genetik anrechenbar)
14. Molekulare Entwicklungsbiologie der Vertebraten (im Schwerpunkt Genetik anrechenbar)
15. Current topics in stem and developmental biology
16. Elektronenmikroskopie von Zellen und Geweben
17. Immunologie II
18. Rolle von Lipiden für die Entwicklung und den Lebenszyklus des Modellorganismus *C. elegans* (Nematoda)
19. Molekulare Grundlagen der Epigenetik
20. Molekulare Cytogenetik

Mit Zustimmung des Prüfungsausschusses sind weitere Module wählbar.

Studienvoraussetzungen und Bewerbung

Voraussetzung für die Aufnahme des Bachelor-Studiums der Biologie oder Molekularen Biotechnologie ist die allgemeine Hochschulreife (Abitur) oder eine als gleichwertig anerkannte Hochschulzugangsberechtigung.

Besonders geeignet sind Bewerber/Bewerberinnen, die neben guten Grundkenntnissen in den Fächern der Naturwissenschaften und der englischen Sprache auch die Fähigkeit zum experimentellen Arbeiten sowie zur exakten und kritischen Beobachtung haben.

Voraussetzung für die Zulassung zum Master-Studium Biologie ist der Nachweis eines ersten berufsqualifizierenden Abschlusses (Bachelor einer Universität oder vergleichbaren ausländischen Hochschule) in den Studiengängen „Biologie“ oder „Molekulare Biotechnologie“ oder eines anderen durch den Prüfungsausschuss als gleichwertig anerkannten berufsqualifizierenden Hochschulabschlusses im Umfang von mindestens 180 Leistungspunkten nach dem European Credit Transfer System (ECTS).

An der Technischen Universität Dresden ist ein Studienbeginn jeweils zum Wintersemester möglich. Für alle Studiengänge besteht hochschulintern eine Zulassungsbeschränkung. Die Bewerbung erfolgt online. Informationen einschließlich zu beachtender Termine sind im Immatrikulationsamt oder direkt über die Internetseite

<http://tu-dresden.de/imma/bewerbung>
erhältlich.

Ansprechpartner/-innen

Fakultät Mathematik und Naturwissenschaften
Fachrichtung Biologie
www.biologie.tu-dresden.de

Studienfachberatung
Herr Prof. Schmidt
Tel.: 0351/463-39589
E-Mail: thomas.schmidt@tu-dresden.de

Herr Prof. Neinhuis
Tel.: 0351/463-36032
E-Mail: Christoph.Neinhuis@tu-dresden.de

Zentrale Studienberatung
Tel.: 0351/463 36063
E-Mail: studienberatung@tu-dresden.de

Ausländische Studieninteressent/inn/en finden spezifische Informationen unter: www.tu-dresden.de/aaa

E-Mail: auslaenderstudium@mailbox.tu-dresden.de

Vorstellung der Institute

Institute

Professuren

Institute	Professuren	
Botanik	Botanik	Prof. Dr. rer. nat. habil. Ch. Neinhuis Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 36032
	Pflanzenphysiologie	Prof. Dr. phil. nat. habil. J. Ludwig-Müller Zellescher Weg 20b, ☎ 463 36032
	Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen	Prof. Dr. rer. nat. habil. T. Schmidt Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 39588
Zoologie	Molekulare Zellphysiologie und Endokrinologie	Prof. Dr. rer. nat. habil. G. Vollmer Zellescher Weg 20b, ☎ 463 31942
	Zoologie und Entwicklungsbiologie	Prof. Dr. phil. habil. H. O. Gutzeit Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 37536
	Spezielle Zoologie und Parasitologie	Prof. Dr. rer. nat. habil. R. Entzeroth Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 37534
Mikrobiologie	Allgemeine Mikrobiologie	Prof. Dr. rer. nat. habil. G. Barth Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 37595
	Mikrobielle Diversität	Prof. Dr. rer. nat. M. Rother Zellescher Weg 20b, ☎ 463 42611
	Molekulare Biotechnologie	Prof. Dr. rer. nat. Marion Ansorge-Schumacher Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 39519
Genetik	Allgemeine Genetik	Prof. Dr. rer. nat. habil. G. Rödel Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 33010
	Molekulargenetik	Prof. Dr. rer. nat. habil. M. Göttfert Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 33010
	Systembiologie und Genetik	Prof. Dr. rer. nat. habil. C. Dahmann Zellescher Weg 20b, ☎ 0351 463 39537
Zentrale Einrichtungen		
CRTD	Tiermodelle der Regeneration	Prof. Dr. Elly Tanaka Fetscherstr. 105, ☎ 0351 458 82001
ZIK B CUBE	BioNanoWerkzeuge	Prof. Dr. rer. nat. S. Diez Arnoldstr. 18, ☎ 0351 463 43011

Institut für Botanik

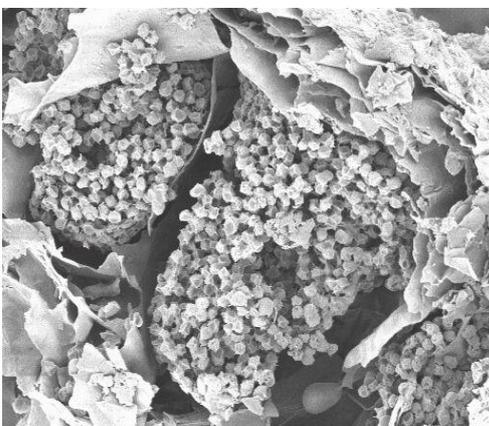
Die Forschungsgebiete am Institut für Botanik umfassen die Systematik und Biomechanik, die Pflanzenphysiologie und Phytopathologie sowie die Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen. In allen Forschungsbereichen kommt neben der grundlagenorientierten Forschung dem angewandten Aspekt eine große Rolle zu.

Die Professur für Botanik ist auch mit der Leitung des Botanischen Gartens verbunden. In ihm werden etwa 9000 Pflanzenarten kultiviert, die eine wichtige Grundlage für die Forschung als auch für die Lehre darstellen. Daneben kommt den Botanischen Gärten eine zunehmende Bedeutung für die Erhaltung der globalen Biodiversität zu. In diesem Zusammenhang engagiert sich der Dresdener Garten in nationalen und internationalen Arbeitskreisen. Außerdem ist der Professur das Sächsische Landesherbar unterstellt, das mit etwa 350.000 Belegen größte Herbarium Sachsens.

Forschungsgebiete

Pflanzenphysiologie

Interaktionen zwischen Pflanzen und Pathogenen und ihrer Umwelt. Eine weltweit verbreitete Wurzelkrankheit bei Kohlpflanzen, die große wirtschaftliche Schäden anrichten kann, wird durch den Parasiten *Plasmodiophora brassicae* hervorgerufen, und es treten nach Befall der Wirtswurzeln tumorartige Veränderungen (Kohlhernie-Gallen) auf. Leider sind die Sporen des Pathogens extrem ausdauernd, d.h. sie sind noch nach 12-15 Jahren infektiös. Daher ist die Krankheitsbekämpfung schwierig. In der Arbeitsgruppe von Prof. Ludwig-Müller wird daran gearbeitet, die Mechanismen, die zu den Krankheitssymptomen führen, zu verstehen. Dabei steht die Funktionsanalyse sowohl pflanzlicher Gene als auch Gene des Krankheitserregers im Mittelpunkt. In diesem Rahmen werden zum Beispiel pflanzliche Gene isoliert, die entweder eine Rolle während der Krankheitsentwicklung spielen, oder für die Toleranz der Pflanzen bzw. die Virulenz des Pathogens verantwortlich sind. Durch weitere Untersuchungen von Mutanten oder transgenen Pflanzen, die interessante Gene in einer „pathogeneseinversen“ Weise exprimieren, sollen tolerante Pflanzen erzeugt werden. Daneben werden zielgerichtete Experimente mit Pflanzenhormonen und sekundären Pflanzenstoffen unternommen, die eine Rolle bei der Bildung der typischen Wurzelgallen spielen. Weitere Arbeiten zur Bekämpfung dieser Krankheit nutzen endophytische Pilze, mit positiven Wirkungen auf die Pflanze, um eine biologische Kontrolle des Pathogens zu ermöglichen.



Chinakohlwurzel infiziert mit *Plasmodiophora brassicae*

Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme einer Wurzel infiziert mit *Plasmodiophora brassicae*

Pflanzenhormone. Die Konzentration pflanzlicher Hormone in der Zelle ist von großer Bedeutung für eine geordnete Entwicklung. Daher ist es wichtig, das hormonelle Gleichgewicht in Pflanzengeweben zu kontrollieren. In diesem Zusammenhang wird zum einen die Biosynthese von zwei verschiedenen Hormonen aus der Gruppe der wachstumsfördernden Auxine untersucht, sowie die Inaktivierung dieser Hormone durch Bindung an Zucker, Aminosäuren und Proteine. Außerdem wird die Evolution von Proteinen angeschaut, die für die Aufrechterhaltung des hormonellen Gleichgewichtes notwendig sind. Schließlich werden Mutanten und transgene Pflanzen dazu eingesetzt, um Effekte von Störungen des Hormongleichgewichtes auf den Phänotyp zu erfassen und die Rolle der Pflanzenhormone unter Stressbedingungen zu verstehen.

Bioaktive pflanzliche Sekundärmetabolite. Pflanzen produzieren eine sehr große Zahl von sekundären Inhaltsstoffen, deren Funktion für die Pflanze man häufig nur sehr unzureichend beschreiben kann. Außerdem besitzen pflanzliche Metabolite oft auch ein großes Anwendungspotenzial in der Pharmazie und Medizin. Daher werden solche Metabolite im Hinblick auf ihre biologische Aktivität untersucht. In unterschiedlichen Ansätzen werden dabei Wurzelkulturen („Hairy Roots“) durch Transformation mit dem Bodenbakterium *Agrobacterium rhizogenes* erzeugt, die entweder eine erhöhte Produktion bioaktiver Metabolite, z.B. Vitamin E, aufweisen, oder in denen die Biosynthese für toxischer Substanzen unterdrückt werden soll. Die Verwendung solcher steriler Pflanzenkulturen bringt viele Vorteile für die Synthese solcher Substanzen mit sich, da die Kulturbedingungen stabil gehalten werden können.



Beispiel einer „Hairy Root“ Kultur erzeugt durch Transformation mit *Agrobacterium rhizogenes*

Biodiversitätsforschung, Biomechanik und funktionelle Morphologie

Die globale Biodiversität ist durch die menschlichen Aktivitäten stark bedroht. Hochrechnungen besagen, dass bis zu 90% der Lebewesen auf der Erde der Wissenschaft unbekannt sind. Diese Vielfalt zu erfassen, zu ordnen und mit Namen zu versehen ist Aufgabe der Systematik und Taxonomie, die sich in den letzten 20 Jahren zu einem dynamischen Forschungszweig der Biologie entwickelt hat. Die Einführung molekulargenetischer Methoden hat das Bild von der Verwandtschaft unter den Organismen sowie ihrer Evolution nachhaltig verändert. Gleichzeitig rückt, im Sinne der Bionik oder Biomimetik, die Nutzung biologischer Modellsysteme für technische Anwendungen zunehmend in den Fokus der Forschung.

Die gegenwärtigen Forschungsprojekte konzentrieren sich auf die Systematik und Phylogenie ursprünglicher Blütenpflanzenfamilien (Piperaceae, Aristolochiaceae), insbesondere der Gattungen *Aristolochia* und *Peperomia* sowie auf Moose. Neben klassischen Methoden der Morphologie und Anatomie, werden in der Arbeitsgruppe Neinhuis DNA Sequenzen der drei Pflanzengenome analysiert und für die Rekonstruktion der Phylogenie herangezogen. Daneben werden Untersuchungen zur Flora und Vegetation in Sachsen, aber auch, im Rahmen von Kooperationsprojekten, in Chile und anderen Teilen Mittel- und Südamerikas durchgeführt. Zukünftige Projekte werden die Arbeiten zur molekularen Evolution mit traditionellen

Methoden wie z.B. Morphologie und Anatomie oder Biomechanik verbinden.

Pflanzen haben sich im Laufe ihrer Evolution an unterschiedliche Umweltbedingungen angepasst und dabei eine erstaunliche Optimierungsarbeit geleistet. Diese ist besonders ausgeprägt bei der Kombination unterschiedlicher Strukturelemente zu multifunktionalen Verbundwerkstoffen. Dazu gehören das Biopolymer Cutin oder Faser-Matrix Verbünde in ihren unterschiedlichen Ausprägungen, die auf ihre mechanischen Eigenschaften und ihr technisches Nutzungspotenzial hin untersucht werden.



Die Gattungen *Aristolochia*, *Saururus*, *Peperomia* und *Piper* gehören zur Ordnung Piperales, die im Rahmen internationaler Kooperationsprojekte hinsichtlich der Systematik, Morphologie, Anatomie und Biomechanik bearbeitet wird.

Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen

Die Arbeitsgruppe der Professur für Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen beschäftigt sich mit der vergleichenden Untersuchung der Organisation und Evolution der Genome und Chromosomen von höheren Pflanzen. Durch moderne Sequenzierungstechnologien steigt die Zahl vollständig sequenzierter Genome fast exponentiell. Um die großen Mengen an Sequenzinformationen auszuwerten und zu annotieren, bedient man sich der Bioinformatik und vergleichenden Genomanalyse (Comparative Genomics). Beide Forschungsfelder nehmen deshalb eine wichtige Stellung in der modernen Pflanzenbiologie ein.

Hauptuntersuchungsobjekt ist die Gattung *Beta* mit ihren vielfältigen Wild- und Kulturformen. Zu dieser Pflanzengattung gehören wichtige landwirtschaftliche Nutzpflanzen wie Zuckerrübe, Mangold oder Rote Bete. Die Zuckerrübe und ihre verwandten Wildarten sind auch die Untersuchungsobjekte von Projekten, die im Rahmen des nationalen Forschungsprogramms PLANT 2030 vom BMBF gefördert werden. Weitere untersuchte Pflanzenarten sind die Kartoffel und verwandte Solanaceen, Jute sowie die Banane.

Im Fokus der vergleichenden Genomanalyse stehen repetitive DNA-Sequenzen, die die Größe pflanzlicher Genome und die Genexpression entscheidend beeinflussen. Insbesondere die Transposons und Retrotransposons, die aufgrund ihrer Mobilität ihre Position und Kopienzahl im Genom verändern können, werden als wichtige Faktoren der pflanzlichen Genomevolution angesehen und sind damit eine bedeutende Ursache der Biodiversität. Diese mobilen DNA-Sequenzen werden in der Arbeitsgruppe strukturell und funktionell untersucht und hinsichtlich ihrer Transkription, Transposition und Evolution analysiert. Mit Methoden der Bioinformatik werden insbesondere Retrotransposons untersucht. So ist eine Klasse (SINEs, Short Interspersed Nuclear Elements) in bisher nicht vermuteten hohen Kopienzahlen in al-

len pflanzlichen Genomen vorhanden. SINEs sind eine Grundlage für Entwicklung robuster molekularer Marker, die bereits z.B. von mittelständischen Kartoffelzüchtungsunternehmen angewendet werden.

Eine für das Forschungsprofil der Arbeitsgruppe entscheidende Technologie ist die hochauflösende Untersuchung pflanzlicher Chromosomen durch die Fluoreszenz-*in situ*-Hybridisierung (FISH). Die Anzahl, Größe und Morphologie der Chromosomen variiert extrem zwischen den Pflanzenarten. Die FISH ist die einzige Technik, mit der die Lage und die Verbreitung jeder untersuchten DNA-Sequenz auf Chromosomen visualisiert (Abb. 1) sowie Einblicke in die Chromosomenstruktur und -evolution gewonnen werden.

Ein Forschungsprojekt, in der die FISH eine entscheidende Rolle spielt, beinhaltet die molekulare Analyse von Centromeren. Centromere gehören aufgrund ihres Heterochromatincharakters zu den komplexesten Genomkomponenten höherer Pflanzen und sind die essenziellen Regionen für die korrekte Weitergabe der Chromosomen an die Tochterzellen. Für die molekulare Analyse von Centromeren werden genomischen BAC (Bacterial Artificial Chromosome)-Bibliotheken genutzt, die auch eine wertvolle Ressource für die Analyse repetitiver Sequenzen der *Beta*-Genome darstellen.

Eine zunehmende Bedeutung in der Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen hat die Epigenetik erlangt. So wird durch Immunostaining mit Antikörpern gegen Kinetochorproteine, Heterochromatin und Histonmodifikationen sowie die Analyse von small RNAs untersucht, wie pflanzliche Chromosomen funktionell strukturiert sind und welche epigenetischen Prozesse den Chromatinstatus beeinflussen.

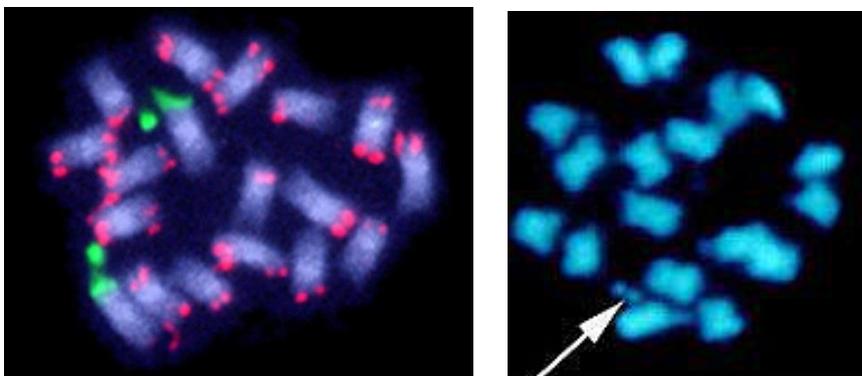


Abb. 1 A: FISH-Analyse von *Beta vulgaris*-Chromosomen in der Metaphase (blau). Rote Fluoreszenzsignale markieren die Telomere, während die ribosomalen Gene durch eine grün fluoreszierende DNA-Probe detektiert werden. B) Eine Metaphase von *Beta vulgaris* einer Chromosomenmutante enthält ein zusätzliches Minichromosom (Pfeil).

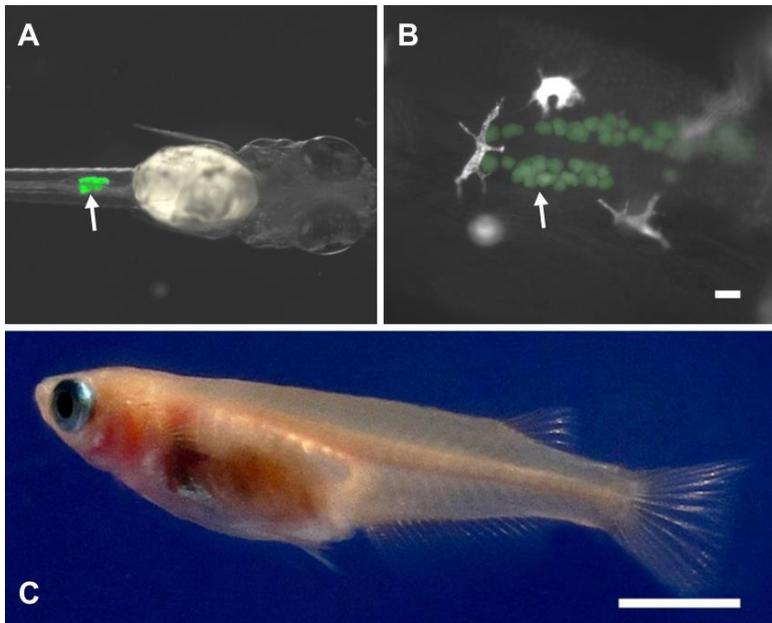
Institut für Zoologie

Die Forschungsschwerpunkte am Institut für Zoologie liegen auf den Gebieten Entwicklungs- und Reproduktionsbiologie, molekulare Zellphysiologie, Endokrinologie und Onkologie, sowie Parasitologie. Mit diesen Projekten wollen wir eine Brücke schlagen zwischen Grundlagenforschung und angewandter Forschung. Durch die angestrebte Praxisnähe soll erreicht werden, dass Studenten, die sich auf das Fach Zoologie spezialisieren, eine anwendungsorientierte und vielseitige Ausbildung auch im Hinblick auf mögliche Berufsfelder erhalten.

Forschungsgebiete

Zell- und Entwicklungsbiologie

In der Arbeitsgruppe der Professur für Zoologie und Entwicklungsbiologie werden grundlegende und anwendungsorientierte Themen der Zellbiologie und der Entwicklungs- und Reproduktionsbiologie bearbeitet. Im Mittelpunkt stehen dabei Fragen der Geschlechtsdifferenzierung von Fischen und der Biologie von Stammzellen in den Gonaden (Hoden und Ovar). In dem untersuchten Modellorganismus, dem Japanischen Reiskärpfling (Medaka, *Oryzias latipes*), werden mit zellbiologischen und genetischen Methoden die biologischen Eigenschaften der Stammzellen erforscht, aus denen sich die Spermien und Eizellen entwickeln.



(A): Markierung von Stammzellen durch ein grün fluoreszierendes Protein (weißer Pfeil) in der undifferenzierten Gonade eines juvenilen Reiskärpflings. **(B):** Vergrößerung der markierten Stammzellen (Maßstab: 20 μm).

(C): In einem adulten Tier eines Zuchtstammes des Medakas mit unpigmentiertem Körper können Organe und beispielsweise das schlagende Herz direkt beobachtet werden (Maßstab: 0,5 cm).

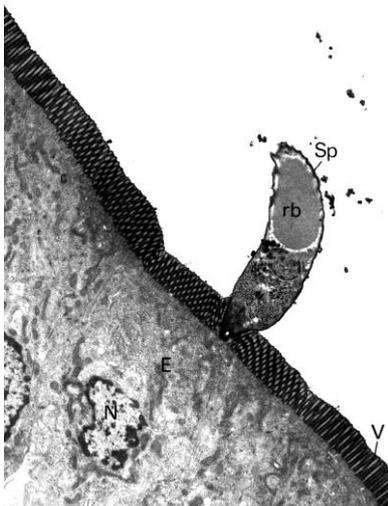
Mit diesem Forschungsprojekt werden grundlegende entwicklungsbiologische Fragestellungen bearbeitet: Welche Signale erhalten die Stammzellen von den benachbarten somatischen Zellen, die zur geschlechtsspezifischen Bildung der Gameten führt? Können die Stammzellen *in vitro* kultiviert werden? Sind die Stammzellen aus den Gonaden in der Lage, außer den Gameten auch andere Körperzellen zu bilden? Die Beantwortung dieser Fragen ist auch von medizinischem Interesse, da Stammzellen, die aus Organen wie dem Testis gewonnen werden ("adulte Stammzellen"), eine hervorragende Quelle für moderne regenerative Therapien sein könnten. Die Erzeugung von Reporterstämmen erleichtert uns die Identifizierung bestimmter Zelltypen in der Gonade und diese sind somit wichtige Werkzeuge für

unser Forschungsprojekt.

In einem zweiten Projekt der Arbeitsgruppe wird die Wirkung von Naturstoffen und kleinen, synthetisch hergestellten organischen Molekülen untersucht. Einige der untersuchten Moleküle sind Bestandteile unserer Nahrung und sind wegen ihrer biologischen Wirkung auch pharmakologisch relevant. Besonderes Interesse gilt spezifischen Inhibitoren für Proteine des Cytoskeletts. Die Cytoskelettelemente Aktin und Tubulin spielen eine wesentliche Rolle bei der Zellteilung und Zellwanderung und vielen anderen wichtigen zellulären Funktionen. Inhibitoren dieser Funktionen sind daher von großem medizinischem Interesse: Tubulin-Inhibitoren können als Cytostatika in der Krebstherapie eingesetzt werden und Inhibitoren von Aktin und dem assoziierten Motorprotein Myosin können die Wanderung von Tumorzellen und somit die Bildung von Metastasen unterbinden. Die Arbeitsgruppe befasst sich in Zusammenarbeit mit Kollegen aus anderen Fachgebieten mit der Identifizierung und Optimierung von solchen Inhibitoren. Die oben bereits genannten Reporterstämme eignen sich in diesem Projekt auch für die gezielte Testung von Substanzen auf einen ganz bestimmten Zelltyp.

Spezielle Zoologie und Parasitologie

In der Arbeitsgruppe *Spezielle Zoologie* (Protozoologie/Parasitologie) werden die Wechselbeziehungen zwischen Wirtszellen und intrazellulären Parasiten in Zellkulturen untersucht. Nach dem Eindringen in eine Wirtszelle entwickeln sich *Toxoplasma* (Erreger der Toxoplasmose bei Tier und Mensch) und *Eimeria sp.* (Erreger der Coccidiose bei Hühnern) in einer "parasitophoren Vakuole", die vom Parasiten "gesteuert" wird. Mithilfe selbst entwickelter monoklonaler Antikörper gegen Parasitenproteine werden Transportvorgänge zwischen Parasit und Wirtszelle mit licht- und elektronenmikroskopischen Methoden untersucht.



Elektronenmikroskopische Aufnahme eines Sporozoiten beim Eindringen in eine Darmzelle der Maus.

Die Entwicklung der Parasiten geschieht unter natürlichen Bedingungen in Darmzellen und Makrophagen von Wirtstieren (Maus, Huhn). Ein Ziel der angewandten Forschung ist die Entwicklung von Zellkultursystemen, in dem der gesamte Entwicklungszyklus der Parasiten abläuft. Damit könnten auch Medikamente gegen diese Parasiten *in vitro* getestet und die Zahl der sonst erforderlichen Tierversuche reduziert werden.

Ein weiterer angewandter Aspekt der Forschung ist die Identifizierung von in Pflanzen gentechnisch produzierter single-chain Antikörper zur Entwicklung neuartiger Hyperimmunprodukte zum Einsatz in der Veterinärmedizin.

Molekulare Zellphysiologie und Endokrinologie

Die Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit der molekularen Zellphysiologie und molekularen Endokrinologie der Interaktion natürlicher und synthetischer Substanzen mit Mitgliedern der Familie der kernständigen Hormonrezeptoren und der möglichen Bedeutung dieser Wechselwirkung für die Gesundheit von Mensch und Tier.

Mitglieder dieser Rezeptorfamilie sind u.a. die beiden Östrogenrezeptoren, also die Rezeptoren für das weibliche Geschlechtshormon Östradiol. Diese spielen eine Schlüsselrolle für die Behandlung von Wechseljahresbeschwerden, die durch den Abfall körpereigener Hormone hervorgerufen werden. Diese Beschwerden werden durch Verwendung von Hormonpräparaten in der sog. Hormonersatztherapie behandelt. Ein Forschungsschwerpunkt der Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit der Bewertung der Wirksamkeit und Sicherheit von sogenannten Alternativpräparaten. Diese werden als Heilpflanzenextrakte oder als Nahrungsergänzungsmittel vertrieben. Konkret charakterisiert die Arbeitsgruppe die molekularen Wirkmechanismen dieser Präparate auf der Ebene einzelner Organe. Die erhobenen mechanistischen Befunde sind wichtige Bewertungskriterien für die Wirksamkeit dieser Präparate, aber auch für die Erkennung möglicher unerwünschter Nebenwirkungen.

Eine abnehmende Östradiolproduktion ist bei geschätzt 40 % der Betroffenen mitverantwortlich für die Entwicklung einer mehr oder weniger ausgeprägten Dickleibigkeit. Deshalb ist es ein weiteres Ziel der Arbeitsgruppe, die molekularen Verknüpfungen aufzuklären, die offensichtlich für die Entwicklung einer Dickleibigkeit unter Östradiolmangel verantwortlich sind. Weiterhin scheinen Östrogene und deren Rezeptoren das Risiko der Entstehung des Dickdarmkarzinoms zu erniedrigen. Auch hier versucht die Arbeitsgruppe, den molekularen Grundlagen auf die Spur zu kommen. In beiden Fällen bilden die Erkenntnisse aus der molekularen Grundlagenforschung ein wichtiges Schlüsselement für die Entwicklung von Strategien, diesen pathophysiologischen Veränderungen vorzubeugen.

Ein weiteres Mitglied der Familie kernständiger Rezeptoren ist der Rezeptor für männliche Geschlechtshormone. Diese spielen beim Missbrauch beim Doping mit anabolen Steroiden eine zentrale Rolle. Ein Projekt der Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit dem Aufbau neuartiger biologischer Testverfahren zum Nachweis des Anabolikamissbrauchs beim Doping. Eine weitere Klasse nukleärer Rezeptoren umfasst die *Peroxisomen Proliferator Aktivierten Rezeptoren- α , $-\gamma$, $-\delta$* , kurz PPAR- α , $-\gamma$, $-\delta$. Diese PPARs spielen eine zentrale Rolle bei der Regulation von Aspekten des Energiestoffwechsels, wobei der PPAR- γ die Empfindlichkeit von Zielzellen für Insulin erhöht, was natürlich für die Behandlung von Diabetes mellitus von Bedeutung ist. Deshalb ist das Ziel eines weiteren Projekts der Arbeitsgruppe, natürliche (pflanzliche) Aktivatoren für diese Rezeptoren aufzuspüren.

In einem entwicklungspolitisch relevanten Projekt identifiziert und charakterisiert die Arbeitsgruppe zusammen mit Partnern aus Kamerun bioaktive Inhaltsstoffe aus traditionellen Heilpflanzen tropischen Ursprungs.

Abgerundet wird das Projektprofil der Arbeitsgruppe durch Aktivitäten zur Entwicklung neuer Testsysteme zur Quantifizierung der Aktivität kernständiger Rezeptoren.

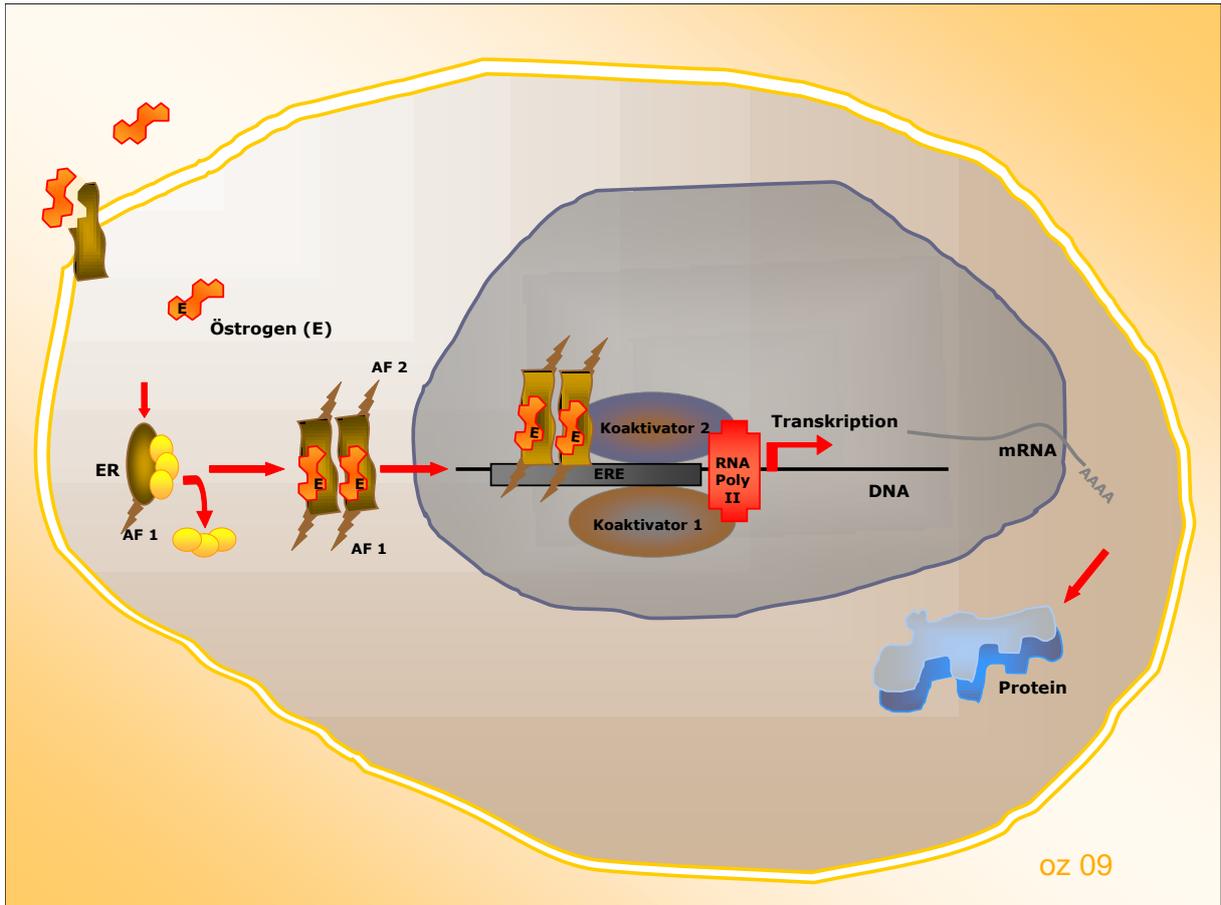


Abb. 1: Wirkmechanismus weiblicher Geschlechtshormone in der Zielzelle.

Institut für Genetik

Die Kenntnis des Aufbaus der Struktur der genetischen Information sowie die Regeln, nach denen diese Information abgerufen und realisiert wird, ist von grundlegender Bedeutung für das Verständnis zahlreicher biologischer Vorgänge. Moderne genetische Techniken haben in praktisch alle Teilgebiete der Biologie, der Biochemie sowie zunehmend auch in Gebiete der Medizin Eingang gefunden. Von besonderer wirtschaftlicher Bedeutung, etwa für die biotechnische Produktion von Arzneimitteln und technischen Enzymen, ist die Gentechnik, ein Teilgebiet der Genetik, bei dem das genetische Material gezielt verändert und in geeignete Empfängerorganismen eingeschleust wird.

Eine Besonderheit der grundständigen Studiengänge der Fachrichtung Biologie an der TU Dresden besteht darin, dass der Ausbildung in Genetik bereits beginnend mit dem ersten Semester ein hoher Stellenwert eingeräumt wird. Im Master-Studiengang umfasst der Schwerpunkt Genetik bakterielle wie eukaryotische (Hefen, Pflanzen, Tiere) Systeme.

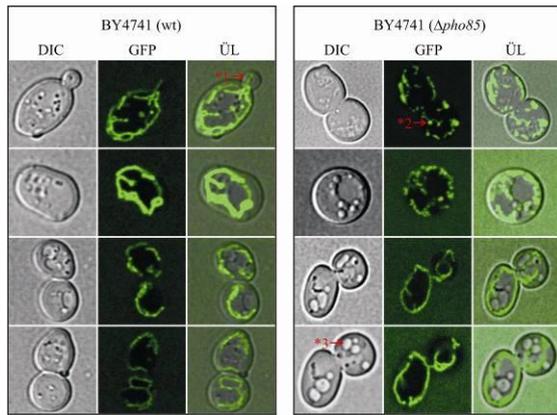
Das Institut für Genetik versucht, den Studierenden eine solide theoretische und praktische Ausbildung in Genetik, vorzugsweise in molekularer Genetik, zu vermitteln.

Forschungsgebiete

Biogenese von Mitochondrien

Mitochondrien sind essenzielle Organelle eukaryotischer Zellen, die u. a. für die oxidative Energiegewinnung zuständig sind. Das mitochondriale Proteom wird von zwei genetischen Systemen kodiert: eine Minorität der Proteine wird von der mitochondrialen DNA kodiert und an mitochondrialen Ribosomen synthetisiert. Der überwiegende Anteil wird von Kerngenen kodiert, an cytoplasmatischen Ribosomen translatiert und post-translational in die Mitochondrien importiert.

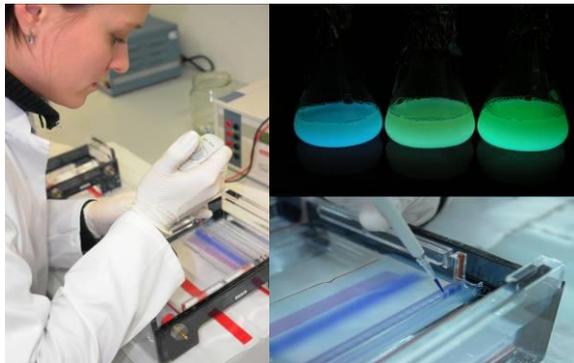
Im Fokus unserer Untersuchungen stehen Aspekte der Assemblierung der Enzymkomplexe der Atmungskette in der mitochondrialen Innenmembran, insbesondere die Rolle von Chaperons. Ein weiterer Schwerpunkt liegt in der Identifizierung und funktionellen Charakterisierung mitochondrialer Kinasen und Phosphatasen. Die Analysen erfolgen an Modellorganismen, vor allem an den Hefen *Saccharomyces cerevisiae* und *Schizosaccharomyces pombe* sowie an kultivierten Säugerzellen. Neben genetischen Techniken (z. B. Knock-out Mutanten; siRNA-vermittelte Geninaktivierung) kommen dabei v.a. proteinanalytische und mikroskopische Verfahren zum Einsatz.



Konfokale Mikroskopie von Hefen, deren Mitochondrien mit dem Grün Fluoreszierenden Protein (GFP) markiert wurden. DIC: Phasenkontrast; ÜL: Überlagerung von DIC und GFP

Technische Applikation rekombinanter Proteine und Mikroorganismen

Dieser anwendungsnahe Aspekt unserer Untersuchungen basiert auf der intensiven Zusammenarbeit mit verschiedenen Firmen sowie dem Max-Bergmann-Zentrum für Biomaterialien. Gemeinsam mit den Partneereinrichtungen werden Gene für maßgeschneiderte Proteine designt und in geeignete Wirtsorganismen (vorwiegend Bakterien und Hefen) transformiert. Diese rekombinanten Organismen fungieren entweder als lebende Ganzzellensensoren oder -aktoren, oder sie dienen der Herstellung, Aufreinigung und weiteren technischen Applikation der Proteine, z. B. für funktionelle Oberflächenbeschichtungen. In diesem Kontext liegt ein Schwerpunkt der Untersuchungen darauf, natürlich vorkommende selbst assemblierende Proteine zu identifizieren und deren Potenzial bei der Modifikation von technischen und biologischen Oberflächen zu nutzen.



Die Rhizobien/Leguminosen-Symbiose

Rhizobien gehen mit ihren Wirtspflanzen wie Klee, Erbse oder Bohne (Leguminosen) eine Wurzelknöllchensymbiose ein (Abb. 1 und 2). Die in den Wurzelknöllchen lebenden Rhizobien sind in der Lage, Luftstickstoff zu fixieren und ihn anschließend der Pflanze in Form von Ammonium zur Verfügung zu stellen. Dadurch können diese Pflanzen auch ohne Stickstoffdüngung, die sonst essenziell wäre, gedeihen. Der Symbiose geht ein komplexer Signalaustausch zwischen den im Boden lebenden Rhizobien und den Leguminosen voraus.

Wir interessieren uns für die genetische Ausstattung von Rhizobien, die mit der Sojabohne eine Symbiose eingehen können. Forschungsschwerpunkte bilden dabei Untersuchungen zur Organisation, Regulation und Funktion von Genen, die speziell für die Interaktion von Bedeutung sind. Die Forschungsansätze zielen auf detaillierte Analysen einzelner Gengruppen, z. B. von Genen, die für ein Typ III-Proteinsekretionssystem codieren. Es wird aber auch das Gesamtgenom z. B. mithilfe der Microarray-Technologie untersucht. Ein weiterer Forschungsschwerpunkt ist die Analyse des symbiontischen Proteoms des Bakteriums. Methodisch erfolgen Arbeiten auf DNA-, RNA- und Proteinebene, was auch die Analyse von Protein-DNA- und Protein-Protein-Wechselwirkungen einschließt.

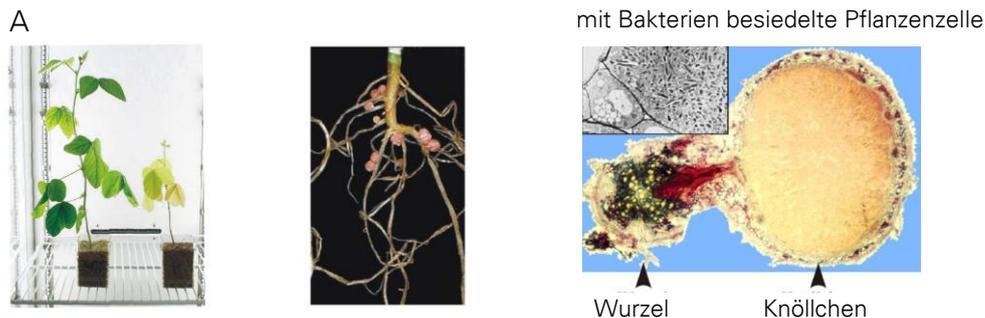


Abb. 1. Die Rhizobien-Leguminosen-Symbiose. A) Sojapflanze ohne Stickstoffdüngung, die mit einem Rhizobienstamm beimpft wurde (links) oder ohne Rhizobien wächst (rechts). B) Knöllchen an einer Sojabohnenwurzel.

Abb. 2. Innenansicht eines Knöllchens. Das sternförmige Leitbündelsystem der Wurzel ist gut zu erkennen. In den besiedelten Pflanzenzellen sind die stäbchenförmigen Bakterien sichtbar.

Systembiologie und Genetik der Gewebebildung

Wir studieren, wie sich Zellen zu funktionalen und strukturierten Geweben organisieren. Die Gewebebildung ist grundlegend für die Entwicklung von Embryonen, Wundheilung und Regeneration. Sie beruht auf chemischen Signalen und mechanischen Prozessen wie Zelladhäsion, Zellteilung und Zellbewegung, welche durch physikalische Kräfte hervorgerufen werden. Während in den letzten Jahrzehnten Signale, die für die Bildung von Geweben verantwortlich sind, identifiziert wurden, ist unser Verständnis der mechanischen Prozesse der Gewebebildung nach wie vor unvollständig.

Wir untersuchen anhand der Taufliege *Drosophila melanogaster*, wie das Zusammenspiel von chemischen Signalen und mechanischen Prozessen zu der Bildung von Geweben beiträgt. Dabei kombinieren wir genetische, molekulare und zellbiologische Methoden mit quantitativer Mikroskopie und biophysikalischen Studien. Unsere genetischen Analysen haben konservierte Signalwege identifiziert, die die Sortierung von Zellen innerhalb von Epithelgeweben als auch die Morphologie und die Integrität dieser Gewebe kontrollieren. Quantitative Mikroskopie und Bildanalyse haben uns ermöglicht, die Dynamik der Gewebebildung zu erfassen. Biophysikalische Studien haben uns erlaubt, mechanische Kräfte innerhalb von Geweben zu messen und den Einfluss dieser Kräfte auf die Gewebebildung zu bestimmen. Komplementiert werden unsere experimentellen Arbeiten durch die Entwicklung

biomechanischer Modelle der Gewebekonstruktion in Zusammenarbeit mit dem Max-Planck-Institut für die Physik komplexer Systeme.

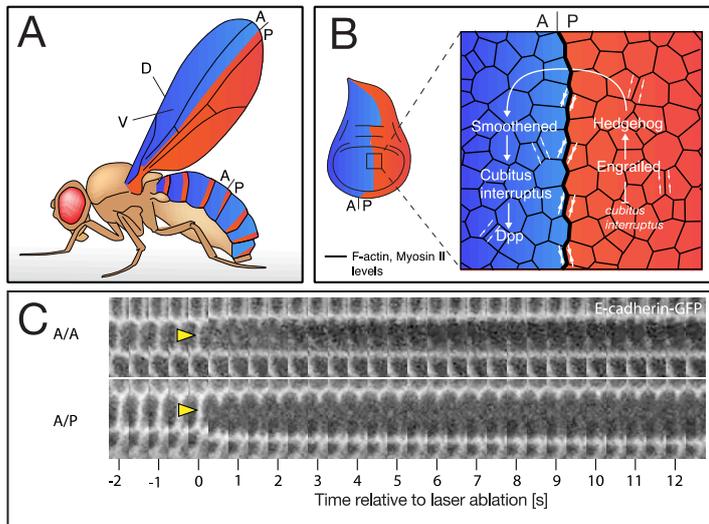


Abbildung: Signale und Mechanik der Sortierung von Zellen während der Gewebekonstruktion. A) Schema einer Taufliege. Zellpopulationen, gezeichnet in blau und rot, sortieren sich voneinander aus. B) Signalwege in Kontrolle der Zellsortierung. C) Biophysikalische Messung der mechanischen Kräfte von Zellen.

Institut für Mikrobiologie

Die Kenntnis der Vielfalt der Mikroorganismen und ihrer Leistungen ist von besonderer Bedeutung für die Entwicklung der Biotechnologie, des Umweltschutzes sowie der Erkennung und Bekämpfung von Krankheitsprozessen bei Mensch, Tier und Pflanze.

Forschungsgebiete

Physiologie, Molekularbiologie und Genetik von Hefen

Einzellige Pilze, allgemein als Hefen bezeichnet, besiedeln mit etwa 700 verschiedenen Arten aufgrund ihrer hohen Anpassungsfähigkeit die unterschiedlichsten Lebensräume. Von besonderem Interesse ist dabei die Optimierung und Nutzung ihrer Fähigkeit zum Abbau von Schadstoffen, wie z. B. Ölen, Fetten, Alkanen oder die Aufnahme und Bindung von Giften, wie z. B. Schwermetallen. Außerdem produzieren viele Hefearten große Mengen industriell nutzbarer organischer Säuren und Enzyme.

Die Forschungsarbeiten werden in enger Kooperation mit verschiedenen in- und ausländischen Partnern durchgeführt. Gegenwärtig werden Projekte in folgenden Forschungsschwerpunkten bearbeitet:

1. Molekulare Mechanismen der Stressantwort in Hefezellen

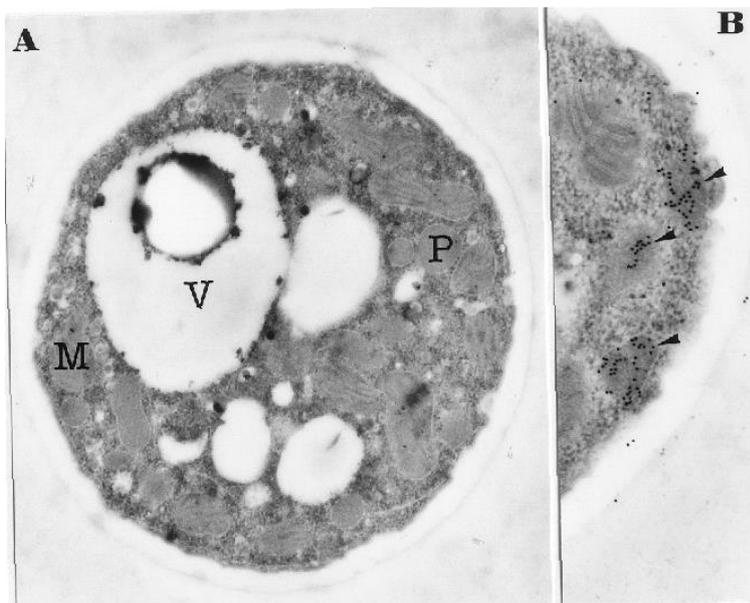
Einzellige Mikroorganismen sind extrem sich ständig wechselnden Umweltbedingungen ausgesetzt und müssen deshalb in der Lage sein, sich diesen Bedingungen schnell anpassen zu können. Dies gilt insbesondere für die Anpassung an sich verändernden Energie- und Kohlenstoffquellen sowie der Abwehr von toxischen Substanzen. Die molekularen Mechanismen zu verstehen, die der Reaktion eukaryotischer Zellen auf solche Stresseinwirkungen zugrunde liegen, steht im Mittelpunkt dieses Forschungsschwerpunktes.

2. Mikrobielle Biotransformation hydrophober Substrate

Die molekularen Mechanismen der Aufnahme, des intrazellulären Transports sowie der Sekretion hydrophober Substanzen, wie n-Alkane, Fettsäuren oder Steroide, durch Mikroorganismen sind weitestgehend nicht bekannt. Diese Prozesse besser zu verstehen und dieses Wissen für die Optimierung von Biokonversionsprozessen gezielt einzusetzen ist Ziel der Forschungsprojekte in diesem Schwerpunkt.

3. Organisation und Stabilität des Genoms der Hefe *Yarrowia lipolytica*

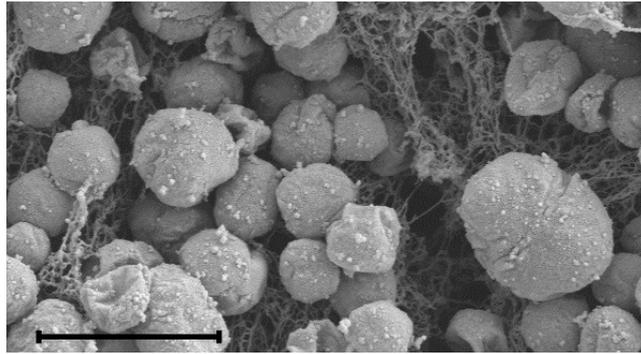
Nach den enormen Fortschritten bei der Aufklärung der kompletten Genome verschiedener pro- und eukaryotischer Organismen kommt der funktionellen Analyse der Gene eine immer größere Bedeutung zu. Nach der Aufklärung des Genoms der Bäckerhefe *Saccharomyces cerevisiae* ist die Sequenzierung anderer Hefen von großer Bedeutung, um weitere Proteine und deren kodierende Gene zu ermitteln, die in *S. cerevisiae* nicht vorhanden sind. Uns interessiert dabei besonders die Sequenz des Genoms der Alkan und Fett verwertenden, organische Säuren und Proteine sekretierenden Hefe *Y. lipolytica*. Außerdem wird in einem Forschungsprojekt untersucht, wie die Organisation und Expression des Genoms durch die Aktivität eines Retrotransposons beeinflusst wird.



Elektronenmikroskopische Aufnahme der Hefe *Yarrowia lipolytica* nach Wachstum in acetathaltigem Medium (A). B) Goldimmunonachweis des Enzyms Isocitratlyase (Pfeilmarkierung) in den Peroxisomen der Hefezellen. M – Mitochondrien, P – Peroxisomen, V - Vakuole

Physiologie, Molekularbiologie und Genetik von methanogenen Archaeen

Das Gas Methan (CH_4) erhält einen zunehmend wichtigen ökologischen und ökonomischen Stellenwert. In der Natur wird es biologisch nur von Mikroorganismen aus der Domäne Archaea unter Ausschluss von Sauerstoff gebildet. Diese methanogenen Archaeen und ihre vielfältigen Stoffwechselprozesse werden mit genetischen, physiologischen und biochemischen Methoden analysiert. Als Modell-Organismen dienen dafür Arten der Gattung *Methanosarcina* (siehe Abbildung) und *Methanococcus*. Für beide stehen ausgereifte Methoden zur genetischen Manipulation zur Verfügung, was für die meisten anderen Archaea nicht gilt.



Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme von *M. acetivorans* während Methanol-abhängigem Wachstum auf Agar-Medium (Aufnahme: M. Günther, AG Prof. C. Neinhuis).

1. Kohlenmonoxid-Metabolismus von *Methanosarcina acetivorans*

M. acetivorans ist in der Lage in Gegenwart beträchtlicher Partialdrücke Kohlenmonoxid zu wachsen. Seine Besonderheit besteht außerdem darin, dabei nicht nur Methan zu produzieren, sondern auch Essigsäure und Ameisensäure. Untersucht wird, warum diese für methanogene Archaeen ungewöhnlichen Metabolite in großen Mengen produziert werden, zum Teil ohne wieder dem Stoffwechsel zufließen zu können. Die mögliche natürliche Gewinnung von Formiat, das unter anderem als Reinigungsmittel und als Konservierungsmittel für Futtermittel eingesetzt wird, bildet eine mögliche Alternative zur synthetischen Gewinnung.

2. Selen-Stoffwechsel in Archaeen

Die Synthese und der Einbau der ungewöhnlichen Aminosäure Selenocystein, die für die Funktionsfähigkeit vieler Enzyme verantwortlich ist, folgt nicht dem Schema der 20 Standard-Aminosäuren. Der Prozess und seine Regulation unterscheiden sich in den drei Domänen des Lebens zum Teil stark. Daher wird der Prozess der Selenocystein-Synthese und seines Einbaus in Proteine von Archaeen erforscht, wobei translationelle Rekodierung erfolgt.

3. Neue Energiesubstrate für methanogene Archaea

Methanogene mit komplexen Genomen, wie z. B. *Methanosarcina*-Arten codieren für eine Vielzahl potenzieller Faktoren, die an der Verstoffwechslung bisher uncharakterisierter Energiesubstrate, z. B. *O*-, *N*- und *S*-methylierter Verbindungen beteiligt sein könnten. Durch Gendelektions-Analysen, biochemischer Charakterisierung der in Frage stehenden Enzyme und physiologischen Untersuchungen wird dieses möglicherweise stark unterschätzte metabolische Potenzial untersucht.

Ein längerfristiges Ziel dabei ist es, durch den Einsatz transgener Technologien methanogene Archaeen zu biotechnologischen Modell-Organismen zu machen, z.B. indem das Substratspektrum der Organismen für die Biogas-Produktion erweitert wird. So konnte durch „metabolic engineering“ bereits ein *Methanosarcina*-Stamm konstruiert werden, der Kohlenhydrate zu Methan umsetzt, was langfristig einen wichtigen Beitrag zur Forschung an Biogas bedeuten könnte.

Aktivität, Selektivität und Stabilität mikrobieller Biokatalysatoren

Diversität und Anpassungsfähigkeit mikrobieller Stoffwechsellleistungen bedingen die Ausprägung vielfältiger Biokatalysatoren, deren biotechnologische Nutzung im Zuge der Entwicklung nachhaltiger Stoffproduktion und der Aktivierung nachwachsender Ressourcen von großem sozio-ökonomischen Interesse ist. Aufgrund der mangelnden Anpassung an technische Erfordernisse und des noch immer begrenzten Verständnisses der molekularen Zusammenhänge komplexer biokatalytischer Aktivität, konnte bislang nur ein kleines Spektrum an Biokatalysatoren dieser Nutzung zugeführt werden. Das Verhalten technisch relevanter Biokatalysatoren unter typischen Bedingungen der Anwendung wird analysiert und die Ursachen des beobachteten Verhaltens mittels biochemischer, molekularbiologischer und bioinformatischer Techniken ermittelt. Es werden bioinspirierte Ansätze zur Bereitstellung leistungstarker technischer Biokatalysatoren und katalytischer Netzwerke entwickelt.

1. Funktionelles Design redox-katalysierender Metalloenzyme

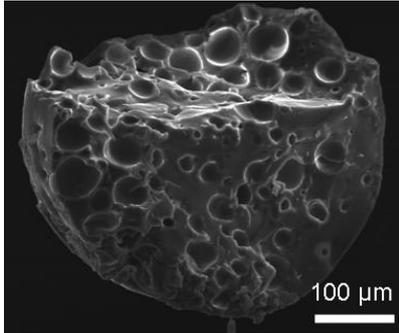
Etwa die Hälfte aller in der Natur vorkommenden Proteine ist mit Metallionen assoziiert. Für die katalytische Aktivität zahlreicher Enzyme der Photosynthese, der Atmung, der Oxidation von Wasser, der Reduktion von molekularem Sauerstoff, der Stickstofffixierung, etc. spielt dies eine entscheidende Rolle. Die zugehörigen Redoxreaktionen sind Schlüsselreaktionen der chemischen Synthese. Auf Basis des Verständnisses der strukturellen Eigenschaften und Abläufe werden Voraussetzungen für die katalytische Nutzung geschaffen und Varianten mit erhöhter Stabilität, Selektivität, Effizienz oder neuem/erweitertem Nutzungsspektrum geschaffen. Modellenzyme sind Zn^{2+} -abhängige Dehydrogenasen und Fe^{2+} -abhängige (Peroxidasen).

2. Mikro- und makroskalige Modularisierung aktiver Biokatalysatoren durch Feststoff- und Polymer-basierte Immobilisierung und Emulgierung

Modulbildung ist ein weit verbreitetes und erfolgreiches biologisches Konzept zur Etablierung und Stabilisierung biologischer Aktivität unter kontradiktierenden Bedingungen. Durch Einschluss von Biokatalysatoren in durch Nanopartikel stabilisierte zweiphasige Mikroemulsionen (Pickering Emulsionen) oder makroskopisch große Sphären natürlicher und synthetischer Polymere oder Kompositmaterialien wird dieses Konzept auf technische Systeme übertragen. Das Einsatzspektrum und die Leistungsfähigkeit der resultierenden Präparate wird anhand alternativer enzymkatalysierter Wege der chiralen Synthese enantiomerenreiner Hydroxyketone (Reduktion von Diketonen, dynamisch-kinetische Racematspaltung, C-C-Knüpfung) und verwandter Reaktionen evaluiert und optimiert.

3. Bio-inspirierte Gestaltung katalytischer Netzwerke

Kombinationen unterschiedlicher (bio-)katalysierter Reaktionen ermöglichen die Realisierung komplexer Mehrschrittsynthesen bei optimaler Nutzung von Ressourcen und vermindertem Materialaufwand für Isolierung und Aufarbeitung der (Zwischen-)Produkte. Ausreichende Effizienz kann jedoch nur erreicht werden, wenn ein geordneter und kontrollierter Ablauf erfolgt und sequenzielle Teilschritte optimal interagieren. Auch für diese Problematik finden sich biologische Lösungen, deren Transfer in technisch nutzbare (bio-)katalytische Netzwerke anhand ausgewählter Reaktionen wie der chemo-enzymatischen Erzeugung und Verarbeitung von Epoxiden oder der Synthese von Naturstoffen entwickelt und evaluiert wird.



(*ChemCatChem* 2011, 3: 1314-1319; DOI: 10.1002/cctc.201100085): Elektronenmikroskopische Aufnahme einer Biocatalytisch Aktiven Statischen EmulSION (BASE). Die Biokatalysatoren sind in winzigen Wassertropfen („Zellen“) lokalisiert, welche in Größe und Position durch ein Netzwerk aus Silicon fixiert werden. Das Siliconnetzwerk bildet makroskopisch große Sphären, die die Rückgewinnung der Biokatalysatoren aus einem Reaktionsansatz gewährleisten.

Ansprechpartner in der Fachrichtung Biologie

Fakultät Mathematik und Naturwissenschaften
Fachkommission Biologie
Prof. Dr. rer. nat. habil. Michael Göttfert

Besucheradresse: Zellescher Weg 20b, Zimmer E01,
01062 Dresden

Telefon: (0351) 463 36490
Homepage: www.biologie.tu-dresden.de
E-Mail: prodekanat.biologie@tu-dresden.de

Studienberatung: Prof. Dr. rer. nat. habil. Tomas Schmidt
Institut für Botanik, Tel.: (0351) 463 39588

Prof. Dr. rer. nat. habil. Christoph Neinhuis
Institut für Botanik, Tel.: (0351) 463 36032