

INSTITUT FÜR BIOLOGIE
Rhoda-Erdmann-Haus



November 2016

INHALTSVERZEICHNIS

Grußworte.....	
History of Biology - a Brief Review on Institutes and Disciplines ..	
Der Einzeller vom Campus Nord.....	
Wer war Rhoda Erdmann?.....	

ARBEITSGRUPPEN

BIOPHYSIK

Biophysik der Photosynthese	
Experimentelle Biophysik.....	
Molekulare Biophysik	
Theoretische Biophysik.....	

BOTANIK

Angewandte Botanik	
Botanik und Arboretum.....	
Molekulare Zellbiologie der Pflanzen	
Pflanzenphysiologie	

DIDAKTIK

Fachdidaktik und Lehr-/ Lernforschung Biologie.....	
---	--

MIKROBIOLOGIE; MOLEKULARBIOLOGIE UND BIOCHEMIE

Mikrobiologie	
Molekulare Genetik.....	
Molekulare Zellbiologie.....	
Molekulare Zellbiologie und Gentherapie	
Physiologie der Mikroorganismen	
Quantitative Biologie der eukaryotischen Zelle	
Strukturbiologie und Biochemie.....	

THEORETISCHE BIOLOGIE

Epidemiologische Modellierung von Infektionskrankheiten	
Organismische Evolution	
Theorie Neuronaler Systeme.....	
Theoretische Neurophysiologie.....	

ZOOLOGIE

Kognitive Neurobiologie.....	
Molekulare Parasitologie.....	
Morphologie (Zoologie) und Formengeschichte	
Neuronale Plastizität.....	
Ökologie	
Tierphysiologie, Systemische Neurobiologie, Neural Computation....	
Vergleichende Zoologie.....	
Verhaltensphysiologie/ Neuroethologie	

NACHWUCHSGRUPPEN

Analyse metabolischer Netzwerke	
Evolutionsbiologie.....	
Kollektive Informationsverarbeitung	
Molekulare Infektionsbiologie.....	
Molekulare Mikrobiologie	
Quantitative Biologie.....	
Systemmedizin der Leber	
Systemimmunologie.....	
Zelluläre Funktionen elementarer Reaktionen und Zustände.....	

INTERDISZIPLINÄRE ZENTREN

Integratives Forschungsinstitut für Lebenswissenschaften (IRI).....	
Institut für Theoretische Biologie (ITB)	

ANHÄNGE

DFG-geförderte Forschungsverbünde	
Bund-geförderte Forschungsprojekte	
EU-geförderte Forschungsprojekte.....	
Sonstige Forschungsverbünde	
Liste der Humboldt-Preisträger.....	
Zahlen und Fakten.....	
Promotionen am Institut für Biologie	
Der Institutsrat stellt sich vor	
Die Fachschaft Biologie.....	
Glossar und Liste aller verwendeten Quellen.....	
Lageplan und Standort.....	

ABBILDUNGSVERZEICHNIS

- 1 Philipstraße 13 Haus 22 - Rhoda-Erdmann-Haus.....
- 2 Bildnis Wilhelm von Humboldt.....
- 3 Universitätsgebäude 1825.....
- 4 Botaniker Kurt Noack (1888 - 1963) im Jahre.....
- 5 Professor Rhoda Erdmann bei der Arbeit im Labor.....
- 6 Professor Rhoda Erdmann 60-jährig.....

BIOPHYSIK

- 5 Struktur des PSII Dimers aus dem Cyanobakterium *T. elongatus*.....
- 6 Kollage mit der Grünalge *Volvox globator*.....
- 7 Influenzavirus mit Bindung an die Zellmembran einer Wirtszelle.....
- 8 Schematische Darstellung wichtiger Prozesse für das Wachstum von Hefezellen.....

BOTANIK

- 9 Expression eines GFP-markierten floral homöotischen Transkriptionsfaktors in frühen Stadien des Blütenmeristems in *Arabidopsis*.....
- 10 Impressionen der Arbeitsgruppe „Botanik und Arboretum“
- 11 Arabidopsis-Pflanzen mit gestörter Funktion der Mitochondrien.....
- 12 Teilausschnitte aus dem Dachgewächshaus: Tabakpflanzen.....

DIDAKTIK

- 13 Exponate aus fachdidaktischer Sammlung.....

MIKROBIOLOGIE; MOLEKULARBIOLOGIE UND BIOCHEMIE

- 14 Rasterelektronenmikroskopische Darstellung der Oberfläche eines Biofilms von *E. coli*.....
- 15 Arbeitsmodell zum Mechanismus von „Energy-coupling factor (ECF)“-Transportern.....
- 16 Lokalisation eines plastidären RNA Bindeproteins mittels Immunfluoreszenz.....
- 17 Arabidopsis thaliana, die Ackerschmalwand.....
- 18 Serielle Verdünnungen von *Saccharomyces cerevisiae* zur Bestimmung der Wachstumseigenschaften auf verschiedenen Nährstoffquellen.....

- 19 Arbeitsgruppe Molekulare Zellbiologie und Gentherapie
- 20 Schematische Darstellung der verschiedenen Schritte der TZR- und CAR-Gentherapie.
- 21 Modell des Transportzyklus' von ABC-Importsystemen (Typ I).
- 22 Live Imaging eines fluoreszenzmarkierten Polycomb-Protein im lebenden Drosophila Embryo.....
- 23 Der Aufbau von Metalloenzymen mittels Röntgenstrukturanalyse.....

THEORETISCHE BIOLOGIE

- 24 Das Flugverkehrsnetz als Basis für Computersimulation.....
- 25 Identifizierung der wahrscheinlichsten Ausbreitung mittels netzwerktheoretischer Methoden.....
- 26 Die Tafel als Labor: Entwicklung mathematischer Modelle in der theoretischen Biologie.
- 27 The dual effects of *Wolbachia*.....
- 28 Neuronale Verarbeitung wird mittels theoretischer Methoden und mathematischer Modellierung.....
- 29 Zellkörper bei typischen Insektenkörpern und Vertebraten.....

ZOOLOGIE

- 30 Untersuchungen zu den kognitiven Mechanismen von Entscheidungsfindung: Blumennektarfladermaus (*Glossophaga commissarisi*) vor einer fledermausblütigen *Mucuna holtonii* in Costa Rica (links) „Labor“maus (*Mus musculus*, rechts).....
- 31 *Plasmodium* Sporozoit, das infektiöse Stadium des Malaria-Parasiten.....
- 32 Die asexuelle Replikation in Erythrozyten.....
- 33 Morphologische Vielfalt der Humeri innerhalb der Hörnchenverwandten (Sciuromorpha, Mammalia).....
- 34 Künstlerische Darstellung der Hypothese der Funktion des Kortex.....
- 35 *Wilsonema otophorum*, ein häufiger Bakterienfresser des Bodens.....
- 36 Anatomische Repräsentationen des männlichen (links) und weiblichen (rechts) Körpers in der Hirnrinde der Ratte
- 37 Dreidimensionale Rekonstruktion des Zentralnervensystems (grün) und der Muskulatur (gelb) der Naupliuslarve eines Ruderfußkrebses (Copepoda).
- 38 Verhaltensuntersuchungen der akustischen Kommunikation der Grillen.....

NACHWUNDSGRUPPEN

- 39 Ein Ausschnitt des komplexen „Streckenplans“ des cyanobakteriellen Stoffwechsels.....
- 40 Kultivierung von phototrophen Mikroalgen und Cyanobakterien bei sehr hohen Zelldichten.....
- 41 Änderungen in der Expression und Sequenz der aufeinander wirkenden Gene bei Seeigellarven.....
- 42 Unterwasseraufnahme eines *Poecilia sulphuraria* Schwarms an der Wasseroberfläche in schwefelhaltigen Fluss in Teapa/Mexico.
- 43 Die Arbeitsgruppe Molekulare Infektionsbiologie.....
- 44 Streptomyces sind Mikrobe des Jahres 2016 (Quelle VAAM) ..
- 45 Rasterelektronenmikroskopische Aufnahmen von Streptomycceten in verschiedenen Wachstumsphasen.....
- 46 Quantitative Biologie - Das Labor.....
- 47 Mathematischer Modellierung des Leberstoffwechsels und Analyse der metabolischen Netzwerke der Leber.
- 48 Das Systems Immunology Lab auf einen Blick.....
- 49 Das Wissen in der Datenbank entspricht einem Netzwerk von interagierenden Proteinen.....

INTERDISZIPLINÄRE ZENTREN

- 50 IRI - Das Institut.....
- 51 Das vom IRI koordinierte und von der Einstein-Stiftung geförderte Forschungsnetzwerk „Single Molecule RNA Biology - dynamics and functions of RNA from transcription to degradation“.....
- 52 1. Symposium zur Theoretischen Chronobiologie auf dem Campus Nord im Herbst 2014.....
- 53 Mathematische Modellierung der Genregulation.....

ANHÄNGE

- 54 Graphische Darstellung der Mitarbeiterstruktur.....
- 55 Drittmittelausgaben am Institut für Biologie.....
- 56 Übersicht zum Lehrangebot am Institut für Biologie.....
- 57 Übersicht über die Promotionen am Institut für Biologie
- 58 Fachschaft der Biologie/ Treffen der Erstis.....
- 59 Fachschaft der Biologie/ Studentisches Café „Flora Soft“.....
- 60 Lageplan des Campus Nord.....
- 61 Invalidenstraße 42 - Sitz der Geschäftsstelle des Institutes.....

Grußworte

Liebe Kolleginnen und Kollegen der Biologie,
liebe Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts für Biologie,
liebe Studierende,

zu der Institutsbroschüre möchte ich alle im Institut für Biologie beglückwünschen, da nun ein weiteres Instrumentarium für die Sichtbarkeit des Instituts innerhalb und insbesondere außerhalb der Universität geschaffen wurde. Es muss im Grunde wenig betont werden, wie wichtig eine weitreichende Sichtbarkeit der Vielfalt der Aktivitäten des Instituts ist. Die Inhalte der Broschüre erscheinen mir als ein wertvolles Spiegelbild der gesamten Biowissenschaften.

In der Tat kann sich das Institut im Leistungsspiegel im inneruniversitären oder auch nationalen Vergleich sehen lassen. Innerhalb der Humboldt-Universität ist die Biologie das drittmittelstärkste Institut, ist an erfolgreichen Clustern der Exzellenzinitiative beteiligt, und hat in der Vergangenheit und Gegenwart zahlreiche Beteiligungen an Sonderforschungsbereichen, Graduiertenkollegs, Schwerpunktprogrammen und Forschergruppen der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) in Sprecherfunktion und auch als Teilprojektleitung innegehabt. Dies alles war und ist trotz steigender Belastungen der Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter, insbesondere auch in der Lehre, ein beachtlicher Erfolg.

Es ist wichtig, dass das Institut bei leider kontinuierlich abnehmendem Lehrpersonal/Studierenden-Schlüssel weiterhin seinen Kurs mit experimenteller und durch Übungen und Versuche unteretzter Lehre fortsetzt.

Ich möchte mich noch einmal an Studierende und an Abiturienten mit einem Interesse an einem Biologiestudium wenden: Verschaffen Sie sich durch diese Broschüre einen schnellen Überblick über die Aktivitäten in Forschung und Lehre im Institut für Biologie. Ich wünsche mir, dass diese Darstellung dazu beiträgt, dass auch auswärtige Studierende oder Studieninteressierte anhand der Darstellungen Anreize für die Aufnahme des Studiums an der Humboldt-Universität zu Berlin finden.

Die vergangenen zwei Jahre dienten der erfolgreichen Konsolidierung der neuen Lebenswissenschaftlichen Fakultät. Nun heißt es auch für die Biologie, verstärkt die guten Möglichkeiten des interdisziplinären Forschens und Lehrens mit den Agrar- und Gartenbauwissenschaften sowie der Psychologie zu nutzen.

Allen an der Erstellung der Broschüre Beteiligten im Institut für Biologie spreche ich meinen Dank aus, dieses Projekt umgesetzt zu haben.

Ich wünsche der Geschäftsleitung des Instituts, dem Institutsrat und allen für das Institut sich einsetzenden Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter unserer Universität eine erfolgreiche und auch motivierende Zeit und dem Institut für Biologie mit seiner schlagkräftigen und aktuellen zumeist grundlagenorientierten Forschung einen weiteren erfolgreichen Verlauf.

Bernhard Grimm
Dekan der Lebenswissenschaftlichen Fakultät

Liebe Leserinnen und Leser,

die folgende Broschüre gibt ein Bild unseres Institutes für Biologie. Wir hoffen, dass die Lektüre Einblicke in die biologische Forschung an der Humboldt-Universität erlaubt und vielen verschiedenen Lesern, angefangen von den Studierenden über Kollegen hin zu den interessierten Laien, Hinweise auf unsere Arbeit gibt.

Bei dem hier gegebenen Bild handelt es sich mehr um einen Schnappschuss als um einen umfassenden Katalog, weil unsere Arbeit naturgemäß stetem Wandel unterliegt. Wir würden uns freuen, wenn die Broschüre zu ausführlicheren Fragen Anlass gibt, und wenn so Kontakte entstehen. Dies gilt besonders für die Studierenden, die in unseren oft sehr vielköpfigen Lehrveranstaltungen unserer Arbeit nicht immer nahe genug kommen.

Die Broschüre spiegelt die sehr diversen Forschungsansätze und inhaltlichen Ausrichtungen unserer Mitarbeiter deutlich wider. Diese Vielfalt beschreibt unsere Arbeit besser als das Herausstellen einzelner Forschungsrichtungen. Trotz der sehr unterschiedlichen hier verfolgten Fragestellungen, spiegelt sich in der gesamten Arbeit unser gemeinsames Interesse an der Erforschung des Lebenden und seinen mannigfaltigen Ausformungen. Wir sind sehr stolz darauf, dass am Institut international beachtete Spitzenforschung geleistet wird, und dass unser Institut eine tragende Rolle für die Humboldt-Universität gespielt hat, beim Erlangen des Exzellenzstatus.

Ich wünsche allen viel Freude beim Erkunden unserer Forschungsaktivitäten.

Michael Brecht
Geschäftsführender Direktor des Instituts für Biologie

DIE GRÜNDUNG DER UNIVERSITÄT

Die Humboldt-Universität zu Berlin wurde 1810 gegründet und gilt noch heute als „Mutter aller modernen Universitäten“. Dieses ist das Verdienst der Universitätskonzeption des Gelehrten und Staatsmannes Wilhelm von Humboldt.^{1]} Seit Februar 1809 war er für ein Jahr Sektionschef für Kultus und Unterricht im Ministerium des Innern. Er stellte einen Antrag auf Errichtung der Universität Berlin bereits am 24. Juli 1809 an die Königliche Majestät: „Die Section wagt es daher, bei Ew. Königl. Majestät ehrerbietigst darauf anzutragen



1. Die Errichtung einer Universität in Berlin und die Verbindung der in Berlin bereits existierenden wissenschaftlichen Institute und Sammlungen, die medicinischen mit eingeschlossen, und der Akademie der Wissenschaften und Künste mit derselben förmlich zu beschliessen und der Section des öffentlichen Unterrichts aufzugeben, einen Plan dazu zu entwerfen, und sogleich nach und nach zur Ausführung desselben zu schreiten, als die Disposition über die Einkünfte möglich sein wird;^{2]} Seit 1828 hieß die erste Berliner Alma mater „Friedrich-Wilhelms-Universität, benannt nach ihrem Gründer dem preußischen König Friedrich Wilhelm III.

1] Geschichte der Humboldt-Universität zu Berlin

2] Marksches, Christoph (2010) Wilhelm von Humboldt, Antrag auf Errichtung der Universität Berlin. Gründungstexte, S.243-250



HISTORY OF BIOLOGY – A BRIEF REVIEW ON INSTITUTES AND DISCIPLINES

When the University of Berlin was founded in 1810, chairs in biology were set up, which drew on the tradition of different pre-university institutions: the Prussian Society (1700) or Academy (1744) of Sciences with its Botanical Gardens at Schöneberg, first mentioned in 1679, the “Theatrum anatomicum” from 1713 and the “Naturalienkabinett” founded in 1716. Other important biological collections originated from the public „Collegium medico-chirurgicum” (1723) and the Berlin Society of Naturalists (“Gesellschaft naturforschender Freunde zu Berlin”, 1773). The first biologists of the university, the botanist Carl Ludwig **WILLDENOW** (1765-1812) and the zoologist Hinrich **LICHTENSTEIN** (1780-1857) were closely connected with these organizations.

The chairs of botany and zoology were established in the Faculty of Philosophy, independent of each other and of medicine, already in 1810 – a very progressive idea at a time when both disciplines were generally regarded as medical domains or combined in a single “philosophical” chair for natural history. Heinrich **LINK** (1767-1851), who succeeded **WILLDENOW** in 1815, re-integrated botany temporarily into the Faculty of Medicine, while the botanists Friedrich Gottlob **HAYNE** (1763-1832) and Carl Sigismund **KUNTH** (1788-1850) held the original position. **KUNTH** and **LINK** were followed by Alexander **BRAUN** (1805-1877) in 1851. In the era of **BRAUN** and Wilhelm **PETERS** (1815-1883), who replaced **LICHTENSTEIN** in 1858, botany and zoology developed on a large scale. By 1880 comparative anatomy and morphology, systematics, biogeography, floristics, and faunistics were flourishing and had initiated great expeditions. Julius **MEYEN** (1804-1840), Hermann **SCHACHT** (1814-1864) or Robert **CASPARY** (1818-1887) as well as Christian Gottfried **EHRENBERG** (1795-1876) had done pioneer work in microscopy, whereas Hermann **KARSTEN** (1819-1908), Nathanael **PRINGSHEIM** (1823-1894) or Leopold **KNY** (1841-1916) were already working in plant physiology. The advancing differentiation of biological topics led to the introduction of independent chairs for general and systematic botany (1878) and zoology (1884). This development reached most universities only over 70 years later!

The first professors for systematic botany August Wilhelm **EICHLER** (1839-1887) well known for his flower-diagrams and, in particular, Adolf **ENGLER** (1844-1930) opened the golden age of plant taxonomy and geography in Berlin. **ENGLER** transferred the Botanical Gardens from Schöneberg to Dahlem (1898-1904). A new Botanical Museum followed (1906). In 1921, Ludwig **DIELS** (1874-1945) succeeded **ENGLER**.

In general botany, microscopic studies dominated research for a long time. The first chair-holder Simon **SCHWENDENER** (1829-1919), who came to Berlin in 1878, and his successor (1910) Gottlieb **HABERLANDT** (1854-1945) founded physiological plant anatomy combining structural and functional research. A new and modern Plant Physiological Institute was built at Dahlem in 1913 where **HABERLANDT** formulated one of the first hormone theories in botany. In 1924 Hans **KNIEP** (1881-1930), an expert for the life cycles of fungi, was appointed. Kurt **NOACK** (1888-1963), who held the position from 1931 to 1956, became a pioneer of plant biochemistry.

Zoological anatomy and physiology especially rooted in the Faculty of Medicine where Karl Asmund **RUDOLPHI** (1771-1832), Johannes **MÜLLER** (1801-1858) and Karl **REICHERT** (1811-1883) lectured, and Oscar **HERTWIG** (1849-1922) set up a special “Anatomical-biological Institute” (1892). **MÜLLER** had created one of the most influential schools of scientific zoology with such distinguished graduates as the co-founder of the cell theory Theodor **SCHWANN** (1810-1882), the pioneer of electrophysiology Emil **DUBOIS-REYMOND** (1818-1892) and Ernst **HAECKEL** (1834-1919).

A new chapter in the history of zoology at Berlin commenced in 1884 when Franz Eilhard **SCHULZE** (1840-1921) constituted a Zoological Institute and Karl **MÖBIUS** (1825-1908) got a second chair (1888) as the head of the Zoological Museum. Both institutions were housed in the new Museum for Natural History (1888) and developed to centres of morphological, systematic and geographical research. At the end of the 19th century comparative morphological studies turned to development-physiological and cytological experiments and phylogenetic considerations – the main topics of **HERTWIG** and Karl **HEIDER** (1856-1935) who followed **SCHULZE** in 1917. After a period of zoogeography and ecology, the research fields of Richard **HESSE** (1868-1944), who directed the Zoological Institute from 1926 to 1935, Friedrich **SEIDEL** (1897-1992) again preferred development-physiological themes.

Abb. li. o. Bildnis Wilhelm von Humboldt
Staatsbibliothek zu Berlin - PK
Handschriftenabteilung, Porträtsammlung
Portr. Slg / Verw. gr / Humboldt, Wilhelm von, Nr. 2
Lizenz: CC-BY-NC-SA

Abb. li. u. Universitätsgebäude 1825.jpg
Repro HU-Fisahh

The institute repeatedly brought forth leading zoologists with new concepts, such as proto-zoology by Fritz **SCHAUDINN** (1871-1906) or comparative and experimental sensory physiology and behavioural biology by Hansjochem **AUTRUM** (1907-2003), Erich **VON HOLST** (1908-1962) and Günter **TEMBROCK** (1918-2011), respectively.

Throughout the 19th century the Zoological Museum had only three directors. After MÖBIUS retired in 1905, the position was held by August **BRAUER** (1863-1917), Willy **KÜKENTHAL** (1861-1922), Carl **ZIMMER** (1873-1950) and Hanns **VON LENGERKEN** (1899-1966). They extended the building, reorganized the collections and exhibitions and were supported by a rising number of custodians, among them famous specialists like the spongiologist Walther **ARNDT** (1891-1944) who was murdered by the Nazi regime, the mammal-expert Hermann **POHLE** (1892-1982) or the ornithologist Erwin **STRESEMANN** (1889-1972).

The post-war reconstruction and revival of the Berlin University was soon affected adversely by the beginning East-West conflict. The biological institutes suffered particularly. By 1949, the Humboldt-University had lost all its botanical institutions in Dahlem, a West-Berlin district. An Institute for General Botany directed by the plant physiologist Konrad **RAMSHORN** (1909-1978) and an Institute for Special Botany headed by the taxonomist Walter **VENT** (1920-2008) were re-established in 1960. The general botanists were accommodated at disperse zoological, agricultural and veterinary departments, whereas the special botanists settled at the arboretum of the former Späth company at Baumschulenweg.

The zoologists maintained their traditional buildings, but met severe personnel problems when the new chair-holders at the Zoological Museum and Institute, Werner **ULRICH** (1900-1977) and Konrad **HERTER** (1891-1980), moved to the Free University in Dahlem. The situation of the museum consolidated, when in 1951 the taxonomist Alfred **KAESTNER** (1901-1971), and then, after the deep cut of the Berlin Wall in 1961, the evolutionary biologist Konrad **SENGLAUB** (* 1926) were appointed, while the Zoological Institute went through a long phase of temporary solutions until the morphologist and cell biologist Kurt **ERDMANN** (1907-1980) could be won in 1958.

In 1968 the historically grown institutes were united in a "Section of Biology" with different divisions. Although training plant physiology became a priority, behavioural biology, biophysics, biochemistry, genetics and ecology were important fields.

When Germany was reunited in 1990, these directions formed the foundations of the Institute for Biology, as it was named in 1994. Chairs in microbiology, physiology of microorganisms, biochemistry of plants, cytology, molecular cell biology and molecular parasitology were added reflecting the impact of modern concepts. Animal physiology, behavioural physiology, sensory physiology as well as applied botany and comparative biology are represented in the institute by groups engaged in active research. The close contacts to the nearby Museum of Natural History is one of the major advantages linking wealth of knowledge in systematic biology and the invaluable collection at this site to programs in research and education. In 1995, an "Innovationskolleg" for theoretical biology was founded and its three groups add another unique and attractive asset to the department.

Quellen: Beiträge zur Entwicklung der Biologie in der Geschichte der Berliner Universität. Wiss. Ztschr. Humboldt-Univ. Berlin, Math.-Nat. Reihe, 34 (1985), H. 3/4.
Höxtermann, E.: Die Biologen der Humboldt-Universität zu Berlin zwischen Illusion und Wirklichkeit (1945 bis 1968). In Girnus, W., K. Meier (Hrsg.): Die Humboldt-Universität Unter den Linden 1945 bis 1990. Zeitzeugen, Einblicke, Analysen. Leipzig: Universitätsverlag 2010, 277-294.

Prof. Dr. Ekkehard Höxtermann, Berlin

DER EINZELER VOM CAMPUS NORD

Im neuen Forschungsbau des Instituts für Biologie, der „Grünen Amöbe“, arbeiten sieben Arbeitsgruppen – umgeben vom historischen Campus.

Der Campus Nord ist immer eine Reise wert. Dass in Berlins Mitte ein architektonisches und landschaftliches Kleinod verborgen ist, wissen mittlerweile viele Berliner. Nun steht auf dem Gelände der ehemaligen Veterinärmedizin ein neues Gebäude: die „Grüne Amöbe“. So nennen jedenfalls die Biologen liebevoll ihr neues Forschungs- und Laborgebäude an der Philippsstraße, das offiziell Rhoda-Erdmann-Haus heißt und am 11. Oktober 2016 feierlich eingeweiht wurde.

Der Spitzname kommt nicht von ungefähr. Der Bau hat eine amorphe Form und seine Metallfassade besteht aus drei unterschiedlichen Grüntönen. „Wir fühlen uns hier alle sehr wohl, ich finde, das Gebäude hat Charakter und unterscheidet sich positiv von den vielen grauen Forschungsbauten, die zwar funktional, aber wenig ansehnlich sind“, sagt Christian Schmitz-Linneweber. Der Professor für Molekulare Genetik ist mit seiner Arbeitsgruppe in das neue Gebäude eingezogen. Insgesamt sieben molekular- und zellbiologisch arbeitende Forschungsgruppen, sowie zwei Nachwuchsgruppen des Instituts für Biologie forschen hier.

Weitere Besonderheiten des Hauses sind, dass das Dach keine Technik beherbergt. Aus Gründen des Denkmalschutzes wurden die riesigen Kühlanlagen in das Untergeschoß verbannt. Hier sind auch unterschiedliche Aufzuchtträume für Bakterien, Hefen oder Pflanzen zu finden, die die Wissenschaftler für ihre Arbeit brauchen. Ein Lichtblick ist das Atrium mit Kunst am Bau. Das Kunstwerk von Kathrin Wegemann erstreckt sich über drei Etagen und symbolisiert einen losen Zellverband. Die großen, schwarzen Flecken verändern bei wechselnden Temperaturen ihre Farbe. Außerdem wird hier auch eine Skulptur der Namenspatronin Rhoda Erdmann ihren Platz finden.

Durch den Neubau, den das Stuttgarter Architekturbüro Bodamer Faber konzipiert, das Land Berlin finanziert und gebaut hat, konnte die Humboldt-Universität ein Gebäude an der Chausseestraße 117 aufgeben, womit auch hohe Mietzahlungen entfallen. „Wir haben vorher im dritten Hinterhof gearbeitet, wo sich nie jemand hin verirrt hat, jetzt sitzen wir viel zentraler und kommen viel schneller mit anderen Arbeitsgruppen in Kontakt“, berichtet Schmitz-Linneweber.

Gegenstand der Bauplanung war aber nicht nur der Neubau, sondern auch ein daneben liegendes historisches Gebäude, das einst als Pferdeklinik diente und nun prosaisch Haus 9 genannt wird. Der nördliche Teil wurde 1836 als medizinische Pferdeklinik von Ludwig Ferdinand Hesse gebaut, der südliche Teil entstand 1874 von Julius Emmerich als Erweiterungsbau der Pferdeklinik. Das Gebäude musste von Grund auf entkernt werden, nur die historischen Fassaden sind geblieben und wurden denkmalgerecht saniert.

Haus neun ist das Reich der Studierenden. Im Erdgeschoß befinden sich fünf Räume mit Praktikumsplätzen. Das Dach, das aufgrund der schlechten Bausubstanz komplett erneuert werden musste, beherbergt Aufenthaltsräume und Arbeitsplätze für Studierende. Finanziert wurde das neue Dach von der Universität – die Senatsbaumaßnahme sah die Sanierung nicht vor.

Die Fassadengestaltung der „Grünen Amöbe“ ist ein Kontrapunkt zu den vielen Klinkerfassaden auf dem Campus Nord. „Auf dem Gelände fallen vor allem drei Baustile ins Auge, der Früh- und Spätklassizismus und die Moderne“, sagt Theodor Hiepe, ein guter Kenner des Campus. Er hatte den Lehrstuhl für Parasitologie von 1961 bis 1995 inne und forscht seit 55 Jahren hier.

Das Schmuckstück des Grundstücks ist ohne Frage das Tieranatomische Theater – von Carl Gotthard Langhans zeitgleich mit dem Brandenburger Tor erbaut. „Anfangs stand der Kuppelbau auf einem sanften Hügel, der ist mittlerweile durch die Bauaktivitäten rundherum verschwunden“, berichtet Hiepe. Der frühklassizistische Bau wurde 1790 eingeweiht – Anlass war die Gründung der Königlichen Tierarzneischule.

Unter dem Druck von Tierseuchen und Massensterben von Rindern und Pferden während des Siebenjährigen Krieges und letztlich der Konkurrenz – in Lyon, Alfort, Wien und Dresden gab es schon Tierarzneischulen – beauftragte König Friedrich II die Einrichtung der Tiermedizin. Friedrichs Leibarzt, Christian Andreas Cothenius, bekam den Auftrag, Konzept, Struktur und Funktion einer veterinärmedizinischen Lehr- und Forschungsanstalt vorzubereiten.

Cothenius Pläne konnten aus finanziellen Gründen zunächst nicht realisiert werden, der Bau erfolgte dann unter Friedrich Wilhelm II. Als Standort wurde der Reußsche Garten ausgewählt, ein etwa neun Hektar großes Gelände – damals vor den nordwestlichen Toren Berlins gelegen.

Seit den Anfängen der Tierarzneischule ist viel Wasser durch die Südpanke geflossen, (sie ist zeitweise auch trocken), die von Nord nach Süd den Garten durchschlängelt. Es sind Klinik-, Instituts-, Stall- und Wohnbauten entstanden und teilweise wieder abgerissen worden. Trotz rasanter städtebaulicher Entwicklungen rundherum ist das Gartenareal aber in nur wenig verändertem Umfang mit historischer Wegführung bis heute erhalten geblieben.

Auf dem denkmalgeschützten Gelände befindet sich neben dem Langhans-Bau und dem Gerlachbau, der zurzeit restauriert wird, ein weiteres Gebäude, das nach den Plänen eines berühmten Berliner Baumeisters, nämlich Karl Friedrich Schinkel, gebaut wurde. Der dreiflügelige klassizistische Bau mit Ehrenhof an der Luisenstraße 56 wurde 1840 – zum 50-jährigen Jubiläum der Tierarzneischule – von Ludwig Ferdinand Hesse errichtet. Das Hauptgebäude der Tierarzneischule diente als Lehr- und Wohnort. An dem vorspringenden Mittelstück befinden sich in zwei Reihen je sechs Medaillons mit modellierten Köpfen. „Das sind die zwölf Apostel der Tiermedizin, berühmte Veterinäre oder Förderer der Tierheilkunde, zu denen Aristoteles als Symbolfigur zählt“, erklärt Hiepe.

Das Hauptgebäude an der Luisenstraße nutzten zu DDR-Zeiten anfangs das Ministerium für Auswärtige Angelegenheiten, später andere staatliche Institutionen. Eine ein Meter hohe Mauer trennte den Bau zum Garten hin von der Tiermedizinischen Fakultät. Im Januar 1990 kam die Stunde der Rückeroberung. „Wissenschaftler und Studierende hatten das Gebäude besetzt und zurückgefordert“, erinnert sich Hiepe an die Zeit, als er als Dekan zum Hausbesetzer wurde. Die Geschichte hatte eine Happy End, das Gebäude ging im Juni anlässlich der 200-Jahrfeier der Fakultät in den Besitz der Humboldt-Universität zurück. Die Veterinärmedizin wurde allerdings entgegen der Empfehlung des Wissenschaftsrates mit der Freien Universität fusioniert und ihr eingegliedert.

Heute hat die Lebenswissenschaftliche Fakultät der HU, zu der auch das Institut für Biologie gehört, ihren Sitz auf dem Campus Nord, und arbeitet auch mit der Charité zusammen. Dieses Zusammenwirken hat historische Wurzeln. „In der Periode der Königlich-Tierärztlichen Hochschule, also von 1887 bis 1934, haben beide Institutionen eng zusammengearbeitet und die vergleichende Medizin weltweit begründet.“ Dass die Grenzen zwischen

Human- und Tiermedizin fließend waren, zeigt auch die Tatsache, dass das Institut für Pathologie der Tiermedizin, Haus 14, von 1882 bis 1884 auf Initiative des Arztes und Pathologen Rudolf Virchow gebaut wurde.

Ein weiteres Gebäude sollte nicht unerwähnt bleiben: Das schlichte Haus zehn repräsentiert die Moderne. Es wurde in den 20er Jahren des 20. Jahrhunderts im Bauhausstil errichtet. Hier waren Apotheke- und Lehrschmiede untergebracht. Das Gebäude steht in direkter Nachbarschaft zum Haus 22, dem Rhoda-Erdmann-Haus.

h. Nikolic

Ljiljana Nikolic
Kommunikation und Publikationen
Stabsstelle Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

WER WAR RHODA ERDMANN?

Die Namenpatronin des neuen Forschungshauses des Instituts für Biologie ist die Wissenschaftlerin **Rhoda Erdmann (1870 - 1935)**. Sie war Biologin, Zellforscherin und Mitbegründerin der experimentellen Zellbiologie in Deutschland.

Von 1903 bis 1908 studierte sie Zoologie, Botanik und Mathematik an den Universitäten Berlin, Zürich, Marburg und München. Sie gehörte zu den ersten Promovendinnen in Deutschland, nachdem ab 1900 das Frauenstudium offiziell möglich wurde. Nach der Promotion arbeitete sie am Institut für Infektionskrankheiten bei Robert Koch. Wegen der schlechten Berufsbedingungen für Wissenschaftlerinnen in Deutschland ging sie 1913 in die USA und war erst am Rockefeller Institute in New York, später an der Yale University in New Haven tätig. 1919 kehrte sie nach Berlin zurück und habilitierte am 28. Juli 1920 als zweite Frau im Fach Zoologie an der Philosophischen Fakultät der Berliner Universität. 1923 wechselte sie zur Medizinischen Fakultät und wurde hier 1929 zur beamteten außerordentlichen Professorin ernannt, und sie war die erste Frau, die ein wissenschaftliches Institut – das „Institut für experimentelle Zellforschung“ – leitete.



Abb. Professor Rhoda Erdmann bei der Arbeit im Labor
Staatsbibliothek zu Berlin - PK
Handschriftenabteilung, Porträtsammlung
Portr. Slg / Med. kl / Erdmann, Rhoda, Nr. 4
Lizenz: CC-BY-NC-SA



Abb. Universitätsprofessorin Frau Dr. Rhoda Erdmann 60 Jahre:
Die Leiterin der Abteilung für experimentale Zellforschung an der Berliner Charite ...
Staatsbibliothek zu Berlin - PK
Handschriftenabteilung, Porträtsammlung
Portr. Slg / Med. kl / Erdmann, Rhoda, Nr. 2
Lizenz: CC-BY-NC-SA

Rhoda Erdmann gründete 1925 die Zeitschrift „Archiv für Experimentelle Zellforschung“ und edierte sie bis zu ihrem Tod. Außerdem war sie an der Gründung der internationalen Gesellschaft für experimentelle Zytologie und dreier Kongresse beteiligt.

Im Frühjahr 1933 wurde sie denunziert und zwei Wochen lang von der Gestapo inhaftiert. Nur dank internationaler Proteste, darunter aus den USA, kam sie vergleichsweise schnell frei. Mehrere ihrer Schüler mussten emigrieren, sie wurde zwangsemertiert und gezwungen, ihr Institut zu verlassen. Am 23. August 1935 starb sie nach längerer Krankheit.

Ihre internationale Anerkennung wird im Nachruf in „Nature“ (No. 136, Oct. 1935) betont.

Quelle: Wikipedia, Frau Annette Vogt.



ATHINA ZOUNI

Biophysik der Photosynthese

<https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/photobiophys>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Grundlage der oxygenen Photosynthese in grünen Pflanzen, Algen und Cyanobakterien sind zwei große, aus vielen Untereinheiten zusammengesetzte Membranprotein-Komplexe, Photosystem I (PSI) und Photosystem II (PSII). Der Sauerstoff in der Atmosphäre wird durch eine lichtinduzierte Oxidation von Wasser in PSII gebildet. Der wasser-oxidierende Komplex (WOC), der einen Mn_4CaO_5 -Cluster enthält, katalysiert die Reaktion: $2 H_2O \rightarrow O_2 + 4 e^- + 4 H^+$. Unser **ultimatives Ziel** ist die Aufklärung des Mechanismus der Wasserspaltung im PSII (Abb. 1).

Dies erfordert die Identifizierung der Substrat-Wassermoleküle sowie beteiligter Aminosäureseitenketten und ihrer Protonierungszustände in definierten Oxidationszuständen des WOC.

Dieses Forschungsprogramm umfasst folgende Bereiche:

1. Züchtung von PSII-Kristallen, Röntgendiffraktionsmessungen der PSII-Kristalle (Holger Dobbek) am Berliner Elektronenspeicherung-Gesellschaft für Synchrotronstrahlung m. b. H. (BESSY),
2. dynamische Röntgendiffraktionsmessungen an PSII-Kristallen mit Femtosekunden-Zeitauflösung unter Verwendung eines Freie-Elektronen-Lasers bei simultaner Messung der Oxidationszustände der Mn-Ionen des Mn_4CaO_5 -Clusters durch Röntgen-Emissionsspektroskopie (Stanford/USA),
3. Untersuchung der Protonen am WOC mit Hilfe von Neutronendiffraktionsmessungen an Makrokristallen (Oak Ridge, USA).

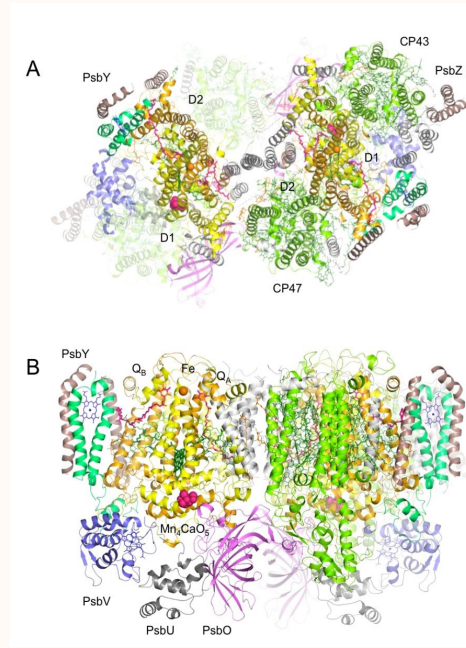


Abb.

Struktur des PSII Dimers aus dem Cyanobakterium *T. elongatus*. Jedes Monomer des dimeren PSII enthält 17 transmembrane und 3 membran-extrinsische Untereinheiten. Ansicht entlang der Membran-normalen basierend auf der neuen Struktur bei 2.44 Å Auflösung. Die Untereinheiten PsbA (D1, gelb) und PsbD (D2, orange) enthalten den Mn_4CaO_5 -Cluster (magenta), das Reaktionszentrum (mit den Chl-a-Pigmenten PD1 und PD2, grün), das Nicht-häm-Eisen (Fe, orange) und Plastochinone (QA und QB, pink). Die Antennenuntereinheiten PsbC (CP43) und PsbB (CP47) (hell grün) sind im linken Monomer weggelassen worden. Die kleinen Untereinheiten PsbY wie auch die extrinsischen Untereinheiten PsbO (pink), Cytochrom c550 (PsbV, blau) und PsbU (grau) wurden gekennzeichnet (aus Ref. 1).

Ausgewählte Publikationen

- Hellmich, J., Bommer, M., Burkhardt, A., Ibrahim, M., Kern, J., Meents, A., Müh, F., Dobbek, H., and Zouni, A. (2014). Native-like Photosystem II Superstructure at 2.44 Å Resolution through Detergent Extraction from the Protein Crystal. *Structure* 22, 1607-1615.
- Ibrahim, M., Chatterjee, R., Hellmich, J., Tran, R., Bommer, M., Yachandra, V.K., Yano, J., Kern, J., and Zouni, A. (2015). Improvements in serial femtosecond crystallography of photosystem II by optimizing crystal uniformity using microseeding procedures. *Struct. Dyn.* 2, 041705

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB1078/ TP A5 (Zouni/Dobbek)

“Structural basis of proton release from the water oxidizing complex in cyanobacterial photosystem II”

In diesem Projekt sind die Schwerpunkte fokussiert auf: Verbesserung der Struktur der PSII-Kristalle, statische und dynamische Röntgendiffraktionsmessungen in Kombination mit anderen spektroskopischen Messmethoden, Neutronendiffraktionsmessungen mit Makrokristallen.



EC UniCat, „Mn-depleted Photosystem II and X-ray analysis”



Der zentrale Fokus in diesem Projekt ist die Aufklärung des lichtinduzierten Auf- und Abbaus des Mn_4CaO_5 -Clusters der wasseroxidierenden Reaktion im PSII.

BMBF Projekt (Zouni/Lockau/Lisdat)

“Basistechnologisches Forschertandem: Nutzung von Sonnenenergie für die Bioelektrokatalyse - Entwicklung von Bioelektrodenstrukturen für die Synthese”

- Isolation, Stabilisierung, Modifikation und Assemblierung von Photosystemen und Photosystemkomponenten in Hybrid-Assemblies zur Photobiokatalyse.

Human Frontier Science Program (HFSP), Projekt (Zouni/Yano)



“Taking snapshots of photosynthetic water oxidation: simultaneous X-ray spectroscopy and crystallography”

Unser Ziel ist die chemische Struktur des WOC und die dynamischen Änderungen am Mn_4CaO_5 -Cluster während der lichtinduzierten Wasserspaltungsreaktion im PSII.





PETER HEGEMANN

Hertie Professur für Neurowissenschaften

Experimentelle Biophysik

<https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/expbp>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Keine anderen biologischen Makromoleküle lassen sich so umfassend charakterisieren auf Zeitskalen von fs bis Minuten (10-15 s to 102 s) wie Licht-aktivierbare photosynthetische Reaktionszentren und sensorische Photorezeptoren.

Unsere Arbeitsgruppe (AG) beschäftigt sich mit der Struktur-Funktionsanalyse natürlicher sensorischer Photorezeptoren aus einzelligen Algen, Pilzen und Bakterien. Aufgrund elektrophysiologischer Studien an der einzelligen Alge *Chlamydomonas reinhardtii* hatten wir vorhergesagt, dass im Augenfleck der Alge lichtaktivierte Ionenkanäle vorkommen, die nach Lichtabsorption extrem schnelle Membrandepolarisation hervorrufen. Im Jahr 2001 konnten wir diese Proteine identifizieren und haben sie Kanalrhodopsine (Channelrhodopsins) genannt.

In den letzten Jahren haben wir diese Proteine sehr detailliert molekular untersucht und viele Varianten mit veränderter Kinetik, Absorption oder Ionenselektivität entwickelt.

Ausgewählte Publikationen

Wietek, J., Wiegert, J.S., Adeishvili, N., Schneider, F., Watanabe, H., Tsunoda, S.P., Vogt, A., Elstner, M., Oertner, T.G., Hegemann, P. (2014) Conversion of Channelrhodopsin into a light-gated chloride channel. *Science* 344, 409 – 412.

Scheib, U., Stehfest, K., Gee, C. E., Körschen, H.G., Fudim, R., Oertner, T. G., and Hegemann, P. (2015) The rhodopsin-guanylyl cyclase of the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii* enables fast optical control of cGMP signaling. *Science Signaling* 8, 389.

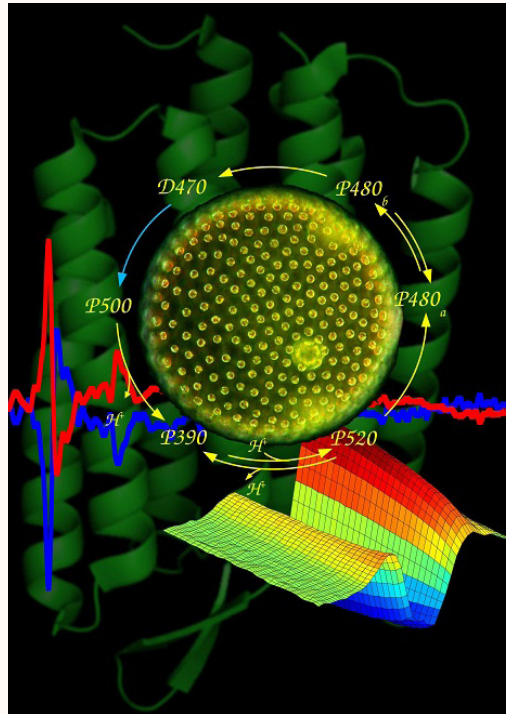


Abb. Kollage mit der Grünalge *Volvox globator*, Photozyklus eines lichtaktivierten Kanalrhodopsins, der 3D-Struktur im Hintergrund, FTIR-Differenzspektrum (rot/ blau) und transientser Absorptionsänderung.

Heute erfreuen sie sich großer Beliebtheit in dem neuen Forschungsgebiet der Optogenetik. Sie werden hier verwendet, um ausgewählte Zellen nicht invasiv mit Licht zu aktivieren. Parallel dazu bearbeiten wir photoaktivierbare Enzyme mit Flavin- oder Rhodopsin-basierten Lichtsensormodulen, um damit in Zellen Botenstoffe cAMP oder cGMP durch Licht zu modulieren.

Zur weiteren Analyse von Photorezeptorfunktionen in Grünalgen selbst, arbeiten wir an der Etablierung der gezielten Genmodifizierung in Algen mittels Zinkfinger-Nukleasen und CRISPR/Cas9.

In unser Arbeitsgruppe arbeitet ein Team aus verschiedenen Fachgebieten mit molekularbiologischen und biochemischen Methoden sowie diversen biophysikalischen Methoden wie Lichtstreuung, Elektrophysiologie, Bildverarbeitung und zeitaufgelöster UV-Vis-Spektroskopie, Infrarotspektroskopie (IR-Spektroskopie) und Proteinkristallisation an einem immer besseren Verständnis sensorischer Photorezeptoren.

Beteiligung an Forschungsverbänden

Sonderforschungsbereich/Transregio 186 (SFB/TR 186) „Molekulare Schalter zur zeitlichen und räumlichen Regulation zellulärer Signaltransmissionsprozesse“

Hier beabsichtigen wir, zusammen mit dem Leibniz-Institut für Molekulare Pharmakologie (FMP), A. Plested, Ca-selektive Licht-aktivierte Ionenkanäle zu entwickeln und in neuronalen Systemen zum Einsatz zu bringen.



European Research Council (ERC)-advanced Grant Charakterisierung von Rhodopsin-Guanylyl-Zyklenen als Mitglieder einer bisher unbekannteren Rhodopsin-Familie.



Im Exzellenzcluster (EC)

„Unifying Concepts in Catalysis (UniCat)“ und im Einsteinzentrum Katalyse bearbeiten wir Licht-aktivierte Enzyme, wie das Histidinkinase-Rhodopsine oder photoaktivierte Zyklenen, mit Flavin-basierten Lichtsensor-Modulen.



SFB 1078

„Proteinaktivierung durch Protonendynamik“

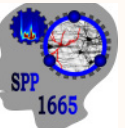
- Untersuchung natürlicher und konfektionierter Licht-aktivierte Ionenkanäle wie Channelrhodopsine und Verwandte.



Schwerpunktprogramm (SPP) 1665

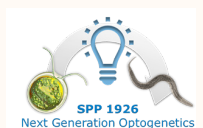
„Resolving and manipulating neuronal networks in the mammalian brain“

Hier arbeiten wir mit dem Zentrum für Molekulare Neurobiologie Hamburg (ZMNH) an optogenetischen Mehrkomponentensystemen zur Analyse Präfrontaler Netzwerke.



Mit dem Einsteinzentrum

„Neurowissenschaften“ und SPP 1926 „Next Generation Optogenetics“ entwickeln wir mit der Charité, B. Rost, Lichtaktivierte Pumpen und Ionenkanäle zum optogenetischen Einsatz in Zell-Kompartimenten.





ANDREAS HERRMANN

Molekulare Biophysik

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/molbp/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Molekulare Biophysik analysiert die molekularen Mechanismen sowohl des Eindringens von Hüllviren, zum Beispiel Influenza-, Hanta- und Ebolaviren, in die Wirtszelle als auch die Bildung und Abknospung neuer Viren von der infizierten Zelle. Dabei werden neben verschiedenen spektroskopischen Methoden moderne Verfahren der hochauflösenden Fluoreszenzmikroskopie und Kraftspektroskopie angewendet, die Untersuchungen unmittelbar an lebenden, infizierten Zellen und einzelnen Viren gestatten.

Mit innovativen Firmen im Berliner Raum werden komplexe biophysikalische Methoden für die Untersuchung der Virus-Zell-Wechselwirkung adaptiert bzw. entwickelt. Gemeinsam mit Chemikern, Physikern und Virologen wird die 3D-Struktur viraler Proteine aufgeklärt und multivalente antivirale Substanzen entwickelt.

Ausgewählte Publikationen

Sieben, C., Kappel, C., Zhu, R., Wozniak, A., Rankl, C., Hinterdorfer, P., Grubmüller, H., Herrmann, A. (2012) Influenza virus binds its host cell using multiple dynamic interactions. Proc Natl Acad Sci U S A. 109:13626-13631

Mair, C.M., Meyer, T., Schneider, K., Huang, Q., Veit, M., Herrmann, A. (2014) A histidine residue of the influenza virus hemagglutinin controls the pH dependence of the conformational change mediating membrane fusion. J. Virol., 88, 13189-13200.

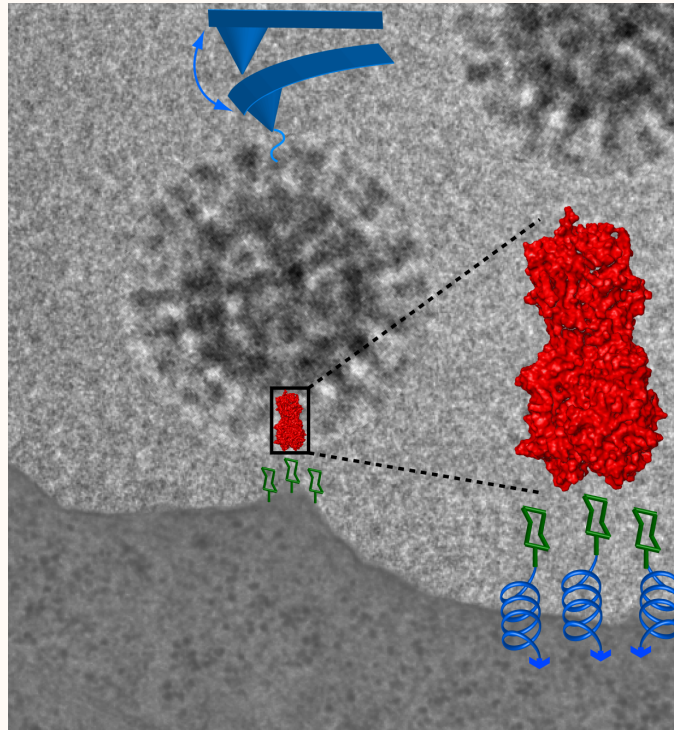


Abb. Die Abbildung zeigt ein Influenzavirus, das mit seinen Spikeproteinen Hämagglutinin an die Zellmembran einer Wirtszelle (unten) bindet. Ein Spikeprotein ist in seiner molekularen Struktur (rot) dargestellt. Rezeptoren der Zelloberfläche (grün) sind schematisch hervorgehoben. Um die Bindungskraft zu messen, wurde im Experiment an den Viren mit einer Feder (blau) gezogen und dabei die Abreißkraft gemessen.

Urheberrecht Abbildung: Dr. Christian Sieben

Beteiligung an Forschungsverbänden

Einstein-Stiftung Netzwerk

“Single molecule RNA biology - dynamics and function of RNA from transcription to degradation” (Kordinator)



- Assemblierung segmentierter viraler RNA Genome

Bildungsministerium für Bildung und Forschung (BMBF):

eBio: ViroSign - Influenza Systems Virology - Molecular Signatures of Permissive Virus Infection (Kordinator)

- Wirtszellschaltstellen für eine erfolgreiche Infektion

SFB 765

„Multivalency as chemical organisation and action principle: New architectures, functions and applications“



- Entwicklung multivalenter antiviraler Substanzen

SFB 740

„Von Molekülen zu Modulen: Organisation und Dynamik zellulärer Funktionseinheiten“



- Wechselspiel viraler Proteine beim Eintritt und Bildung von Viren

Koordination der Europäischen Förderung von Forschung an Infektionskrankheiten (EU Infect-ERA):



HantaHunt - Structure and function analyses of the Hantavirus envelope glycoproteins and their role in virus assembly, virus entry and immune recognition, as novel targets for antiviral treatment (Kordinator)

- Rolle der viralen Spikeproteine bei der Assemblierung von Hantaviren.



Biophysik



EDDA KLIPP

Theoretische Biophysik

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/theorybp/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Wie antwortet eine Zelle optimal auf Stress? Welche Enzyme bestimmen die Flüsse durch ein Stoffwechselnetzwerk? Welchen Anteil haben verschiedene Kanäle an Ionenflüssen? Wie kommunizieren Einzeller bei der Paarung? Welche Rolle spielt der osmotische Druck beim Zellwachstum?

Um solche Fragen der Regulation zellulärer Prozesse beantworten zu können, entwickelt die AG Theoretische Biophysik dynamische mathematische Modelle. Die Methoden umfassen die Beschreibung mit gewöhnlichen und partiellen Differentialgleichungen, Theorie dynamischer Systeme, Parameterschätzung aus experimentellen Daten und Sensitivitätsanalysen. Es werden auch diskrete Netzwerkmodelle, agenten- oder regelbasierte Modellierungsansätze sowie die Spieltheorie angewendet.

Ausgewählte Publikationen

Klipp E, Liebermeister W, Wierling C, Kowald A. 2016. Systems Biology. A Textbook. (second revised edition) Wiley-Blackwell, Weinheim, 504 p., ISBN: 978-3-527-33636-4

Gerber S, Fröhlich M, Lichtenberg-Fraté H, Shabala S, Shabala L, Klipp E. (2016) A Thermodynamic Model of Monovalent Cation Homeostasis in the Yeast *Saccharomyces cerevisiae*. PLoS Comput Biol. 12(1):e1004703.

Die Hefe *Saccharomyces cerevisiae* ist der wichtigste Modellorganismus. Hier messen wir die Dynamik von Genexpression oder Zellzyklus in Einzelzellen und Zellpopulationen auch experimentell, zum Beispiel mit Fluoreszenzmikroskopie und einem Microfluidicssystem. In Kooperation mit Experimentatoren entwickeln wir auch mathematische Modelle für Wirts-Pathogen-Beziehungen oder für die Regulation des Stoffwechsels in Krebszellen.

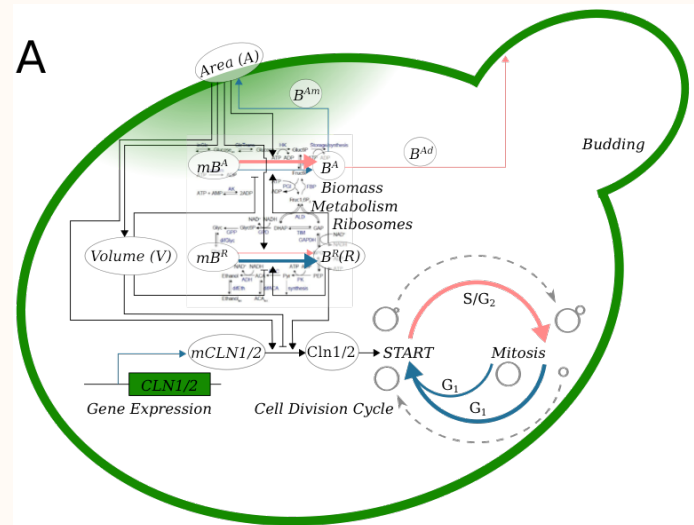


Abb. Schematische Darstellung wichtiger Prozesse für das Wachstum von Hefezellen: Nährstoffaufnahme über die Zellmembran und Biomassensynthese im Zellvolumen regulieren gemeinsam die Koordination zwischen dem Fortschreiten des Zellzyklus und dem Zellwachstum.

Aus Spiesser et al., FEBS J (2012).

Beteiligung an Forschungsverbänden

Graduiertenkolleg (GRK) 1772
„Computergestützte Systembiologie“



SFB 740

„Von Molekülen zu Modulen: Organisation und Dynamik zellulärer Funktionseinheiten“



SFB/TR 175

„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimatation bei Pflanzen“



In diesem transdisziplinären Projekt soll chloroplastidäre Genexpression, insbesondere RNA- Protein Interaktion molekular und quantitativ untersucht werden. Innerhalb des Konsortiums wird versucht, den Chloroplasten als Sensor und Koordinator von Akklimatisierungsprozessen zu verstehen.

BMBF 031A303C - SysToxxChip

„Design of multi-organ chips to test toxicities of xenobiotics on human liver and kidney“

Europäische Union (EU)

Marie Curie Netzwerk 642836 “Protein Factory - Engineering of New-Generation Protein Secretion Systems”



EU Marie Curie Netzwerk 675585

“SymBioSys: Systematic Models for Biological Systems Engineering Training Network”



Einstein-Stiftung Netzwerk

“Single molecule RNA biology - dynamics and unction of RNA from transcription to degradation”

<http://www.iri-lifesciences.de/en/EinsteinNetzwerk.html>





KERSTIN KAUFMANN

Angewandte Botanik

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/botanik/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Pflanzen sind in ihrem gesamten Lebenszyklus in der Lage, neue Organe und Zelltypen zu generieren. Diese faszinierende Eigenschaft basiert auf der Funktion von Stammzellen, welche in sogenannten Meristemen in Spross und Wurzel lokalisiert sind.

Unsere Forschung beschäftigt sich mit der Frage, wie die Zell- und Organdifferenzierung in der Pflanze auf molekularer Ebene ‚kodiert‘ wird, und wie dieser Code im Laufe der Entwicklung und in Abhängigkeit von Umweltfaktoren abgelesen wird.

Unser Modellsystem ist die Blütenentwicklung in *Arabidopsis thaliana* und nahe verwandten Arten. Wir studieren die Funktionsweise von homöotischen Transkriptionsfaktoren, welche in höhergeordneten Proteinkomplexen die verschiedenen Typen von Blütenorganen (Kelch-, Kron-, Staub- und Fruchtblätter) spezifizieren. Wir charakterisieren deren genregulatorische Netzwerke, und das Zusammenspiel mit epigenetischen Mechanismen der molekularen Genregulation.

Außerdem interessiert uns, wie sich die genregulatorischen Netzwerke im Laufe der Pflanzenevolution verändern.

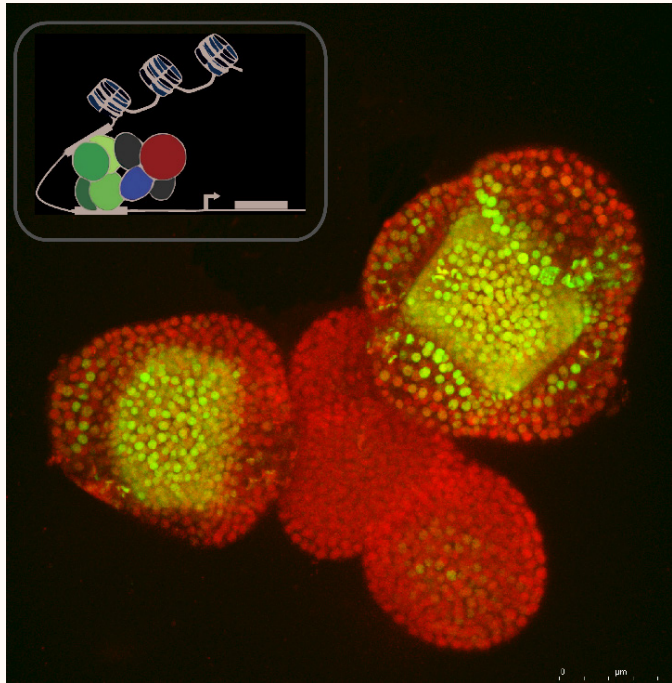


Abb. Große Ansicht: Expression eines GFP-markierten floral homöotischen Transkriptionsfaktors in frühen Stadien des Blütenmeristems in *Arabidopsis*.

Kleine Ansicht: Modell eines Proteinkomplexes gebildet aus vier verschiedenen floral homöotischen Proteinen und Kofaktoren, welches an zwei DNA-Bindestellen im Genom bindet und so die Zielgen-Expression reguliert.

Ausgewählte Publikationen

Kaufmann, K., A. Pajoro and G.C. Angenent: Regulation of transcription in plants: mechanisms controlling developmental switches. *Nature Reviews Genetics*, Dec 2010. 11(12): p. 830-842.

Pajoro A., P. Madrigal, J.M. Muiño, J.T. Matus, J. Jin, M.A. Mecchia, J.M. Debernardi, J.F. Palatnik, S. Balazadeh, M. Arif, D.S. Ó'Maoiléidigh, F. Wellmer, P. Krajewski, J.L. Riechmann, G.C. Angenent and K. Kaufmann: Dynamics of chromatin accessibility and gene regulation by MADS-domain transcription factors in flower development. *Genome Biology*. 2014. 15:R41.

Beteiligung an Forschungsverbänden

DFG-ANR-Projekt (Kooperation mit Francois Parcy und Chloe Zubieta, CNRS Grenoble)

Im Rahmen dieser Kooperation werden Chromatin-Wechselwirkungen von Transkriptionsfaktoren mit Schlüsselfunktionen in der Blühinduktion auf molekularer Ebene untersucht.

Sofja-Kovalevskaja-Projekt der Alexander-von-Humboldtstiftung (seit Ende 2012)

In diesem Projekt werden die molekularen Mechanismen der Genregulation in der pflanzlichen Entwicklung untersucht. Modellsystem ist die Blütenentwicklung in der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* und nah verwandten Pflanzenarten.

TR Berlin – Heidelberg “Mitose”

Koordiniert von Ann Ehrenhofer Murray.

ERA-CAPS-Projektantrag „The Genetic Basis for Robustness in Flowering Plants”

Kooperativer Projektantrag mit Brendan Davies, Leeds University (UK), Karin Koehl, MPI-MP Potsdam-Golm und Hansjoerg Stampfl, Austrian Institute of Technology (AUT)





KURT ZOGLAUER

Botanik und Arboretum

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/arboretum/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

In der Arbeitsgruppe Botanik und Arboretum werden zwei unterschiedliche Forschungsschwerpunkte bearbeitet:



Abb. Foto: Heidrun Kostial, Arbeitsgruppe Botanik und Arboretum

Ausgewählte Publikationen

Zoglauer K, Behrendt U, Rahmat A, Ross H & Taryono (2003) Somatic embryogenesis – the gate to biotechnology in conifers. Pp. 175-202 in: Laimer M & Rücker W (eds.) Plant Tissue Culture 100 years since Gottlieb Haberlandt. Springer, Wien.

Köhler E (2014) Buxaceae. Pp. 1-124 in: Greuter W (ed.) Flora de la República de Cuba, Se-ries A: Plantas Vasculares, Fascículo 19: Buxaceae, Lauraceae, Theophrastaceae. Ko-eltz Scientific Books, Königstein.

Die Gruppe „Entwicklungsbiologie“ (Berlin-Mitte) befasst sich mit den Grundlagen und der Anwendung der somatischen Embryogenese bei klonal schwer vermehrbaren Pflanzenarten, vor allem wirtschaftlich wichtigen Nadelbaumarten, wie zum Beispiel Lärchen- und Tannenarten und -hybriden, aber auch gärtnerisch interessanten Orchideenarten.



Abb. Foto: Heidrun Kostial, Arbeitsgruppe Botanik und Arboretum

Die Gruppe „Systematische Botanik“ (Arboretum der Humboldt-Universität zu Berlin in Berlin-Baumschulenweg) beschäftigt sich mit der Diversität, Systematik, Morphologie und Evolution der Pflanzen, insbesondere der Gefäßsporenpflanzen. Geographisch konzentrieren sich die Arbeiten auf das tropische Afrika und den karibischen Raum. Die Gruppe ist an der Erstellung großer Florenwerke beteiligt. Weitere Aufgaben betreffen die öffentliche Umweltbildung und den Naturschutz.

Beteiligung an Forschungsverbänden

Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR)

Dendromax: Entwicklung und Einführung biotechnologischer Verfahren zur Züchtung, Produktion und Verwendung von Hochleistungssorten ausgewählter Baumarten. Basierend auf der traditionellen Forstpflanzenzüchtung werden Verfahren entwickelt und umgesetzt, um Hochleistungssorten bei den Baumarten Hybridlärche, Douglasie, Hybridtannen und Aspe zu schaffen und zu testen.

OptiTanne: Entwicklung und Testung eines technologischen Prozesses für die klonale Massenvermehrung, Anzucht und Klonbewertung bei *Abies nordmanniana*, BMBF

Bei der Nordmantanne und weiteren attraktiven Tannenarten werden spezifische Methoden der klonalen Vermehrung über somatische Embryogenese konzipiert und getestet, um Klonsorten mit spezifischer Eignung für die Weihnachtsbaumproduktion zu schaffen.

Klonidee: Entwicklung neuartiger biotechnologisch gestützter Züchtungs- und Produktionsverfahren für Frauenschuh-Orchideen (*Cypripedium*, *Paphiopedilum*), BMBF

Frauenschuhorchideen insbesondere aus den Gattungen *Cypripedium* und *Paphiopedilum* haben eine große gärtnerische und wirtschaftliche Bedeutung als exklusive und langlebige Zierpflanzen im Freiland (*Cypripedium*) und in der Wohnung (*Paphiopedilum*, *Phragmopedium*). Klassische gärtnerische Verfahren der klonalen Massenvermehrung sind ineffizient oder nicht möglich. Die bei *Cypripedium* bereits erfolgreich ausgebaute und angewandte somatische Embryogenese zur Klonsortenentwicklung soll auch bei den tropischen Gattungen Anwendung finden.

Comité Científico Nacional para la Flora de Cuba

Auf Kuba existieren ungefähr 6.500 Gefäßpflanzenarten, über die Hälfte davon sind endemisch. Die „Flora de Cuba“ erfasst erstmals diese Diversität. Durch ausführliche Beschreibungen und Bestimmungsschlüssel wird sie für Forscher und Entscheidungsträger zugänglich. Das Florenprojekt wird vom Botanischen Garten und Botanischen Museum Berlin-Dahlem koordiniert.

Comité de Rédaction de la Flore d'Afrique centrale

Die „Flore d'Afrique centrale“ erfasst ungefähr 12.000 Arten von Gefäßpflanzen der Demokratischen Republik Kongo, Rwanda und Burundi. Sie macht diese Diversität erstmals durch ausführliche Beschreibungen und Bestimmungsschlüssel für Forscher und Entscheidungsträger zugänglich. Koordiniert wird das Florenprojekt vom Botanischen Garten Meise (Belgien).





KRISTINA KÜHN

Molekulare Zellbiologie der Pflanzen

<https://www.biologie.hu-berlin.de/en/gruppenseiten-en/plantcellbio>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Pflanzen besitzen in ihren Zellen zwei energiewandelnde Organellen, Mitochondrien und Chloroplasten, als Orte der Zellatmung beziehungsweise der Photosynthese. Beide Organellen haben eigene kleine Genome, deren korrekte Expression für den pflanzlichen Energiestoffwechsel sowie das Wachstum und die Entwicklung der Pflanzen unerlässlich sind.

Die AG Molekulare Zellbiologie der Pflanzen untersucht die Mitochondrienbiogenese und -funktion im pflanzlichen Modellorganismus *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand). Schwerpunkte der Forschung sind die Expression, insbesondere die Transkription, des mitochondrialen Genoms, die Biogenese des oxidativen Phosphorylierungssystems und die Regulation der Mitochondrienbiogenese zur Anpassung an Energiemangelbedingungen.

Ausgewählte Publikationen

Kühn, K., Obata, T., Feher, K., Bock, R., Fernie, A.R., and Meyer, E.H. (2015). Complete mitochondrial complex I deficiency induces an upregulation of respiratory fluxes that is abolished by traces of functional complex I. *Plant Physiol.* 168, 1537-1549.

Kühn, K., Richter, U., Meyer, E.H., Delannoy, E., Falcon de Longevialle, A., O'Toole, N., Börner, T., Millar, A.H., Small, I.D., and Whelan, J. (2009). Phage-type RNA polymerase RPOTmp performs gene-specific transcription in mitochondria of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 21, 2762-2779.



Abb. links: Arabidopsis-Pflanzen mit gestörter Funktion der Mitochondrien (12 Töpfe links und in der Mitte) sind im Vergleich zu normalen Arabidopsis-Pflanzen (4 Töpfe ganz rechts) in ihrer Entwicklung beeinträchtigt.

Abb. rechts: Mitochondrien können mit Hilfe einer Dichtegradientenzentrifugation aus Pflanzenextrakten isoliert werden. Sie bilden eine helle Bande im unteren Drittel des Zentrifugenröhrchens.

Aufgrund der evolutionären Verwandtschaft der Transkriptionsapparate von Mitochondrien und Chloroplasten interessieren wir uns außerdem für die Transkription des plastidären Genoms. Unsere Forschung nutzt verschiedene Methoden aus den Bereichen Molekularbiologie, Genetik, Zellbiologie, Biochemie und Physiologie.

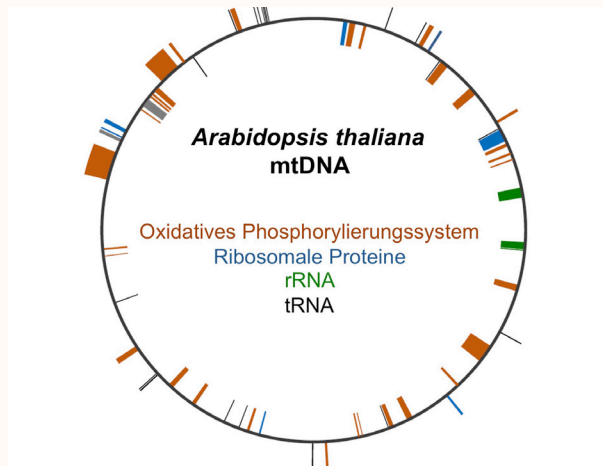


Abb. Das mitochondriale Genom (mtDNA) von Arabidopsis, hier anhand eines zirkulären Modells dargestellt, kodiert für einige Untereinheiten des oxidativen Phosphorylierungssystems, wenige ribosomale Proteine, Transfer-RNA (tRNAs) und ribosomale RNA (rRNAs).

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB/TR 175

„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimation bei Pflanzen“



Zusammen mit 18 anderen Teilprojekten wird die überraschende Rolle von Chloroplasten als Sensor und Signalgeber von Akklimationsvorgängen analysiert. Das Konsortium bedient sich dabei vor allem quantitativer biologischer Verfahren und hat zum Ziel, die Komplexität chloroplastidärer Funktionen in der Akklimation auf Temperatur- und Lichtveränderungen mittels systemischer Modelle abzubilden.

Initiative „Plant Mitochondria In New Light“

Nachwuchsgruppen in Deutschland erforschen in koordinierten Projekten den pflanzlichen Energiestoffwechsel, insbesondere die Biologie pflanzlicher Mitochondrien im Kontext der Photosynthese.



Botanik



BERNHARD GRIMM

Pflanzenphysiologie

<https://www.biologie.hu-berlin.de/en/gruppenseiten-en/plantphys/home>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die AG Pflanzenphysiologie beteiligt sich mit verschiedenen Schwerpunkten an der Forschung moderner Pflanzenphysiologie. Diverse experimentelle Methoden aus den Bereichen Biochemie, Genetik, Molekularbiologie und Zellbiologie werden in Forschung und der Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses eingesetzt. Mit anderen Arbeitsgruppen der molekularen Pflanzenwissenschaften vereint die Pflanzenphysiologie das Interesse an der Erforschung der einzigartigen Leistungen und Funktionen pflanzlicher Zellen, wie der pflanzliche Primärstoffwechsel, die Tetrapyrrolbiosynthese und die Photosynthese.

Die Arbeitsgruppe interessiert sich für die intrazelluläre Kommunikation zwischen dem Zellkern und den beiden Organellen, Chloroplast und Mitochondrium und beschäftigt sich mit der Regulation des pflanzlichen Saccharose-Transports.

Ausgewählte Publikationen

Czarnecki O, Hedtke B, Melzer M, Rothbart M, Richter A, Schroter Y, Pfanschmidt T, Grimm B (2011) An Arabidopsis GluTR binding protein mediates spatial separation of 5-aminolevulinic acid synthesis in chloroplasts. *Plant Cell* 23 (12): 4476-4491

Apitz J, Nishimura K, Wolf A, Hedtke B, van Wijk KJ, Grimm B (2016) Posttranslational control of ALA synthesis includes GluTR degradation by Clp protease and stabilization by GluTR-binding protein. *Plant Physiol* 170: 2040-2051



Abb. Teilausschnitte aus dem Dachgewächshaus. Tabakpflanzen
Foto: Andreas Richter

Die AG Pflanzenphysiologie ist mit diversen inhaltlichen Schwerpunkten an verschiedenen Studiengängen des Instituts für Biologie beteiligt. Grundlagen der Pflanzenphysiologie werden im Monobachelor Biologie gelehrt, während moderne Methoden der molekularen und genetischen Analyse pflanzlicher Systeme in den Masterstudiengängen „Molekulare Lebenswissenschaften“ sowie „Organismische Biologie und Evolution“ vermittelt werden. Für fortgeschrittene Studenten und Doktoranden werden Progressseminare organisiert, in denen die eigenen Projekte und eingesetzten Methoden vorgestellt werden.

Leiter:
Bernhard Grimm

Sekretariat:
Magdalena Marek

Wissenschaftliches Personal:
Boris Hedtke
Josephine Herbst
Daniel Hey
Christina Kühn
Andreas Richter
Maria Rother
Mike Patrick Schall
Judith Schmied
Peng Wang
Daniel Wittmann

Technisches Personal:
Aleksandra Hackel
Heidmarie Schneider
Kersten Träder

Sonstiges Personal:
Angelika Pötter

Studenten:
Tingting Fan
Shahrazad Grundler
Caroline Hochheuser
Zhiwei Hou
Alexandra Kwast
Jakob Müller
Michael Roese
Lena Roling
Rebekka Wittrahm

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB/TR 175

„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimation bei Pflanzen“



Zusammen mit 18 anderen Teilprojekten wird die überraschende Rolle von Chloroplasten als Sensor und Signalgeber von Akklimationsvorgängen analysiert. Das Konsortium bedient sich dabei quantitativer biologischer Verfahren und hat zum Ziel, die Komplexität chloroplastidärer Funktionen in der Akklimation auf Temperatur- und Lichtveränderungen mittels systemischer Modelle abzubilden.

FOR 2092/ Laufzeit 2014 - 2020

„Biogenesis of thylakoid membranes: Spatiotemporal organization of photosynthetic protein complex assembly“



Wissenschaftler aus sechs Institutionen befassen sich mit der Biogenese von Thylakoidmembranen und dem Prozess der Photosynthese. In der Molekularen Genetik, der Biochemie und -physik forschend, untersuchen wir den Prozess der Entstehung funktionaler Thylakoidmembranen.

SPP 1530

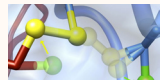
„Flowering time control: from natural variation to crop improvement“



Innerhalb unseres Teilprojektes (TP) planen wir die Identifizierung und Charakterisierung der an der Blüh- und Knolleninduktion beteiligten Signaltransduktionswege auf molekularer Ebene. Sie stellen multifaktoriell gesteuerte Entwicklungsprozesse dar, die sowohl durch endogene, als auch durch exogene Parameter beeinflusst werden. Uns interessieren dabei u. a. Integrationsstellen, an denen diese Signalwege mit dem Metabolismus der Pflanze koordiniert werden.

SPP 1710

„Dynamics of Thiol-based Redox Switches in Cellular Physiology“



Es ist beabsichtigt, 1. *in vitro* die redox-aktiven Thiolgruppen konservierter Cysteine der Zielproteine zu bestimmen, die einen Einfluss auf Aktivität und die Stabilität dieser Enzyme haben, und 2. *in planta* die physiologischen Auswirkungen der Synthese von transgenen Cystein-Substitutionsmutanten in einer jeweiligen Arabidopsis knock-out-Mutanten für jedes der Enzyme auf den Gesamtstoffwechselweg, die Photosynthese und die Chloroplastenentwicklung im Vergleich zur Wildtypkontrolle zu untersuchen.





ANNETTE UPMEIER ZU BELZEN

Fachdidaktik und Lehr-/Lernforschung Biologie

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/biodidaktik>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Didaktik der Biologie ist die Wissenschaft des Lehrens und Lernens biologischer Inhalte und Arbeitsweisen. Zentraler Forschungsschwerpunkt ist die Kompetenzmodellierung und -erfassung im Bereich naturwissenschaftlicher Erkenntnismethoden bei Schülerinnen und Schülern, Studierenden und Lehrerinnen und Lehrern (BMBF-Verbund KoKoHs). Die Fragestellungen werden mit Methoden der empirischen Sozialforschung bearbeitet. Experimentelle Interventionsstudien knüpfen daran an und untersuchen die Wirksamkeit von Förderkonzepten sowie konkreten Lehr-/Lernangeboten. Der Transfer von Ergebnissen dieser international anschlussfähigen Grundlagenforschung in die schulische Praxis erfolgt durch Publikationen, Schulungen sowie über das Humboldt-ProMINT-Kolleg, in dem die MINT^{1]}-Fachdidaktiken u. a. am Entwicklungsverbund „Schülerlabore als Lehr-/Lernlabore“ (Deutsche Telekom Stiftung) mitarbeiten. Vor dem Hintergrund des Bedarfs an wissenschaftlicher Expertise in Schule, Hochschule und Bildungsadministration ist die Nachwuchsförderung ein zentrales Anliegen, was durch das strukturierte Promotionsprogramm ProMINTion adressiert wird.

1] Mathematik, Informatik, Naturwissenschaften und Technik

Ausgewählte Publikationen

Stiller, J., Hartmann, S., Mathesius, S., Straube, P., Tiemann, R., Nordmeier, V., Krüger, D., & Upmeier zu Belzen, A. (2016). Assessing scientific reasoning: a comprehensive evaluation of item features that affect difficulty. *Assessment & Evaluation in Higher Education*, 41:5, 721-732, DOI: 10.1080/02602938.2016.1164830

Hartmann, S., Upmeier zu Belzen, A., Krüger, D., & Pant, H. A. (2015). Scientific reasoning in higher education: Constructing and evaluating the criterion-related validity of an assessment of pre-service science teachers' competencies. *Zeitschrift für Psychologie*, 223, 47-53. DOI: 10.1027/2151-2604/a000199

Interdisziplinäres Zentrum für Bildungsforschung (IZfB)

Direktorium: Annette Upmeier zu Belzen, Matthias Ziegler, Florian Waldow
<https://zentrum-bildungsforschung.hu-berlin.de/de/izbf/standardseite>:

Aufgabe des Zentrums ist es, Fragestellungen der Bildungsforschung im interdisziplinären Zusammenhang theoretisch und empirisch zu bearbeiten und die Ergebnisse der Forschung anschlussfähig für die Bemühungen um eine Verbesserung von Bildungssystemen, Bildungsprozessen und -angeboten sowohl in Deutschland als auch im Rahmen internationaler Kooperationsprogramme oder Organisationen zu präsentieren.

Unter dieser Zielsetzung sollen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 33 Mitgliedsarbeitsgruppen geistes-, sozial- und naturwissenschaftlicher Disziplinen in sich ergänzender theoretischer und methodischer Orientierung neue, methodisch anspruchsvolle Formen der Kooperation entwickeln und stetig verbessern. Das Zentrum soll die Qualifizierung des wissenschaftlichen Nachwuchses für die Bildungsforschung intensiv fördern, z. B. durch die Mitwirkung an der stärkeren Strukturierung der Doktorandenausbildung, und sowohl in den bereits etablierten Bachelor- und Masterstudiengängen als auch in neu einrichtenden Ausbildungsmöglichkeiten, z. B. der wissenschaftlichen Weiterbildung, das Angebot der Lehre erweitern.



Foto: Bernd Prusowski Exponate aus fachdidaktischer Sammlung

Forschungsverbünde mit Beteiligung der FD Biologie

„Kompetenzmodelle und Instrumente der Kompetenzerfassung im Hochschulsektor – Validierungen und methodische Innovationen“ (KoKoHs, <http://www.kompetenzen-im-hochschulsektor.de>): Im Rahmen des BMBF-Forschungsprogramms ist das wissenschaftliche Transferprojekt für die nationale und internationale, hochschulübergreifende Koordinierung von Forschungsvorhaben im Bereich der Validierung und methodischen Innovation von „Kompetenzmodellen und Instrumenten der Kompetenzerfassung im Hochschulsektor“ verantwortlich. In Kooperation mit der Freien Universität Berlin wurde Ko-WADiS^{1]} als eines von 23 in der ersten Phase und wird ValDiS^{2]} derzeit als eines von 15 in der zweiten Phase geförderten Projekten mit einem Volumen von insgesamt etwa 1,5 Mio. Euro realisiert.

„Vom Schülerlabor zum Lehr-Lern-Labor“ (Entwicklungsverbund Lehr-Lern-Labore; <https://www.promint.hu-berlin.de/lehr-lern-labor>): Mit Förderung durch die Deutsche Telekom Stiftung widmen sich das Humboldt-ProMINT-Kolleg und die Freie Universität Berlin als Projektleitung mit den Universitäten in Kiel, Koblenz-Landau, Münster und Oldenburg der Frage, wie Hochschulen ihre Schülerlabore zu Lehr-Lern-Laboren weiterentwickeln und curricular ins Lehramtsstudium einbetten können. Dabei sollen Lehramtsstudierende frühzeitig Erfahrung im praktischen Unterricht sammeln. Im Bereich der Nachwuchsförderung bietet das Kolleg das Strukturierte Promotionsprogramm ProMINTion an, das aus Mitteln des Zukunftskonzeptes der Exzellenzinitiative der Humboldt-Universität zu Berlin finanziert wird. Die Stiftung fördert derzeit neun weitere Universitäten in bundesweit drei Netzwerken mit ihren Konzepten zur MINT-Lehrerausbildung und investiert in dieses Vorhaben insgesamt 4 Mio. Euro.

- 1] Kompetenzmodellierung und -erfassung zum Wissenschaftsverständnis über naturwissenschaftliche Arbeits- und Denkweisen bei Studierenden (Lehramt) in den drei naturwissenschaftlichen Fächern Biologie, Chemie und Physik
- 2] Kompetenzmodellierung und -erfassung: Validierungsprojekt zum wissenschaftlichen Denken im naturwissenschaftlichen Studium





REGINE HENGGE

Mikrobiologie

<http://biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/mikrobiologie/hengge>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die ganze Welt und auch wir selbst sind besiedelt von Bakterien. Wir brauchen sie, um gesund zu bleiben, nützen sie in der Biotechnologie, aber einige machen uns auch krank. Fast überall bilden Bakterien dabei Biofilme – Aggregate aus Milliarden von miteinander kommunizierenden Bakterienzellen, die sich mit einer schützenden Matrix umgeben, die aus Polysacchariden (z. B. Zellulose) sowie aus Proteinfasern besteht, von denen manche Alzheimer-Plaques zum Verwechseln ähnlich sehen. Versteckt in ihren Biofilmen sind Bakterien resistent gegen Antibiotika und auch unser Immunsystem kann sie nicht beseitigen. So können sie Wunden und Implantate infizieren und chronische Infektionskrankheiten verursachen, gegen die Antibiotika nicht mehr wirken.

In unserer Arbeitsgruppe werden die molekularen Mechanismen erforscht, welche die Bildung der Matrixsubstanzen und die faszinierend komplexe Architektur von bakteriellen Biofilmen kontrollieren und den unterschiedlichen Bedingungen in der Umgebung der Bakterien gezielt anpassen.

Untersuchungsobjekt ist das Darmbakterium *Escherichia coli*, das sowohl in harmlosen als auch gefährlichen krankheitserregenden Varianten vorkommt. Im Fokus stehen dabei die molekularen Prozesse, durch die das Signalmolekül c-di-GMP in fast allen Bakterien die Biofilmbildung steuert. Ziel der Untersuchungen ist es auch, Antibiofilmwirkstoffe, die z. B. chronische Wundinfektionen wieder durch Antibiotika behandelbar machen, zu identifizieren und in ihrem Wirkungsmechanismus zu verstehen.

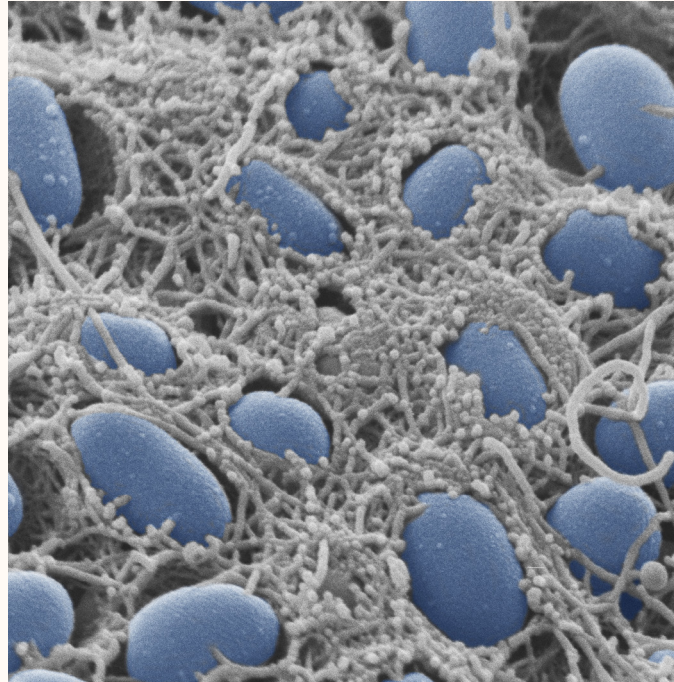


Abb. Rasterelektronenmikroskopische Darstellung der Oberfläche eines Biofilms von *E. coli* (Zellen in blau, Matrix in grau)

Ausgewählte Publikationen

Lindenberg, S., Klauck, G., Pesavento, C., Klauck, E., Hengge, R. (2013) The EAL protein YciR is a trigger enzyme in a c-di-GMP signaling cascade in *E. coli* biofilm control. *EMBO J.* 32, 2001-2014.

Richter, A.M., Povolotsky, T.L., Wieler, L.H., Hengge, R. (2014) C-di-GMP signaling and biofilm-related properties of the Shiga toxin-producing 2011 German outbreak *Escherichia coli* O104:H4. *EMBO Mol. Med.* 6, 1622-1637.

Beteiligung an Forschungsverbänden

Exzellenzcluster: „Bild Wissen Gestaltung - ein interdisziplinäres Labor“

In diesem interdisziplinären Zusammenschluss von Geistes-, Natur- und Technikwissenschaften sowie den Gestaltungsdisziplinen Design und Architektur beschäftigen wir uns mit der Architektur und Morphogenese bakterieller Biofilme als ein Beispiel „aktiver Materie“.



Cluster-Initiative PathoBlock

In diesem berlinweiten Verbund untersuchen wir zusammen mit Chemikern, Materialwissenschaftlern und Medizinern die Struktur- und Funktionseigenschaften der Biofilmmatrix, sowie die Möglichkeiten, die Matrixbildung chemisch zu verhindern.

GRK 1673 - Internationales GRK

„Functional Molecular Infection Epidemiology“

Auf der Basis von bakteriellen Genomsequenzen werden hier Variationen und Evolution der Signaltansduktion durch c-di-GMP und der Biofilmbildung in verschiedenen bakteriellen Stämmen und Spezies vergleichend untersucht.



SPP 1617

„Phenotypic Heterogeneity and Sociobiology of Bacterial Populations“

Hier werden deterministisch und stochastisch wirkende molekulare Kontrollprozesse erforscht und mathematisch modelliert, die zur heterogenen Matrixverteilung in bakteriellen Biofilmen führen.



SPP 1879

„Nucleotide Second Messenger Signaling in Bacteria“

Im Focus unseres Projekts stehen molekulare Mechanismen der Signalwahrnehmung und -weiterleitung bei Synthese, Abbau und Wirkung des sekundären Botenstoffs c-di-GMP im Rahmen der Biofilmkontrolle.





THOMAS EITINGER

Beschreibung des Arbeitsgebietes

„Energy-coupling factor (ECF)“-Transporter sind ein vor wenigen Jahren beschriebener neuartiger Typus innerhalb der großen Familie von Aufnahmesystemen mit ATP-Bindekassette (ABC-Transporter). Die ECF-Transporter wurden von uns in Zusammenarbeit mit Kolleginnen und Kollegen aus den Niederlanden, aus Russland und aus den U.S.A. als in Bakterien und Archaeobakterien weit verbreitete Gruppe von Aufnahmesystemen für Vitamine, Metallionen und weitere Mikronährstoffe beschrieben. In einigen grampositiven humanpathogenen Bakterien sind ECF-Vitamin-Aufnahmesysteme essenziell, weil jene Organismen diese lebensnotwendigen Substanzen nicht selbst herstellen können, sondern vom Wirt beziehen müssen.

Unsere gegenwärtigen Arbeiten verfolgen das Ziel, die Dynamik des bisher beispiellosen Mechanismus von ECF-Transportern, der eine Drehbewegung des substratbindenden integralen Membranproteins innerhalb der Membran um 90° einschließt, zu verstehen. Wir verpacken hierzu verschiedene, zuvor gereinigte ECF-Transporter in kleine Fettscheibchen, sogenannte „Nanodisks“, in denen sich die verschiedenen Teilprozesse während der Substrattranslokation mit biochemischen und biophysikalischen Methoden untersuchen lassen.

Die Arbeiten werden durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft gefördert und zusammen mit Kollaborationspartnern innerhalb und außerhalb Berlins durchgeführt.

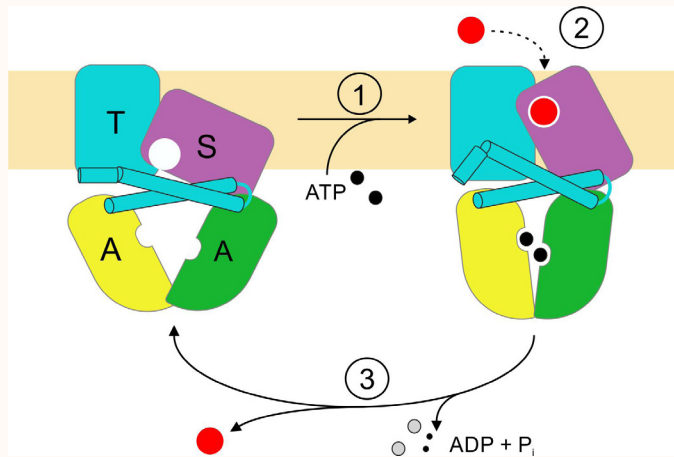


Abb. Arbeitsmodell zum Mechanismus von „Energy-coupling factor (ECF)“-Transportern. Gezeigt ist die heterooligomere Organisation eines typischen ECF-Transporters. In Schritt 1 binden die beiden auf der cytoplasmatischen Seite der Membran gelegenen ATPasen (A) je ein Molekül ATP. In der Folge führen scherenartige Bewegung dreier Kopplungshelices in der membrangebundenen T-Komponente zu einer Rotation der substratbindenden S-Komponente, wodurch in Schritt 2 die Substratbindestelle von außen zugänglich wird. Nach ATP-Hydrolyse in Schritt 3 rotiert die S-Komponente zurück in den Ausgangszustand. Die Substratbindetasche öffnet sich und entlässt das Substrat in das Cytoplasma. (Modifiziert nach Finkenwirth, F., Eitinger, T. 2015. Journal of Biological Chemistry 290:16929-16942, doi: 10.1074/jbc.M115.654343).

Ausgewählte Publikationen

Rodionov, D.A., P. Hebbeln, A. Eudes, J. ter Beek, I.A. Rodionova, G.B. Erkens, D.J. Slotboom, M.S. Gelfand, A.L. Osterman, A.D. Hanson and T. Eitinger. 2009. A novel class of modular transporters for vitamins in prokaryotes. *J. Bacteriol.* 191:42-51.

Finkenwirth, F., M. Sippach, H. Landmesser, F. Kirsch, A. Ogienko, M. Grunzel, C. Kiesler, H.-J. Steinhoff, E. Schneider, and T. Eitinger. 2015. ATP-dependent conformational changes trigger substrate capture and release by an ECF-type biotin transporter. *J. Biol. Chem.* 290:16929-16942.

Beteiligung an Forschungsverbänden

DFG-Sachbeihilfe

„Dynamik der Untereinheiteninteraktionen in ECF-Transportern“



Im Rahmen eines DFG-Paketantrages wird mit biochemischen (u. a. Rekonstitution gereinigter Membranproteinkomplexe in Nanodisks) und biophysikalischen (Fluoreszenztechniken, gepulste EPR) Methoden die Dynamik des sehr ungewöhnlichen Transportmechanismus von ECF-Transportern, der die komplette Drehung eines Membranproteins einschließt, analysiert.

Partner der HUB: A. Herrmann, E. Schneider;
externe Partner: Prof. Dr. Heinz-Jürgen Steinhoff
(Universität Osnabrück).

DFG-Sachbeihilfe (Beginn: 2017)

„Mechanismus metallspezifischer ECF-Transporter“



ECF-Transporter für Ni²⁺- bzw. Co²⁺-Ionen enthalten zusätzliche Untereinheiten, welche für die Beladung oder Entladung der S-Komponenten mit dem jeweiligen Metall verantwortlich sind. Das Wechselspiel dieser Komponenten mit dem Metallion und dem Kern-Transporter wird durch biochemische und biophysikalische (Co²⁺-EPR, gepulste EPR nach Spinmarkierung, NMR) und strukturelle Techniken untersucht.

Partner der HUB: A. Lange, B. Martins, E. Schneider;
externe Partner: Prof. Dr. Heinz-Jürgen Steinhoff

Sonstige Wirtschaftsunternehmen

„Inhibition of ammonia emissions from manure through inhibition of nickel uptake into microbial cells“ (geplanter Beginn in 2017) Die Arbeiten beschäftigen sich mit einem Teilaspekt des vom dänischen Ministerium für Umwelt und Ernährung geförderten Verbundprojekts ManUREA Technology, Koordinator: H. Karring, Universität Süd-Dänemark). Übergeordnetes Ziel ist die Reduktion schädlicher Ammoniak-Emissionen, die durch bakterielle Urease-Aktivität in (Schweine)-Gülle hervorgerufen werden. Da Ureasen Nickel-Ionen in ihrem aktiven Zentrum besitzen, ist die Nickel-Aufnahme in Bakterien ein potenziell zielführender Angriffspunkt. Externer Partner: H. Karring (Universität Süd-Dänemark).





CHRISTIAN SCHMITZ-LINNEWEBER

Molekulare Genetik

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/molgen/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Mitochondrien und Chloroplasten gehen auf Endosymbiosen zurück, die vor mehr als einer Milliarde Jahren den Grundstein für den Erfolg eukaryotischer Zellen lieferten. Die Genome dieser Organellen sind massiv geschrumpft und es verbleiben nur wenige, dafür aber essentielle Gene. Es ist bisher nur in den seltensten Fällen gelungen, die regulierten Schritte in der Expression dieser Gene zu bestimmen.

Die AG Molekulare Genetik versucht, kernkodierte Faktoren zu identifizieren, die an der Genregulation in Organellen beteiligt sind. Im Fokus sind besonders RNA-Bindeproteine (RBPs), deren Funktion wir mittels revers-genetischen, biochemischen und RNA-biologischen Techniken bestimmen. Unser Hauptuntersuchungsobjekt sind Organellen von Landpflanzen, deren hochkomplexer RNA-Metabolismus in regulatorischer Hinsicht kaum verstanden ist.

Daneben analysieren wir organelläre RBPs in Plasmodium, dem Erreger der Malaria. Schließlich interessieren wir uns für die Rolle von nichtkodierenden RNAs als Regulatoren der Genexpression in verschiedenen eukaryotischen Organellen.

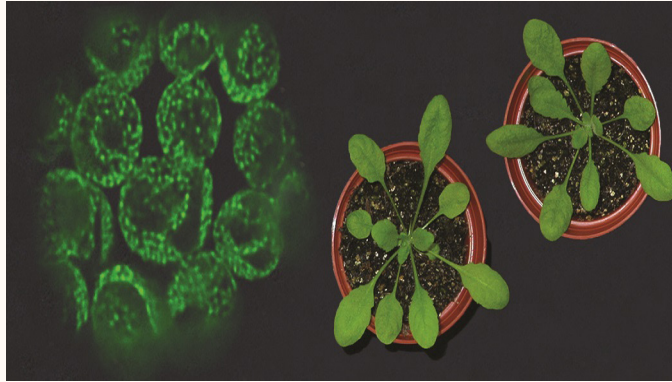


Abb. links: Lokalisation eines plastidären RNA Bindeproteins mittels Immunfluoreszenz. Copyright: Stephanie Gathmann

Abb. rechts: Arabidopsis thaliana, die Ackerschmalwand.
Copyright: Julia Legen; Humboldt-Universität zu Berlin

Ausgewählte Publikationen

Kupsch C, Ruwe R, Gusewski S, Tillich M, Small I, Schmitz-Linneweber C (2012) Arabidopsis chloroplast RNA binding proteins CP31A and CP29A associate with large transcript pools and confer cold stress tolerance by influencing multiple chloroplast RNA processing steps. *Plant Cell*. 2012 Oct;24(10):4266-80.

Zoschke R, Nakamura M, Liere K, Sugiura M, Börner T, and Schmitz-Linneweber C. (2010) An Organellar Maturase Associates with Multiple Group II Introns. *Proc Natl Acad Sci USA* 107:3245-3250.

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB/TR 175

„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimation bei Pflanzen“



Zusammen mit 18 anderen Teilprojekten wird die überraschende Rolle von Chloroplasten als Sensor und Signalgeber von Akklimationsvorgängen analysiert. Das Konsortium bedient sich dabei vor allem quantitativer biologischer Verfahren und hat zum Ziel, die Komplexität chloroplastidärer Funktionen in der Akklimation auf Temperatur- und Lichtveränderungen mittels systemischen Modellen abzubilden.

EU Konsortium



„Ageing with elegans“

„Ageing with elegans“ ist ein von der Europäischen Kommission gefördertes Projekt innerhalb des Horizon 2020 Forschungs- und Innovationsprogramms. Das Konsortium wird den Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* (C. elegans) als Modell für die Erforschung von Faktoren etablieren, die entscheidend für die gesunde Alterung sind. Es werden evidenz-basierte Strategien zur Prävention, Diagnose und Therapie innerhalb des Themenkomplexes „Gesundes Altern“ entwickelt.

Einstein Netzwerk „Single Molecule RNA Biology“



Die Forschungsgruppe beschäftigt sich mit Ribonukleinsäuren. Mit Einzelmolekülmessungen und Hochdurchsatzverfahren soll bestimmt werden, wie die für die Weitergabe genetischer Information zuständigen RNA-Moleküle in die zellulären Regulierungsnetzwerke integriert sind.





ANN EHRENHOFER-MURRAY

Molekulare Zellbiologie

<http://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/cellbio>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Eukaryote Zellen verpacken ihre Desoxyribonukleinsäure (DNA) in Chromatin, um sie im Zellkern zu organisieren und die korrekte Aufteilung des genetischen Materials während der Zellteilung zu gewährleisten. Gleichzeitig reguliert das Chromatin den Zugriff auf die DNA während der Genexpression, der Replikation und der DNA-Reparatur. Unterschiede in der Chromatinverpackung bestimmen, wo und wann die Gene exprimiert werden und welche Genomregionen durch ihre Chromatinverpackung konstant ausgeschaltet bleiben (*Gene Silencing*).

Wir untersuchen, wie die Basiselemente des Chromatins, die Histone, durch Enzyme posttranslational modifiziert werden (zum Beispiel Acetylierung, Methylierung), und wie dies die Bindungseigenschaften von übergeordneten Chromatinfaktoren und die Chromatinfunktion reguliert.

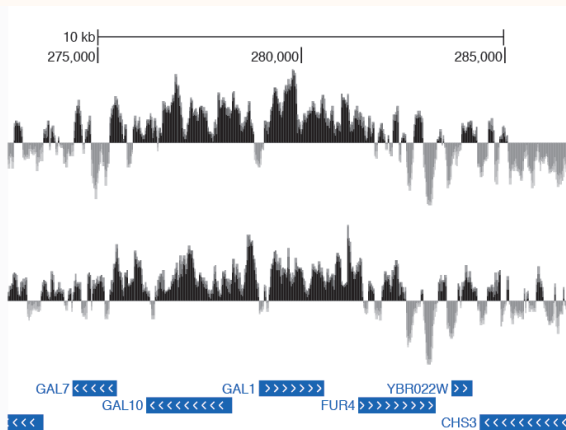


Abb. Bestimmung der Acetylierung von Histon H4 Lysin 16 mittels Chromatin-Immunpräzipitation am GAL1/ GAL10 Gen von *Saccharomyces cerevisiae*

Als Modellsysteme nutzen wir vorwiegend *Saccharomyces cerevisiae* (Bäckerhefe), *Schizosaccharomyces pombe* (Spalthefe) sowie *Drosophila*.

Molekulare Einsichten in die epigenetische Chromatinregulation sind wichtig, um dadurch Möglichkeiten des medikamentösen Eingriffs bei Erkrankungen zu identifizieren.

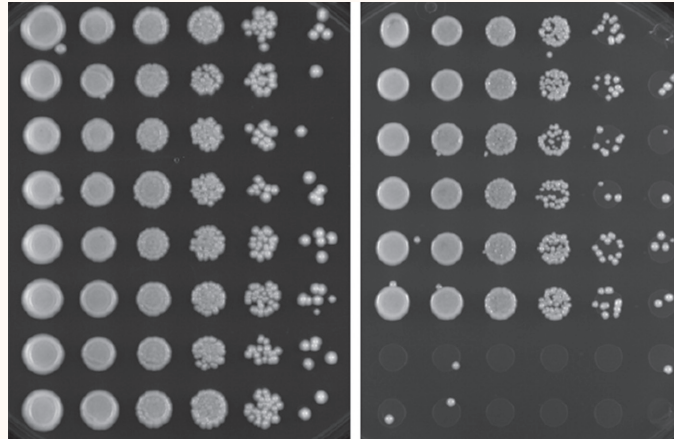


Abb. Serielle Verdünnungen von *Saccharomyces cerevisiae* zur Bestimmung der Wachstumseigenschaften auf verschiedenen Nährstoffquellen.

Ausgewählte Publikationen

Samel, A., Cuomo, A., Bonaldi, T., A. E. Ehrenhofer-Murray (2012) Regulation of kinetochore integrity by methylation of CenH3 arginine 37 in yeast. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012 Jun 5;109(23):9029-34

Ehrentraut, S. Hassler, M., Oppikofer, M., Kueng, S., Weber, J. M., Mueller, J. W., Gasser, S. M., Ladurner, A. G. and A. E. Ehrenhofer-Murray (2011) Structural basis for the role of the Sir3 AAA+ domain in silencing: Interaction with Sir4 and unmethylated histone H3K79. *Genes Dev* Sep 1, 2011; 25 (17), 1835 - 4

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB 740

„Von Molekülen zu Modulen: Organisation und Dynamik zellulärer Funktionseinheiten“

Dieser Forschungsverbund untersucht funktionelle Module, d. h. Einheiten aus zellulären Makromolekülen, die notwendig sind, um eine autonome Funktion zu erfüllen. Dabei werden dynamische Netzwerke von transient interagierenden Molekülen sowie Module aus stabilen makromolekularen Komplexen in einem multidisziplinären Ansatz untersucht.



SPP 1784

„Chemische Biologie natürlicher Nukleinsäuremodifikationen“

In diesem Forschungsverbund werden chemische Modifikationen an DNA- und RNA-Molekülen sowie deren biologische Funktion in einem interdisziplinären Ansatz mittels chemischer, biochemischer und molekulargenetischer Methoden untersucht.



www.spp1784.uni-mainz.de

Integratives Forschungsinstitut für Lebenswissenschaften (IRI)



Das IRI für Lebenswissenschaften an der Humboldt-Universität zu Berlin, das in der Kollaboration mit der Charité-Universitätsmedizin und dem Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin Berlin-Buch (MDC) gegründet ist, verfolgt innovative biomedizinische Forschung mit einer zwischendisziplinären und interinstitutionellen Annäherung.





WOLFGANG UCKERT

Molekulare Zellbiologie und Gentherapie

<https://www.mdc-berlin.de/uckert>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die adoptive T-Zelltherapie (ATT) bei Tumorerkrankungen erfordert die Herstellung antigenspezifischer T-Lymphozyten (T-Zellen), die in der Lage sind, Tumorzellen zu erkennen und zu zerstören. Während die Anwendung von tumorinfiltrierenden T-Zellen zur Therapie ausgewählter Tumore einen gewissen therapeutischen Erfolg zeigt, stellen T-Zellen, die mit den Genen für antigenspezifische T-Zellrezeptoren (TZR) bzw. chimäre Antigenrezeptoren (CAR) verändert wurden, die Grundlage für eine breite Anwendung der ATT dar. Unsere Arbeitsgruppe hat sich auf verschiedene Aspekte im Rahmen der ATT fokussiert:

1. Modifikation von T-Zellen mit TZR- und CAR-Genen, um diese für die ATT bei Tumor-, Virus- und Autoimmunerkrankungen in klinischen Studien einzusetzen,
2. Entwicklung von präklinischen Mausmodellen zur Analyse der therapeutischen Effizienz genetisch modifizierter T-Zellen und von Sicherheitsmodulen zur Verhinderung von Nebenwirkungen in der ATT,
3. Optimierung von viralen und nicht-viralen Vektorsystemen für eine effiziente genetische Modifikation von T-Zellen.

Ausgewählte Publikationen

Bunse, M., Bendle, G. M., Linnemann, C., Bies, L., Schulz, S., Schumacher, T. N., Uckert, W. (2014). RNAi-mediated TCR knockdown prevents autoimmunity in mice caused by mixed TCR dimers following TCR gene transfer. *Molec. Ther.* 22 (11): 1983-1991.

Leisegang, M., Kammertoens, T., Uckert, W*, Blankenstein, T*. (2016) Targeting human melanoma neoantigens by T cell receptor gene therapy *J. Clin. Invest.* 126 (3): 854-858, (*equal contribution).

Leiter: Wolfgang Uckert	Sekretariat: Erika von Bühler
Wissenschaftliche Mitarbeiter: Mario Bunse Elisa Kieback Matthias Leisegang Felix Lorenz	Technische Assistenten: Carolin Genehr Janina Hauchwitz Christin Hesse Kordelia Hummel Michaela Naschke Christina Schulz
Studenten: Julian Clauß Krystyna Dudaniec Inan Edes Jana Kauffmann Christoph Kemna Maria Lietz Peter Meyerhuber Josephine Reinhardt	

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB/TR 36

In zwei Projekten des SFB/TR 36 beschäftigen wir uns mit Sicherheitsaspekten der ATT mit TZR genmodifizierten T-Zellen (A12) und unterstützen andere Gruppen bei der Herstellung TZR genetisch veränderter T-Zellen (Z1).



SFB 650

Im Teilprojekt 26 verändern wir die Antigen-spezifität von natürlichen regulatorischen T-Zellen (Treg) durch Gentransfer von TZR- und CAR-Sequenzen. Treg sollen dann als zelluläres Therapeutikum zur Suppression von unerwünschten Immunreaktionen eingesetzt werden. Wir untersuchen, welche Charakteristika die protektive Funktion der antigenspezifischen Rezeptoren bestimmen.



Berlin Institute of Health (BIH)
Collaborative Research Grant



Im Teilprojekt 4 analysieren wir die Sensitivität und Spezifität von TZR, die in transgenen Mäusen, die ein diverses humanes TZR-Repertoire und HLA-A2 besitzen, durch Immunisierung mit mutationsspezifischen Antigenen erzeugt werden; Kooperation T. Blankenstein, Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC). Wir charakterisieren die Fähigkeit der T-Zellen, Tumore in einem MHC-transgenen, präklinischen Mausmodell abzustoßen.

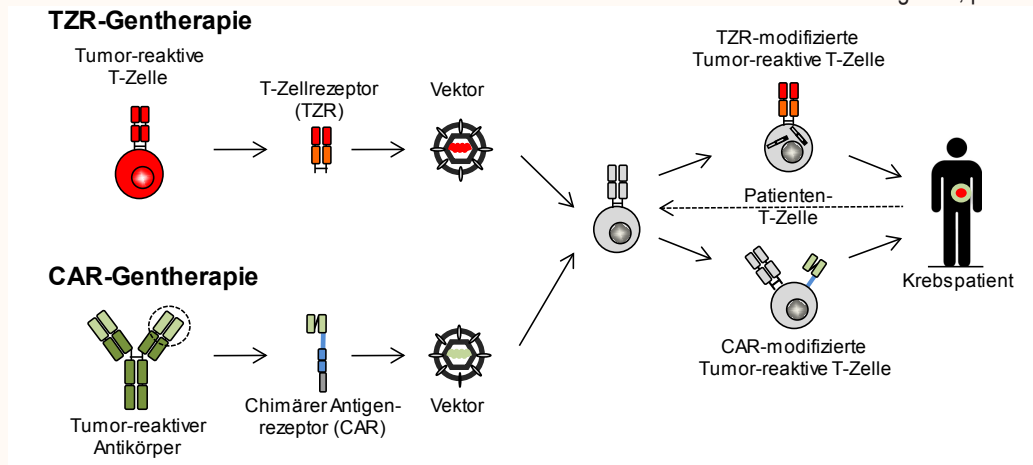


Abb. Schematische Darstellung der verschiedenen Schritte der TZR- und CAR-Gentherapie. T-Zellen werden einem Krebspatienten entnommen und *ex vivo* mit Vektoren verändert, die die Sequenzen von TZR- bzw. CAR-Genen enthalten, sodass sie in der Lage sind, Tumorzellen zu erkennen und zu zerstören. Die TZR- bzw. CAR-modifizierten T-Zellen werden dann expandiert und dem Patienten infundiert.



Mikrobiologie, Molekularbiologie
und Biochemie



ERWIN SCHNEIDER

Physiologie der Mikroorganismen (Bakterienphysiologie)

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/baktphys/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Struktur und Funktion mikrobieller ABC-Importsysteme

Mitglieder der Familie der ABC (ATP-Binding-Cassette)-Transporter, die sowohl in pro- als auch in eukaryotischen Zellen vorkommen, sind an einer Vielzahl von Im- und Exportprozessen beteiligt, wobei ATP als Energiequelle verwendet wird. Dazu zählen u. a. auch medizinisch relevante Proteine, wie CFTR („Mukoviszidose“) und P-Glykoprotein („Multiresistenz von Krebszellen“).

An Beispielen kanonischer (Bindeprotein-abhängiger) ABC-Transporter zur Aufnahme einfacher Substrate wie Zucker oder Aminosäuren bei verschiedenen Prokaryoten werden grundlegende Fragestellungen zur Struktur und Funktion von ABC-Transportern als auch spezielle Regulationsphänomene untersucht.

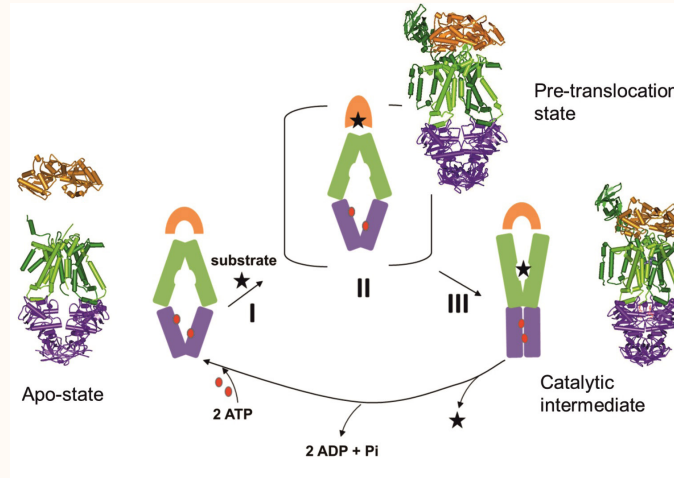


Abb. Modell des Transportzyklus' von ABC-Importsystemen (Typ I).

Ausgewählte Publikationen

Böhm, S., Licht, A., Wuttge, S., Schneider, E., and Bordignon, E. (2013)
Conformational plasticity of the type I maltose ABC importer.
Proc Natl Acad Sci (USA) 110, 5492-5497.

Yu, J., Ge, J., Heuveling, J., Schneider, E., and Yang, M. (2015)
Structural basis for substrate specificity of an amino acid ABC transporter.
Proc Natl Acad Sci (USA) 112, 5243-5248.

Beteiligung an Forschungsverbänden

DFG-Sachbeihilfe

„Analyse der Kopplung zwischen Substratbindung und ATP-Hydrolyse in kanonischen homo- und heterodimeren Aminosäure-ABC-Importsystemen“



DFG-Sachbeihilfe

„Konformationelle Dynamik und Regulation von Typ I ABC-transporter für Maltose aus Bakterien“



Mikrobiologie, Molekularbiologie
und Biochemie



LEONIE RINGROSE

Quantitative Biologie der Eukaryotischen Zelle

https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppen/eukaryquantbio_portal

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Der Fokus unserer Arbeit liegt auf der epigenetischen Regulation durch Proteine der Polycomb- (PcG) und Trithorax (TrxG)-Gruppen. Gemeinsam mit Enhancern sorgen diese hochkonservierten Proteine genomweit für eine präzise Transkription. Dabei regulieren PcG und TrxG auf antagonistische Art und Weise hunderte, für die Entwicklung entscheidende Gene, indem sie einen unterdrückten (PcG) oder aktiven Zustand (TrxG) der Transkription aufrechterhalten. Ein Verlust oder fehlerhafte Expression dieser essentiellen regulatorischen Proteine kann zu Fehlern in der Entwicklung oder zu Krebs führen.

Ausgewählte Publikationen

Herzog VA, Lempradi A, Trupke J, Okulski H, Altmutter C, Ruge F, Boidol B, Kubicek S, Schmauss G, Aumayr K, Ruf M, Pospisilik A, Dimond A, Senegin HB, Vargas ML, Simon JA, Ringrose L.

A strand-specific switch in noncoding transcription switches the function of a Polycomb/Trithorax response element.

Nat Genet. 2014 Sep;46(9):973-81. doi: 10.1038/ng.3058. Epub 2014 Aug 10. PMID:25108384

Steffen PA, Ringrose L. What are memories made of? How Polycomb and Trithorax proteins mediate epigenetic memory.

Nat Rev Mol Cell Biol. 2014 May;15(5):340-56. doi: 10.1038/nrm3789.

Review. PMID: 24755934

Unsere Arbeitsgruppe nutzt eine Kombination aus quantitativem „Live Imaging“ in lebenden Zellen, mathematischer Modellierung, computergestützten Methoden sowie Techniken der Molekular- und Entwicklungsbiologie in der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster*.

Ziel ist die quantitative *in vivo* Aufklärung der Interaktion von PcG und TrxG mit dem Chromatin.

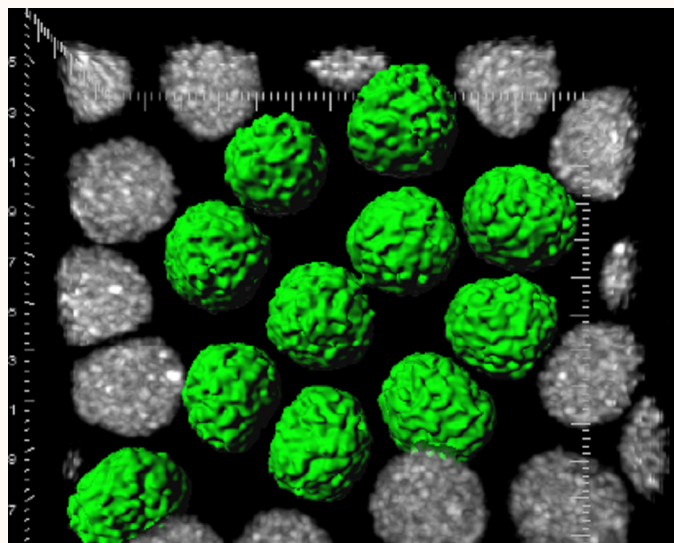


Abb. Live Imaging eines fluoreszenzmarkierten Polycomb-Protein im lebenden *Drosophila* Embryo. Quelle: Joao Fonseca, AG Ringrose, IMBA, Wien, unveröffentlicht.

Beantragte Forschungsverbünde

Transregio (TR) Berlin – Heidelberg „Mitose“
Koordiniert von Ann Ehrenhofer Murray.

Marie Curie ITN „Mathematics of Epigenetics“
Koordiniert von Leonie Ringrose



Mikrobiologie, Molekularbiologie
und Biochemie



HOLGER DOBBEK

Strukturbiologie und Biochemie

<https://www.biologie.hu-berlin.de/en/gruppenseiten-en/strukturbio>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Bakterien und Archaea besitzen die Fähigkeit Kohlenmonoxid, Kohlendioxid sowie zahlreiche Schadstoffe als Kohlenstoff- oder Energiequelle zu verwenden. Dazu nutzen sie komplexe Metalloenzyme, die diese wenig reaktiven Moleküle umsetzen und Reaktionen unter den milden zellulären Bedingungen katalysieren, die im chemischen Labor nur mit wertvollen Katalysatoren unter hohen Drücken und Temperaturen ablaufen. Wie die metallhaltigen Enzyme dies erreichen, ist kaum verstanden.

Wir nutzen neben den allgemeinen Methoden der Proteinchemie und Molekularbiologie die Proteinkristallstrukturanalyse, um die molekulare Energieumwandlungen zu untersuchen.

Die Erkenntnisse sollen helfen die Grundlagen katalytischer Prozesse und die natürliche Evolution von Enzymen besser zu verstehen, sowie neue (Bio-)Katalysatoren zur energieeffizienten Nutzung von Kohlendioxid und Kohlenmonoxid und den Abbau von Schadstoffen zu entwickeln.

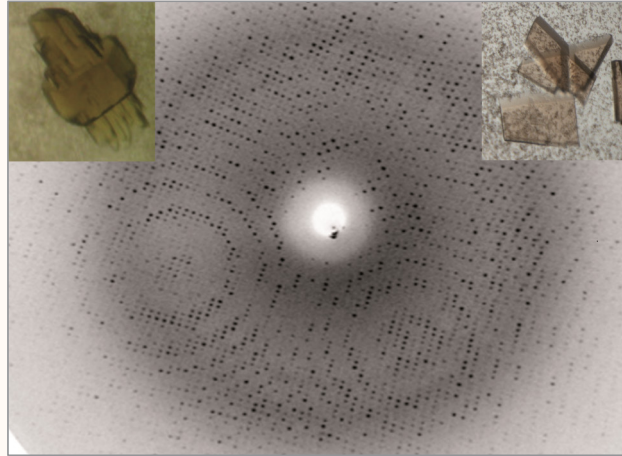


Abb. Der Aufbau von Metalloenzymen kann mittels Röntgenstrukturanalyse im Detail bestimmt werden. Dazu wird die Beugung von Röntgenstrahlen an Enzymkristallen (oben links und rechts) aufgezeichnet und ausgewertet.

Ausgewählte Publikationen

Fessler J, Jeoung JH, Dobbek H. How the [NiFe₄S₄] Cluster of CO Dehydrogenase Activates CO₂ and NCO⁻. *Angew Chem Int Ed Engl* 2015; 54, 8560-8564.

Bommer M, Kunze C, Fessler F, Schubert T, Diekert G, Dobbek H. Structural Basis for Organohalide Respiration. *Science*. 2014; 346, 455–458

Beteiligung an Forschungsverbänden

DFG-Sachbeihilfe
„Methyltransfer-Reaktionen im reduktiven
Acetyl-Coenzym A Weg“



EC UniCat

Im Exzellenzcluster UniCat betrachten wir mit unseren Kooperationspartnern an der Technischen und Freien Universität Berlin den Mechanismus von CO/CO₂-umsetzenden Enzymen durch eine Kombination von spektroskopischen, biochemischen und theoretischen Methoden. Dabei wollen wir Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen künstlichen (chemisch synthetisierten) und biologischen Katalysatoren (Enzymen) analysieren, sowie die Voraussetzungen für die unübertroffene Energieeffizienz CO₂-reduzierender Enzyme verstehen.



SFB 1078

„Proton dynamics in proton function“

Gemeinsam mit der AG Biophysik der Photosynthese untersuchen wir im SFB 1078 die strukturellen Details der Wasser-Oxidation und Protonendynamik im Photosystem II. Photosystem II katalysiert die lichtabhängige Oxidation von Wasser an einem Ca- und Mn-haltigen Metallzentrum als Teil der Photosynthese. Obwohl der Großteil des atmosphärischen molekularen Sauerstoffs durch die Wasseroxidation am Photosystem II entstanden ist, ist der Mechanismus der Reaktion immer noch kaum verstanden.



SPP 1927

„Iron-Sulfur for Life“

Im SPP 1927 „Iron-Sulfur for Life“ gehen wir der Frage nach, wie die komplexen, Ni-, Fe- und S-haltigen Metallzentren der CO₂- und CO-umsetzenden Enzyme durch homologe ATPasen in Bakterien und Archaeen assemblieren. Wir konnten zeigen, dass der Einbau von Ni in die Metallzentren ATP-abhängig erfolgt und wollen nun den Mechanismus des Metalleinbaus aufklären.





DIRK BROCKMANN

Epidemiologische Modellierung von Infektionskrankheiten

<http://rocs.hu-berlin.de/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Wir beschäftigen uns mit der mathematischen und rechnergestützten Modellierung komplexer dynamischer Phänomene in den Lebenswissenschaften. Schwerpunkte unserer Arbeit sind Ausbreitungsphänomene auf Netzwerkstrukturen, wie z. B. der globalen Ausbreitung neuartiger Krankheitserreger wie Zika, Ebola, pandemischer Influenza auf dem weltweiten Flugverkehrsnetz aber auch der Dynamik übertragbarer Krankheiten auf Kontaktnetzwerken. In unserer Forschung wollen wir zum Beispiel verstehen, welche Aspekte eines Ausbreitungsphänomens durch welche Eigenschaften eines zugrundeliegenden Netzwerkes hervorgerufen werden. Wir entwickeln dazu Algorithmen um diese oftmals versteckten Strukturen in den Netzwerken zu identifizieren. Ausserdem entwickeln wir komplexe Computersimulationen, um reale Ausbreitungsphänomene quantitativ zu beschreiben und in Anwendungen vorherzusagen. Wir verfolgen einen stark transdisziplinären Ansatz und verwenden Methoden aus der theoretischen Physik, Biologie, Soziologie, Informatik und insbesondere der Theorie komplexer Netzwerke.

Ausgewählte Publikationen

Dirk Brockmann & Dirk Helbing, The hidden geometry of complex, network-driven contagion phenomena, *Science* 342, 1337. (2013)

Dirk Brockmann, Lars Hufnagel, Theo Geisel, The scaling laws of human travel, *Nature* 439, 462 (2006)

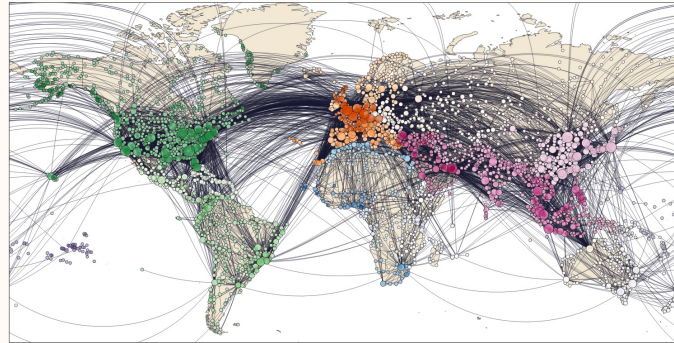


Abb. Das weltweite Flugverkehrsnetz ist Basis für Computersimulationen der globalen Ausbreitung neuartiger Erreger.

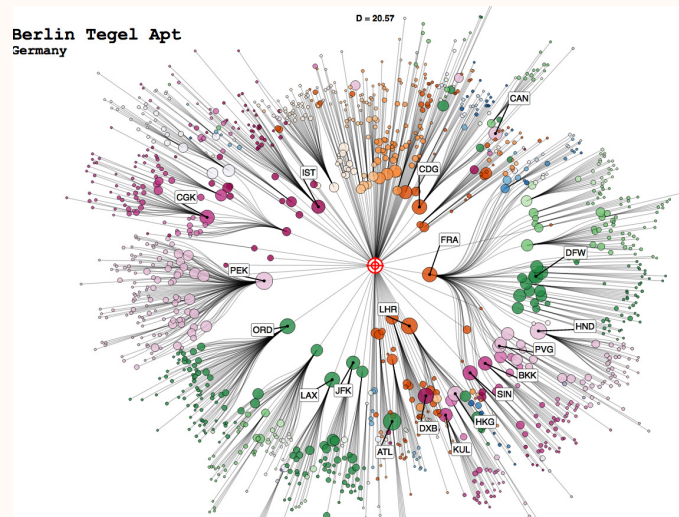


Abb. Netzwerktheoretische Methoden können die wahrscheinlichsten Ausbreitungswege identifizieren.

Beteiligung an Forschungsverbänden

Robert Koch-Institut (RKI)

Leitung der Projektgruppe „Epidemiologische Modellierung von Infektionskrankheiten am RKI. Das RKI ist die zentrale Einrichtung der Bundesregierung auf dem Gebiet der Krankheitsüberwachung und -prävention und damit auch die zentrale Einrichtung des Bundes auf dem Gebiet der anwendungs- und maßnahmenorientierten biomedizinischen Forschung.“



IRI

Das IRI für Lebenswissenschaften an der Humboldt-Universität zu Berlin, das in der Kollaboration mit der Charité-Universitätsmedizin und dem MDC gegründet ist, verfolgt innovative biomedizinische Forschung mit einer zwischendisziplinären und interinstitutionellen Annäherung.



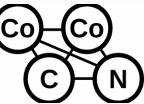
Institute of Scientific Interchange (ISI) External Faculty, Turin. Analyse komplexer Netzwerke und Ausbreitungsphänomenen auf Netzwerkstrukturen.



Affiliated Faculty, Northwestern Institute on Complex Systems (NICO). Das Institut wurde 2004 gegründet mit dem Ziel Grundlagenforschung auf dem Gebiet der komplexen Systeme zu fördern und zu bündeln. Es bietet Wissenschaftlern aus den Natur- und Lebenswissenschaften sowie den Sozial- und Wirtschaftswissenschaften einen interdisziplinären Rahmen zur Zusammenarbeit.



„Cooperation and Collective Cognition Network“, (CoCCoN), Princeton University und Humboldt-Universität zu Berlin Das Netzwerk bringt Wissenschaftler verschiedener Fachgebiete, wie Biologie, Psychologie, Soziologie, Wirtschaftswissenschaften und angewandten Mathematik, zusammen.



Ziel ist die gemeinsame Erforschung von kollektivem Verhalten, deren Ausbreitung innerhalb von Populationen sowie der spezifische Einfluss sozialer Normen. Hierbei werden Unterschiede und Gemeinsamkeiten von biologisch-ökologischen und sozio-ökonomischen Systeme erörtert. Besonderes Merkmal des interdisziplinären Netzwerkes ist der direkte Austausch zwischen empirischer und theoretischer Forschung, der eine enge Verzahnung zwischen mathematischer Modellierung und experimenteller Beobachtung dieser Prozesse ermöglicht.

Das Interdisziplinäre Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität (ZIBI)

wurde 2005 an der Humboldt-Universität zu Berlin gegründet. Es bündelt die Aktivitäten der Freien Universität, Humboldt-Universität und außeruniversitärer Institutionen auf dem Gebiet der Infektionsbiologie und Immunität.



Theoretische Biologie



PETER HAMMERSTEIN

Organismische Evolution

<https://itb.biologie.hu-berlin.de/members/peter>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Arbeitsgruppe war an der Gründung des Institutes für Theoretische Biologie (ITB) beteiligt und gehört seit 1996 zu dieser gemeinsamen Einrichtung des Instituts für Biologie und der Charité.

Wir befassen uns mit Fragestellungen der theoretischen Evolutionsforschung und untersuchen anhand von mathematischen Modellen die Organismen-gestaltenden Auswirkungen unterschiedlicher an der Evolution beteiligter Prozesse.

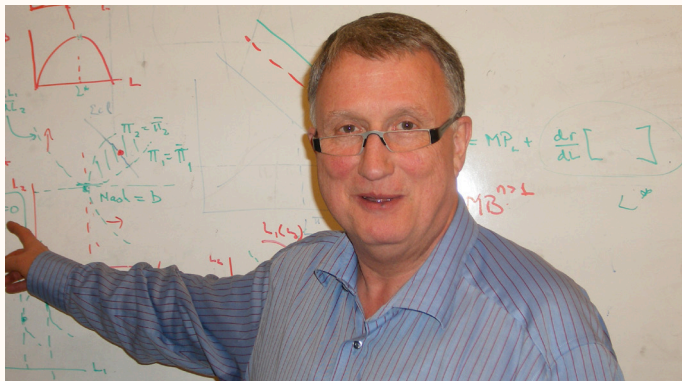


Abb. Die Tafel als Labor: Entwicklung mathematischer Modelle in der theoretischen Biologie.

Auf konzeptioneller Ebene gilt unser besonderes Interesse den Querverbindungen zwischen biologischen und ökonomischen Denkweisen, die sich in der Evolutionären Spieltheorie und der Theorie biologischer Märkte manifestieren. Wir suchen nach ökonomischen Prinzipien in der Natur und verwenden die evolutionäre Spieltheorie zur Modellierung von Konflikt und Kooperation auf genetischer und organischer Ebene. Konkret befassen wir uns insbesondere mit intrazellulären Bakterien (*Wolbachia* und *Cardinium*), die im Konflikt mit ihren Wirten stehen, deren Reproduktion und Entwicklung parasitär beeinflussen und als mögliche Motoren der Artbildung diskutiert werden. Ein weiterer Teil unserer Forschung gilt Fragen der Evolutionären Medizin und Anthropologie.

The dual effect of *Wolbachia*

Male host



'Poisoning sperm'

Female host



Providing an antidote in the egg

Abb. *Wolbachia* und andere cytoplasmatisch vererbte Bakterien manipulieren die Reproduktion ihrer Wirte mit „strategischer Finesse“. Wir untersuchen diese Manipulationen mit Werkzeugen der evolutionären Spieltheorie.

Ausgewählte Publikationen

Hammerstein, P. & Noë, R. (2016). Biological trade and markets. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 371: 20150101.

Hammerstein, P., ed. (2003). *Genetic and Cultural Evolution of Cooperation*. Cambridge, MA: MIT Press.

Beteiligung an Forschungsverbänden

The Leverhulme Trust: International Research Network

„A Darwinian framework for phenotypically integrating genetic and epigenetic cues“ Entwicklung einer integrativen Evolutionstheorie basierend auf genetischen, epigenetischen und kulturellen Formen der Vererbung



External Faculty of the Santa Fe Institute New Mexico, USA

Modellierung nichtlinearer dynamischer Prozesse in Biologie, Psychologie und Wirtschaftswissenschaften



International Max Planck Research School on the Life Course

Arbeiten zur Evolution des sozialen Lernens und der Entstehung von Spekulationsblasen auf Märkten



Berlin School of Mind and Brain

Evolutionäre ökologische und anthropologische Untersuchungen zur Wirkung von Drogen auf das mesolimbische Dopaminsystem

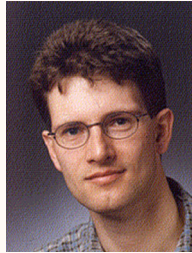


Association of Members of the Wissenschaftskolleg zu Berlin (Chairperson since 1995) Natur- und Geisteswissenschaften im Dialog

Interdisziplinäres Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität (ZIBI)

Graduate School Berlin (Research in Infection Biology and Immunology) Evolutionäre Medizin: Untersuchungen zur Rolle von Mikrochimärismus und Schilddrüsenerkrankungen im evolutionären Konflikt zwischen Mutter und Fötus





RICHARD KEMPTER

Theorie Neuronaler Systeme

<https://itb.biologie.hu-berlin.de/~kempter/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Professur „Theorie Neuronaler Systeme“ beschäftigt sich mit den neuronalen Grundlagen von Lernen und Gedächtnis, wobei die biophysikalische Modellierung und mathematische Analyse von Synapsen, Neuronen und neuronalen Systemen im Vordergrund stehen. Theoretische Ansätze und numerische Simulationen dienen der Untersuchung von Kurz- und Langzeitplastizität von Synapsen, der Dynamik einzelner Neuronen und deren Interaktion in rückgekoppelten Netzwerken. Von besonderem Interesse sind dabei Mechanismen zur Kontrolle der funktionellen Stabilität von Netzwerken. Derartige, plastische neuronale Systeme unterliegen ständig der Gefahr, pathologische Aktivitätszustände zu entwickeln, wie zum Beispiel im Rahmen von Tinnitus und Epilepsie beobachtet. In diesem Zusammenhang sind die als Hippokampus bezeichnete Hirnregion (episodisches Gedächtnis, Epilepsie) und die Hörbahn (zeitliche Codierung von akustischen Signalen, Tinnitus) interessante Forschungsthemen.

Ausgewählte Publikationen

E. T. Reifenstein, C. L. Ebbesen, Q. Tang, M. Brecht, S. Schreiber, and R. Kempter. Cell-type specific phase precession in layer II of the medial entorhinal cortex. *J. Neurosci.* 36:2283-2288, 2016.

C. Leibold, A. Gundfänger, R. Schmidt, K. Thurley, D. Schmitz, R. Kempter. Temporal compression mediated by short-term synaptic plasticity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105, 4417-4422, 2008.

Beteiligung an Forschungsverbänden

BMBF:

Deutschland - USA-Zusammenarbeit in Computational Neuroscience Koordinator „Feldpotentiale im Auditorischen System“ (Berlin / Oldenburg / College Park, MD)

Feldpotentiale können nicht-invasiv auf der Oberfläche des Kopfes gemessen werden. Sie können zum Beispiel durch akustische Stimuli erzeugt werden. Dieses Auditorische Hirnstammpotential hat erhebliche klinische Relevanz, aber trotzdem ist unklar, wie die verschiedenen Bereiche des Hirnstamms zu den Potentialen beitragen. In diesem Antrag wird in einem Tiermodell der Ursprung dieses Feldpotentials untersucht. Ein kombinierter Ansatz aus elektrophysiologischen Messungen auf verschiedenen Ebenen und Modellrechnungen wird erlauben, Quellen im Gehirn einzugrenzen und ihren jeweiligen Beitrag zu spezifizieren.

BMBF:

Bernstein Center for Computational Neuroscience (BCCN Berlin)

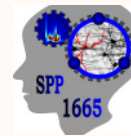
Gründungsmitglied, Mitglied des Leitungsgremiums, Projektleiter der Teilprojekte A1, A2, A4



Das Bernstein Zentrum Berlin widmet sich einer der wichtigsten neurowissenschaftlichen Fragen: „Wie ist es möglich, dass wir auf Sinnesreize mit höchster Präzision reagieren können, obwohl neuronale Prozesse in unserem Gehirn auf allen Ebenen – Synapsen, Neuronen, lokale Netzwerke und sogar ganze neurale Systeme – sehr unterschiedlich auf denselben Stimulus reagieren?“

SPP 1665

„Resolving and manipulating neuronal networks in the mammalian brain - from correlative to causal analysis“
Projekt: Schaltkreis-Mechanismen der Phasenpräzession: Experiment und Theorie



Das Gehirn von Säugetieren zeichnet sich durch komplexe sensorische, motorische und kognitive Fähigkeiten aus. Dort werden mithilfe neuronaler Netzwerke interne und externe Informationen verarbeitet. Diese dynamisch verbundenen Gruppen von Neuronen organisieren das Gehirn auf unterschiedlichen Ebenen räumlicher Komplexität, die von Mikroschaltkreisen bis zu großräumigen Netzwerken reichen. Ziel dieses Projekts ist die Aufklärung der Art und Weise, wie sensorische Wahrnehmung und kognitive Fähigkeiten in Aktivitätsmustern neuronaler Netzwerke abgebildet werden.

GRK 1589 (Mitglied)

„Sensory Computation in Neural Systems“

Im Graduiertenkolleg „GRK 1589: Verarbeitung sensorischer Informationen in neuronalen Systemen“ werden Konzepte

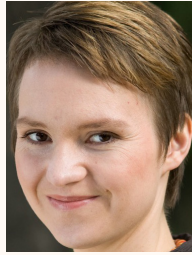


und Methoden aus den Forschungsgebieten maschinelles Lernen, theoretische Neurobiologie und Systemneurobiologie kombiniert, um neuronale Informationsverarbeitung im Zusammenhang mit Wahrnehmungsprozessen zu untersuchen. Experimentatoren und Theoretiker leiten gemeinsam junge Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler an.

Einstein-Zentrum für Neurowissenschaften

Das Zentrum soll die Berliner Forschungsverbände unter einem Dach vereinen, die Zusammenarbeit der Neurowissenschaften mit den benachbarten Disziplinen stärken und die weitere Vernetzung fördern. Grundlagenforschung und klinische Forschung sollen näher zusammenrücken und schneller Therapien entwickeln.





SUSANNE SCHREIBER

Bernstein Preis für Computational Neuroscience

Theoretische Neurophysiologie

<http://www.neuron-science.de/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Unser Gehirn vollbringt eine Vielzahl erstaunlicher Leistungen, deren Grundlage die koordinierte Aktivität von Neuronen bildet. Diese Aktivität wird sowohl durch die Struktur lokaler Zellnetzwerke als auch durch die intrinsischen Eigenschaften der beteiligten Zellen bestimmt.

Ziel unserer Arbeitsgruppe ist es, den Einfluss zellulärer Eigenschaften (insbesondere der Dynamik von Ionenkanälen und morphologischer Parameter) auf Prinzipien der neuronalen Informationsverarbeitung und auf die Relevanz für das Verhalten von Netzwerken zu untersuchen. Wir nutzen dazu theoretische Ansätze und Computersimulationen und kooperieren mit experimentellen Arbeitsgruppen im Vertebraten- und Invertebratenbereich, um Vorhersagen unserer mathematischen Modelle zu testen. Dabei nehmen wir oft eine evolutionäre Perspektive ein, um allgemeine Prinzipien des Designs neuronaler Systeme und ihre Abstimmung auf Randbedingungen (wie die Robustheit gegenüber Temperaturschwankungen oder Energieeffizienz) zu verstehen.

Ausgewählte Publikationen

Hesse J, Schreiber S (2015): Externalization of neuronal somata as an evolutionary strategy for energy economization. *Current Biology*, 25(8), R324-R325; doi:10.1016/j.cub.2015.02.024.

Roemischied FA, Eberhard MJB, Schleimer J-H, Ronacher B, Schreiber S (2014): Cell-intrinsic mechanisms of temperature compensation in a grasshopper sensory receptor neuron. *eLife* 2014;3:e02078.

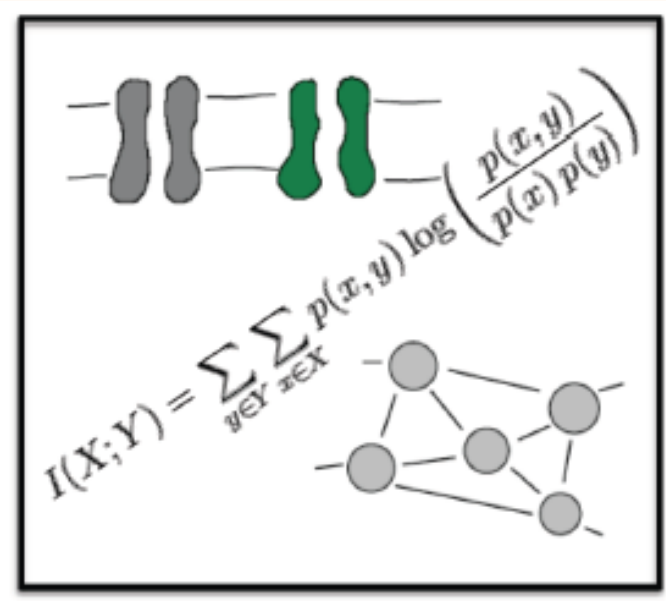


Abb. Neuronale Verarbeitung wird mittels theoretischer Methoden und mathematischer Modellierung auf der Ebene von Einzelzellen und Netzwerken untersucht.



Abb. Der Zellkörper ist bei typischen Insektenneuronen externalisiert, während er sich bei vielen Vertebraten zentral zwischen Dendrit und Axon befindet. Im mathematischen Modell zeigt sich, dass die jeweilige Konstellation energetische Vorteile bietet.

Beteiligung an Forschungsverbänden

BMBF:

Bernstein Center for Computational Neuroscience (BCCN Berlin)



Das Bernstein-Zentrum ermöglicht den interdisziplinären Austausch von neurowissenschaftlichen Arbeitsgruppen mit Interesse an der mathematischen Modellierung neuronaler Prozesse.

BMBF: Bernstein Preis

In diesem Forschungsprojekt untersucht unsere Arbeitsgruppe den Einfluss von zellspezifischen elektrophysiologischen und morphologischen Eigenschaften auf neuronale Verarbeitung.

BMBF: FOR in den Neurowissenschaften



In diesem Projekt steht die Temperaturabhängigkeit neuronaler Verarbeitung im Vordergrund.

Es werden Mechanismen robuster Informationsverarbeitung und pathologische Abweichungen davon untersucht.

GRK 1589

„Sensory Computation in Neural Systems“



Das GRK sichert eine strukturierte Doktorandenausbildung im Bereich Computational Neuroscience und bietet Promovierenden eine universitätsübergreifende Interaktionsplattform.

Einstein-Zentrum für Neurowissenschaften

Das Einstein-Zentrum bietet Stipendiaten aus Berliner Arbeitsgruppen eine breite neurowissenschaftliche Ausbildung.





YORK WINTER

Kognitive Neurobiologie

<http://www.winterlab.org/dnn/en-us/home.aspx>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Unser Forschungsschwerpunkt ist die Untersuchung der kognitiven Fähigkeiten von Tieren im Kontext der Entscheidungsfindung bei der Nahrungssuche. Darüber hinaus quantifizieren wir mit einem breiten methodischen Ansatz den allgemeinen Verhaltensphänotyp von Labortieren (insbesondere Maus und Ratte), die als Modelle neurologischer oder psychiatrischer Erkrankungen dienen. Wir entwickeln und verwenden technische Systeme für die automatisierte Verhaltenserfassung und Analyse. Diese Systeme ermöglichen auf der einen Seite eine effiziente Phänotypisierung von Labortieren mit verschiedenen genetischen Hintergründen wie Ratten und Mäuse. Unsere methodischen Ansätze werden aber auch in der Verhaltensforschung im Freiland eingesetzt, um die Entscheidungsregeln freilebender Blumennektarfledermäuse, und die sich daraus ergebenden evolutionären Einflüsse auf die von Fledermäusen bestäubten Pflanzen, zu untersuchen.

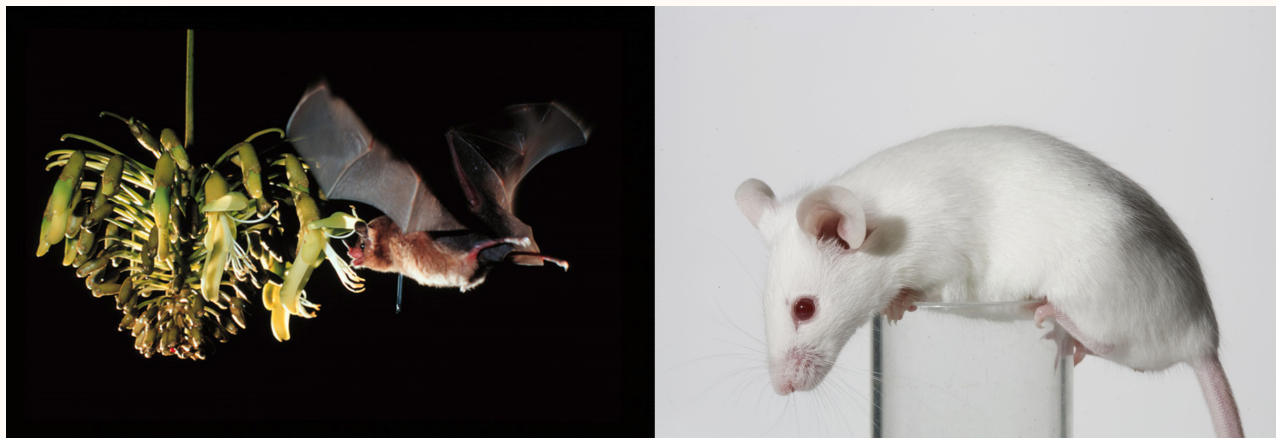


Abb. Untersuchungen zu den kognitiven Mechanismen von Entscheidungsfindung: Blumennektarfledermaus (*Glossophaga commissarisi*) vor einer fledermausblütigen *Mucuna holtonii* in Costa Rica (links). „Labor“maus (*Mus musculus*, rechts).

Ausgewählte Publikationen

Nachev V, Winter Y (2012). The psychophysics of uneconomical choice: non-linear reward evaluation by a nectar feeder. *Animal Cognition* 15:393-400.

Kaupert, U, Thurley K, Frei K, Bagorda F, Schatz A, Tocker G, Rapoport S, Derdikman D & Winter Y (2016). Spatial cognition in a virtual reality home-cage extension for freely moving rodents. *J Neurophysiology* (*in press*).

Beteiligung an Forschungsverbänden

Cluster of Excellence NeuroCure
NeuroCure ist ein im Rahmen der Exzellenzinitiative gefördertes Exzellenzcluster an der Charité - Universitätsmedizin Berlin, der Humboldt Universität und der Freien Universität Berlin mit dem Forschungsschwerpunkt Neurowissenschaften. Im Fokus des interdisziplinären Forschungsverbundes steht die Übertragung (Translation) wissenschaftlicher Erkenntnisse der Grundlagenforschung in die klinische Anwendung.



Berlin School of Mind and Brain
Ein interdisziplinäres Kooperations- und Ausbildungszentrum mit dem Fokus auf zentralen Fragen zum menschlichen Geist. Dazu gehören Wahrnehmung und Bewusstsein, Sprache, Lernfähigkeit sowie neuro-psychiatrische Erkrankungen. Diese lassen sich nur in der Zusammenarbeit von Disziplinen wie Philosophie, Linguistik, Computerwissenschaften, Psychologie und Neurowissenschaften bearbeiten.





KAI MATUSCHEWSKI

Molekulare Parasitologie

<https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/molpara/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Parasiten sind eukaryotische Pathogene, die nahezu jedes freilebende Lebewesen infizieren. Sie sind Erreger weitverbreiteter, häufig Armut-bedingter, Infektionskrankheiten und eine der dringlichsten globalen Bedrohungen für die menschliche Gesundheit und für fragile Wirtschaftssysteme in den Tropen. Im Laufe der Parasiten/Wirt-Co-Evolution haben Parasiten komplexe Mechanismen zur effizienten Übertragung, Immun-Evasion und chronischen Infektionen entwickelt. Ein wesentliches Merkmal ist die Abfolge unterschiedlicher Parasiten-Stadien (siehe Abbildung).

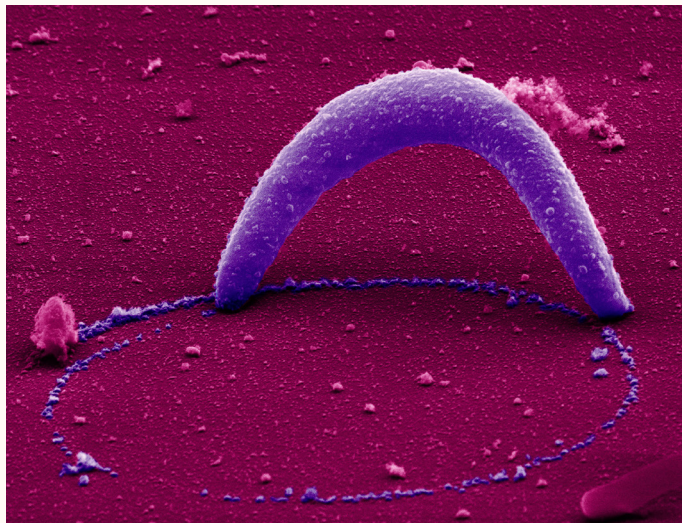


Abb. *Plasmodium* Sporozoit, das infektiöse Stadium des Malaria-Parasiten

Ein besseres molekulares Verständnis der Mechanismen der Parasiten-Wirts-Wechselwirkung und des komplexen Lebenszyklus ist Voraussetzung für neue, Evidenz-basierte Kontrollstrategien. In der Abteilung Molekulare Parasitologie werden die Erreger der Malaria, der Toxoplasmose und von Wildtier-Infektionen molekular, experimentell genetisch, und biochemisch untersucht. Erkenntnisse aus der klinisch unauffälligen Leberphase von Plasmodium-Infektionen zeigen bislang unerkannte Möglichkeiten auf, den Parasiten vor dem Ausbruch der Malaria aufzuhalten und dem Wirt einen entscheidenden immunologischen Vorsprung zu geben. Systematische revers-genetische Studien zur metabolischen Flexibilität von Toxoplasma eröffnen neue Perspektiven für kurative Medikamente. Phylogenetische Studien von verwandten Parasiten in einheimischen und Afrotropischen Wildtieren tragen zum Verständnis komplexer Ökosysteme und der Biodiversität bei.

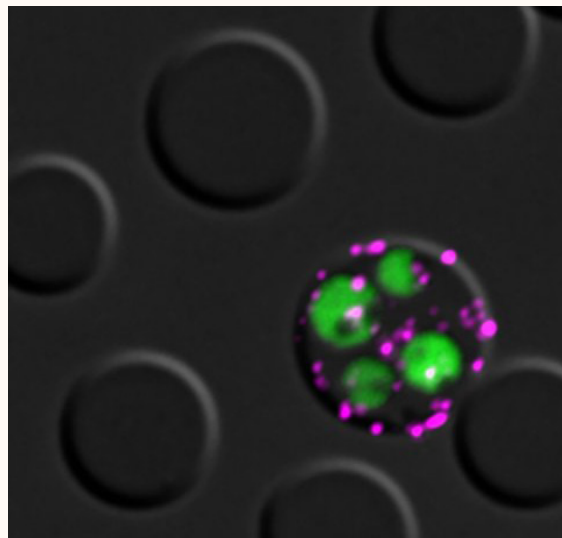


Abb. Die asexuelle Replikation in Erythrozyten bewirkt alle Krankheitssymptome der Malaria.

Ausgewählte Publikationen

Kenthirapalan, S., Waters, A.P., Matuschewski, K., Kooij, T.W.A. (2016) Functional profiles of orphan membrane transporters in the life cycle of the malaria parasite. *Nat. Commun.* 7, 10519.

Sato, Y., Hliscs, M., Dunst, J., Goosmann, C., Brinkmann, V., Montagna, G.N., Matuschewski, K. (2016) Comparative Plasmodium gene overexpression reveals distinct perturbation of sporozoite transmission by profilin. *Mol. Biol. Cell* 27, 2234-2244.

Beteiligung an Forschungsverbänden

GRK 2046

„Parasiteninfektionen: von experimentellen Modellen zu natürlichen Systemen“
Auf der Basis von genetisch attenuierten und transgenen Parasiten wird untersucht, ob Antigen-spezifische Immunantworten einen langanhaltenden Impfschutz prognostizieren können.



IRI für Lebenswissenschaften

Das IRI für Lebenswissenschaften an der Humboldt Universität zu Berlin, das in der Kollaboration mit der Charité-Universitätsmedizin und dem Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin Berlin-Buch (MDC) gegründet ist, verfolgt innovative biomedizinische Forschung mit einer zwischendisziplinären und interinstitutionellen Annäherung.



ZIBI

Das Interdisziplinäre Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität (ZIBI) wurde 2005 an der Humboldt-Universität zu Berlin gegründet. Es bündelt die Aktivitäten der Freien Universität, Humboldt-Universität und außeruniversitärer Institutionen auf dem Gebiet der Infektionsbiologie und Immunität.





JOHN NYAKATURA

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die interdisziplinäre Arbeitsgruppe ist verankert am Exzellenzcluster „Bild Wissen Gestaltung - ein interdisziplinäres Labor“ und schlägt eine Brücke zwischen dem Institut für Biologie und dem Institut für Kunst- und Bildgeschichte. Einerseits wird untersucht, wie insbesondere Bilder und bildgebende Verfahren eingesetzt wurden und werden, um neues morphologisches Wissen zu generieren und zu kommunizieren und andererseits widmet sich die Arbeitsgruppe der funktionellen Morphologie von Landwirbeltieren: Es werden sammlungs-basierte Forschungsansätze wie die dreidimensionale geometrische Morphometrie und experimentelle Zugänge wie *in-vivo* Bewegungsanalysen verknüpft, um auf organischer Ebene Form-Funktionszusammenhänge in einem evolutiven Rahmen zu untersuchen. Im Zentrum des Erkenntnisinteresses steht hier die biologische Adaptation.

Die Arbeitsgruppe hat zudem einen Bezug zur Paläozoologie. In der innovativen Zusammenarbeit mit Ingenieuren und Wissenschafts-illustratoren entstehen neue Forschungswerkzeuge für die morpho-funktionelle Analyse und Rekonstruktion von Wirbeltierfossilien.

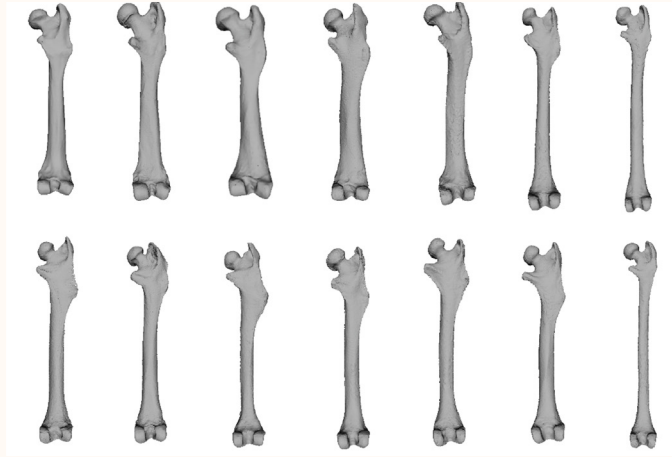


Abb. Morphologische Vielfalt der Humeri innerhalb der Hörnchenverwandten (Sciuromorpha, Mammalia). Laserscans.

Ausgewählte Publikationen

John A. Nyakatura & Emanuel Andrada (2014). On vision in birds: coordination of head-bobbing and gait stabilizes vertical head position in quail. *Frontiers in Zoology* 11: 27 (doi: 10.1186/1742-9994-11-27).

NYAKATURA, J. A.; ALLEN, V. R.; LAUSTRÖER, J.; ANDIKFAR, A.; DANCZAK, M.; ULLRICH, H. J., HUFENBACH, W.; MARTENS, T. & FISCHER, M. S. (2015). A Three-Dimensional Skeletal Reconstruction of the Stem Amniote *Orobates pabsti* (Diadectidae): Analyses of Body Mass, Centre of Mass Position, and Joint Mobility. *PLoS One*, 10: e0137284.

Beteiligung an Forschungsverbänden

EC „Bild Wissen Gestaltung - ein interdisziplinäres Labor“

Bild Wissen Gestaltung. Ein Interdisziplinäres Labor ist ein Zusammenschluss von Geistes-, Natur- und Technikwissenschaften, Medizin sowie den Gestaltungsdisziplinen Design und Architektur. Mehr als 25 verschiedene Fachrichtungen erforschen dabei grundlegende Gestaltungsprinzipien der Wissenschaften.





MATTHEW LARKUM

Neuronale Plastizität

<https://www.projekte.hu-berlin.de/en/larkum/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Ein wesentliches Merkmal von intelligenten Systemen wie der Großhirnrinde ist die Fähigkeit, Aspekte der wahrgenommenen Erfahrung mit einer internen Darstellung der Welt und Vorhersagen über die Zukunft frei zu assoziieren.

Unsere Forschungsgruppe ist an der Rechenleistung von einzelnen Neuronen und deren Beitrag zur kortikalen Funktion interessiert. Wir gehen im Wesentlichen von der Hypothese aus, dass die außergewöhnliche Leistung des Kortex von einem assoziativen Mechanismus abgeleitet wird, der auf zellulärer Ebene in die neuronale Grundeinheit des Kortex eingebaut ist – den Pyramidalzellen (Larkum, 2013). Dieser Mechanismus wird durch eine gleichzeitige Eingabe an Gegenpolen des Neurons kräftig ausgelöst, ist exquisit auf die groß- und feinflächige Architektur des Kortex abgestimmt und wird durch lokale Mikroschaltungen von inhibitorischen Neuronen, die auf subzelluläre Bereiche ausgerichtet sind eng kontrolliert.

Derzeit untersucht unsere Forschungsgruppe diese Hypothese ("BAC firing") auf verschiedensten Ebenen, wobei eine Vielzahl von Forschungsmethoden, einschließlich mehrfacher dendritischer *in vitro* Patch-Clamp-Ableitungen, extra-zellulären elektrophysiologischen Verfahren, Kalzium-Imaging, somatische und dendritische *in vivo* Patch-Clamp-Ableitungen, Zwei-Photonen-Mikroskopie (*in vitro* und *in vivo*), Verhaltensstudien an Nagern und optogenetische Ansätze angewandt werden.

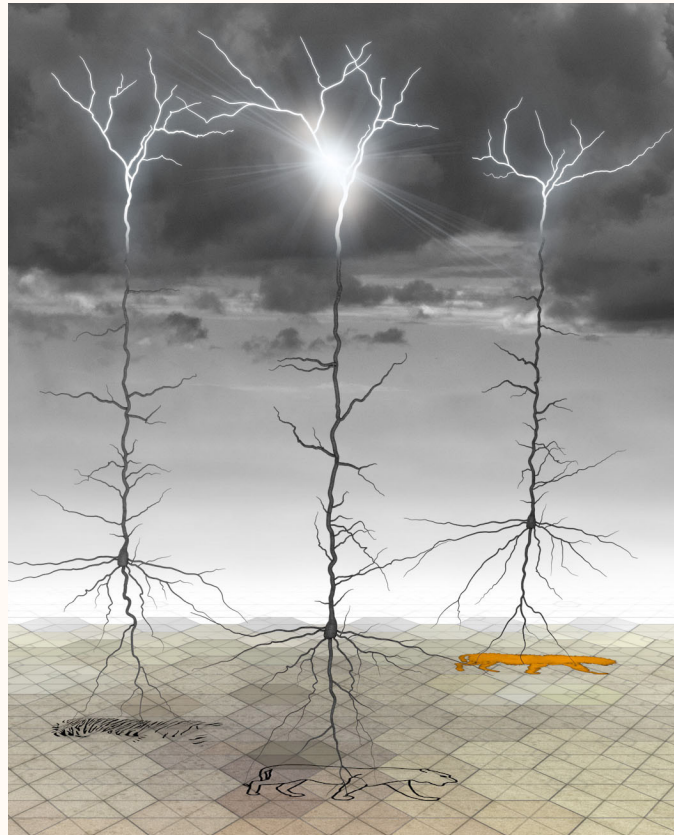


Abb. Künstlerische Darstellung der Hypothese der Funktion des Kortex, basierend auf den aktiven dendritischen Eigenschaften der Pyramidalneuronen in Layer 5. Eigenschaften werden hier verbunden, um in dem Moment, in dem Erwartungen auf Daten in denselben Pyramidalneuronen treffen, ein kohärentes Konzept zu bilden. Darstellung aus Larkum, M. (2013): A cellular mechanism for cortical associations (siehe Publikation Nr. 1). Copyright: Thomas Spletstoesser, www.scistyle.com

Ausgewählte Publikationen

Larkum, M. (2013) A cellular mechanism for cortical associations: an organizing principle for the cerebral cortex. Trends in Neurosciences 36: 141-151.

Palmer, L.M., Shai, A.S., Reeve, J.E., Anderson, H.L., Paulsen, O., Larkum, M.E. (2014) NMDA spikes enhance action potential generation during sensory input. Nature Neuroscience 17: 383-390.

Beteiligung an Forschungsverbänden

Cluster of Excellence NeuroCure

NeuroCure ist ein im Rahmen der Exzellenzinitiative des Bundes und der Länder gefördertes Exzellenzcluster an der Charité Universitätsmedizin Berlin mit dem Forschungsschwerpunkt Neurowissenschaften.



ERC – "Active dendrites and cortical associations"

Mit Hilfe eines advanced Grants des ERC untersuchen wir die dendritischen NMDA Spikes und deren Wirkung auf kognitive Funktionen.



Human Brain Project

"Context Sensitive Multisensory Object Recognition"



Unser Ziel ist es, innerhalb des von der EU geförderten Projekts kontextsensitive Amplifikation und die dendritischen Mechanismen von Feedback-Interaktionen zu untersuchen.



Zoologie



LILIANE RUEß

Ökologie

<https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/oekologie>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Wissenschaft „Ökologie“ hat einen weiten Weg zurückgelegt seit jenen Zeiten, als Forscher ausgestattet mit Botanisiertrommel, Linse und Schmetterlingsnetz das Wechselspiel von Flora und Fauna untersuchten. Heutzutage nutzt die Arbeitsgruppe Ökologie neben diesen klassischen morphologisch-taxonomischen Ansätzen auch ein breites Spektrum an modernen biochemischen und molekularen Techniken zur Untersuchung terrestrischer Ökosysteme und ihrer Kreisläufe. Die hochdiverse Gruppe der Fadenwürmer hat dabei unser besonderes Interesse gefunden, sowohl der Modellorganismus *C. elegans* als auch die Nematodengemeinschaften des Bodens und ihre Funktion im Nahrungsnetz. Aufgrund des schwierigen Zugangs und der geringen Größe der Organismen blieb der Boden lange Zeit eine „black box“. Wir verwenden Fettsäuren und stabile Isotope als Biomarker, um die Prozesse in diesem kryptischen Habitat sichtbar zu machen. Über solche biochemischen Fingerprints erforschen wir den Energie- und Nährstofffluss in Bodennahrungsnetzen. Insbesondere Kohlenstoff bildet hier eine wichtige Größe, da Böden als Quelle oder Senke für CO₂ agieren, und damit die atmosphärische Bilanz nachhaltig beeinflussen können.

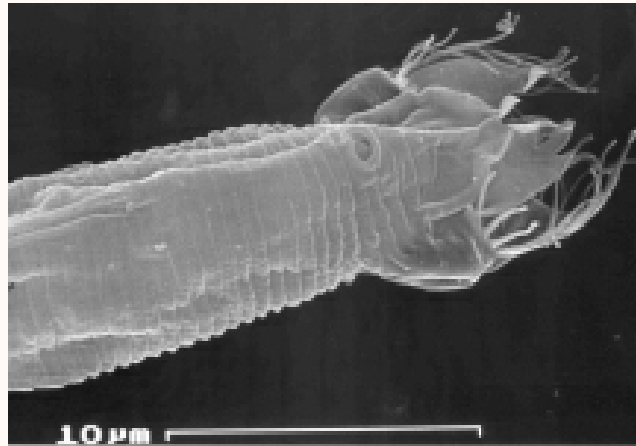


Abb. *Wilsonema otophorum*, ein häufiger Bakterienfresser des Bodens.

Ausgewählte Publikationen

Pausch, J., Kramer, S., Scharroba, A., Scheunemann, N., Butenschoen, O., Kandeler, E., Marhan, S., Riederer, M., Scheu, S., Kuzyakov, Y., Ruess, L. (2016). Small but active - pool size does not matter for carbon incorporation in belowground food webs. *Functional Ecology* 30, 479-489.

Ruess, L., Chamberlain, P.M. (2010). The fat that matters: Soil food web analysis using fatty acids and their carbon stable isotope signature. *Soil Biology & Biochemistry*, 42, 1898-1910.

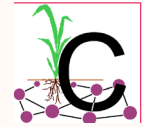
Beteiligung an Forschungsverbänden

FOR 918 - Sprecherin

„Carbon flow in belowground food webs assessed by isotope tracers“

Die Forschergruppe, bestehend aus 9 Teilprojekten, untersucht die Interaktionen im Bodennahrungsnetz.

Stabile Kohlenstoffisotope werden als Tracer zur Identifizierung der biotischen Schlüsselgruppen, Quantifizierung des Kohlenstoffflusses und Etablierung von Nahrungsnetzmodellen eingesetzt. Das übergeordnete Ziel ist ein komplettes Kohlenstoffbudget, vom Input der Pflanze über den Fluss durch die verschiedenen Kompartimente des Nahrungsnetzes bis hin zum Verlust als CO₂ in die Atmosphäre. Hierzu nutzen wir sowohl das natürliche ¹³C Signal (C3 versus C4 Pflanzen) als auch Pulslabel mit ¹³CO₂, um dann mittels Stable Isotope Probing (SIP) in Biomolekülen wie der RNA (RNA-SIP) oder den Fettsäuren (FA-SIP) den trophischen Kohlenstofffluss zu verfolgen.



SPP 1374

Zusammen mit 50 weiteren Teilprojekten gehen wir den Fragen nach:



1. Welche Wechselwirkungen bestehen zwischen verschiedenen Komponenten der Biodiversität?
2. Wie beeinflusst Biodiversität bestimmte Ökosystemprozesse?
3. Welche Auswirkungen haben unterschiedliche Formen der Landnutzung auf die Biodiversität und die Ökosystemprozesse?

Wir nutzen hierzu die Analyse der Fettsäuremuster des Bodens als Maß für die Struktur und Funktion der mikrobiellen Gemeinschaften sowie als Marker für trophische Beziehungen. Zudem findet das Mikronahrungsnetz der Nematoden Einsatz als Modell für die Interaktionen und Flüsse im gesamten Bodennahrungsnetz.





MICHAEL BRECHT

Tierphysiologie/ Systemische Neurobiologie
und Neural Computation

<https://www.activetouch.de>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Unsere Arbeitsgruppe befasst sich mit den neuronalen Grundlagen von Verhaltensleistungen.

Dabei konzentrieren wir uns auf zwei übergeordnete Fragestellungen:

1. Was sind die Schaltkreise, die dem räumlichen Gedächtnis zugrunde liegen?
2. Welche Schaltkreise im Vorderhirn vermitteln soziale Verhaltensweisen?

Zur Beantwortung beider Fragestellungen entwickelt die Arbeitsgruppe neue Forschungsmethoden wie zum Beispiel Techniken für intrazelluläre Messungen oder sogenannte juxtazelluläre Messungen in freibeweglichen, sich verhaltenden Tieren. An hand solcher Methoden untersuchen wir Struktur-Funktionsbeziehungen im Gehirn von Säugtieren. In der Publikation von Ray et al. 2014 wird ein hochgeordneter Schaltkreis im räumlichen Gedächtnis beschrieben. Solche Ansätze verfolgen wir auch in der Erforschung soziosexueller Informationsverarbeitung.

In der Arbeit von Lenschow et al. 2016 beschreiben wir die Repräsentation der Genitalien in der Hirnrinde. Obwohl die externen Genitalien einen starken sexuellen Dimorphismus zeigen, ist die neuronale Repräsentation sexuell monomorph (siehe Abbildung).

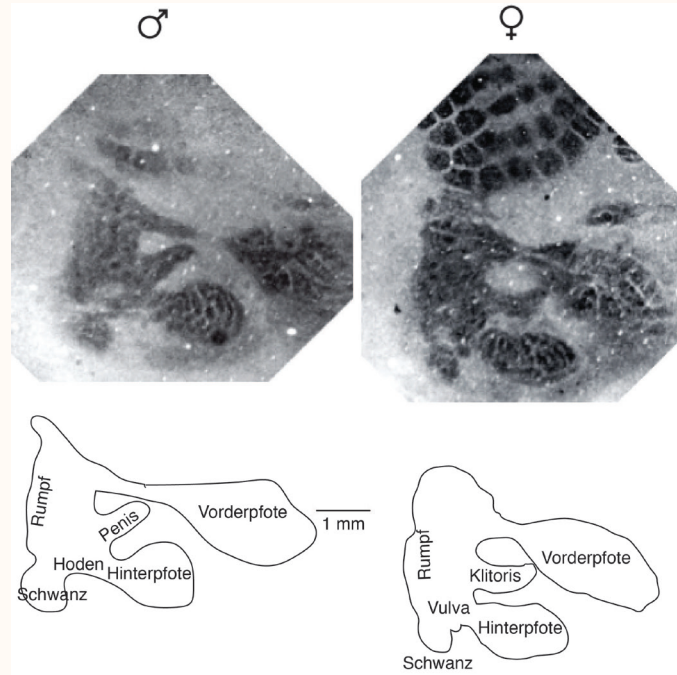


Abb. Anatomische Repräsentationen des männlichen (links) und weiblichen (rechts) Körpers in der Hirnrinde der Ratte; die Körperrepräsentationen sind durch eine Färbung für Stoffwechselaktivität dunkel hervorgehoben. Die Körperkarten konnten anhand von physiologischen Messungen interpretiert werden (siehe die unterstehenden Zeichnungen). Trotz des ausgeprägten sexuellen Dimorphismus der Genitalien sind die Körperkarten im Gehirn der Ratte sexuell monomorph.

Ausgewählte Publikationen

Lenschow C, Copley S, Gardiner JM, Talbot ZN, Vitenzon A, Brecht M (2016) Sexually Monomorphic Maps and Dimorphic Responses in Rat Genital Cortex. *Curr Biol.* 26(1):106-13.

Ray S, Naumann R, Burgalossi A, Tang Q, Schmidt H, Brecht M (2014): Grid-layout and Theta-modulation of Layer 2 Pyramidal Neurons in Medial Entorhinal Cortex. *Science* 343(6173):891-6.

Beteiligung an Forschungsverbänden

BMBF:

Bernstein-Zentrum für Computational Neuroscience (BCCN Berlin)



An der interdisziplinären Forschung des Zentrums sind Arbeitsgruppen der Charité, der FU Berlin, der HU zu Berlin, des MDC, der TU Berlin und der Universität Potsdam beteiligt. Es ist Teil des nationalen Bernstein Network Computational Neuroscience (NNCN) und wird finanziell vom BMBF unterstützt.

SFB 665

„Developmental Disturbances in the Nervous System“

In diesem Sonderforschungsbereich analysieren wir mit Kollegen aus Institutionen aus ganz Berlin die Entwicklung des Nervensystems.



Cluster of Excellence NeuroCure

In diesem berlinweiten Exzellenzcluster wird die neurowissenschaftliche Forschung in Berlin koordiniert und gemeinsam weiterentwickelt.



Einsteinzentrum „Neurowissenschaften“

In diesem vom Land Berlin geförderten Einsteinzentrum werden verschiedene Forschungsthematiken behandelt; ein Schwerpunkt liegt auf der interdisziplinären Ausbildung von jungen Neurowissenschaftlern.



SPP 1665

„Resolving and manipulating neuronal networks in the mammalian brain - from correlative to causal analysis“

In diesem Projekt erforschen wir gemeinsam mit den Arbeitsgruppen Kempster & Schmitz (Charité) Mechanismen der Gedächtnisbildung.



Deutsches Zentrum für Neurodegenerative Erkrankungen

In diesem Verbund untersuchen wir Veränderungen von Gedächtnisschaltkreisen bei neurodegenerativen Prozessen.





GERHARD SCHOLTZ

Vergleichende Zoologie

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/zoologie/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Vergleichende Zoologie befasst sich mit der Schnittstelle von Entwicklung und Evolution der Arthropoden und anderer Metazoa. Dazu werden morphologische, vergleichend embryologische und molekulare Untersuchungen durchgeführt, die einerseits der Strukturaufklärung, andererseits der phylogenetischen Analyse sowie der Rekonstruktion evolutionärer Transformationen dienen. Einen zentralen Focus dabei bildet die Analyse von Zellgenealogien und ihre evolutiven Abwandlungen bei der frühen Furchung und der Morphogenese. Weitere Schwerpunkte liegen auf der vergleichend evolutiven Analyse komplexer morphologischer Muster des Nervensystems, der Muskulatur, der Fortpflanzungsorgane sowie von Fehlbildungen bei Arthropoden. Darüber hinaus leistet die Vergleichende Zoologie auch in Zusammenarbeit mit den Geisteswissenschaften einen Beitrag zu theoretischen Konzepten wie Homologie, Evolutionärer Entwicklungsbiologie und Analytischer Morphologie.

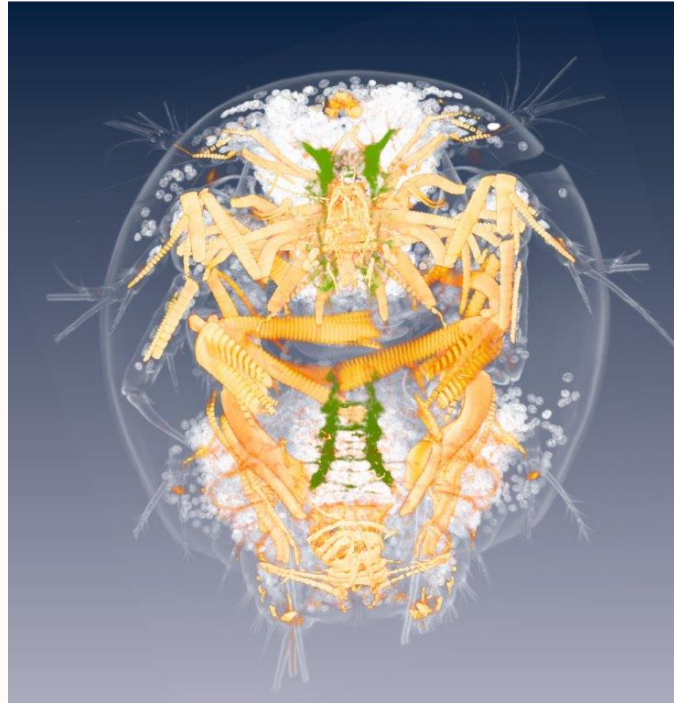


Abb. Dreidimensionale Rekonstruktion des Zentralnervensystems (grün) und der Muskulatur (gelb) der Naupliuslarve eines Ruderfußkrebsses (Copepoda). Foto: Dr. Hendrikje Hein

Ausgewählte Publikationen

Brenneis, G. & Scholtz, G. (2014) The ‚Ventral Organs‘ of Pycnogonida (Arthropoda) are neurogenic niches of late embryonic and post-embryonic nervous system development. PLoS One 9(4): e95435.

Liu, Y., Scholtz, G. & Hou, X. (2015) When a 520 million-year-old Chengjiang fossil meets a modern micro-CT – a case study. Scientific Reports 5: 12802.

Beteiligung an Forschungsverbänden

EC „Bild Wissen Gestaltung - ein interdisziplinäres Labor“

Bild Wissen Gestaltung. Ein Interdisziplinäres Labor ist ein Zusammenschluss von Geistes-, Natur- und Technikwissenschaften, Medizin sowie den Gestaltungsdisziplinen Design und Architektur. Mehr als 25 verschiedene Fachrichtungen erforschen dabei grundlegende Gestaltungsprinzipien der Wissenschaften.



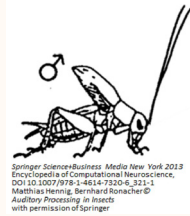
SFB/TR 175

„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimation bei Pflanzen“



Zusammen mit 18 anderen Teilprojekten wird die überraschende Rolle von Chloroplasten als Sensor und Signalgeber von Akklimationsvorgängen analysiert. Das Konsortium bedient sich dabei vor allem quantitativer biologischer Verfahren und hat zum Ziel, die Komplexität chloroplastidärer Funktionen in der Akklimation auf Temperatur- und Lichtveränderungen mittels systemischer Modelle abzubilden.





MATTHIAS HENNIG

Verhaltensphysiologie/ Neuroethologie

<https://www2.hu-berlin.de/biologie/vhphys/people/hennig/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Neuroethologie fragt, wie Tiere mit ihren Sinnen die Welt wahrnehmen und wie sie diese Informationen nutzen, um ihr Verhalten zu steuern und anzupassen. Unsere Forschung nimmt die Algorithmen der sensorischen und motorischen Verarbeitung und deren neuronale Mechanismen ins Visier, die der akustischen Kommunikation der Grillen zu Grunde liegt. Gestützt auf einen vergleichenden Ansatz untersuchen wir auch die Evolution von Verhalten und seine neuronalen und genetischen Grundlagen.

Ein Vorteil von Insekten als Forschungsobjekte ergibt sich aus der vergleichsweise einfachen Organisation ihrer Nervensysteme, deren Aktivität von einzelnen Nervenzellen oder kleinen neuronalen Netzen registriert werden kann. Unsere Methoden umfassen eine Reihe von verhaltens- und neurophysiologischen Ansätzen. Automatisierte Apparaturen erlauben es uns, Verhaltensmessungen zur akustischen Orientierung oder Signalerzeugung an vielen Tieren in kurzer Zeit vorzunehmen.

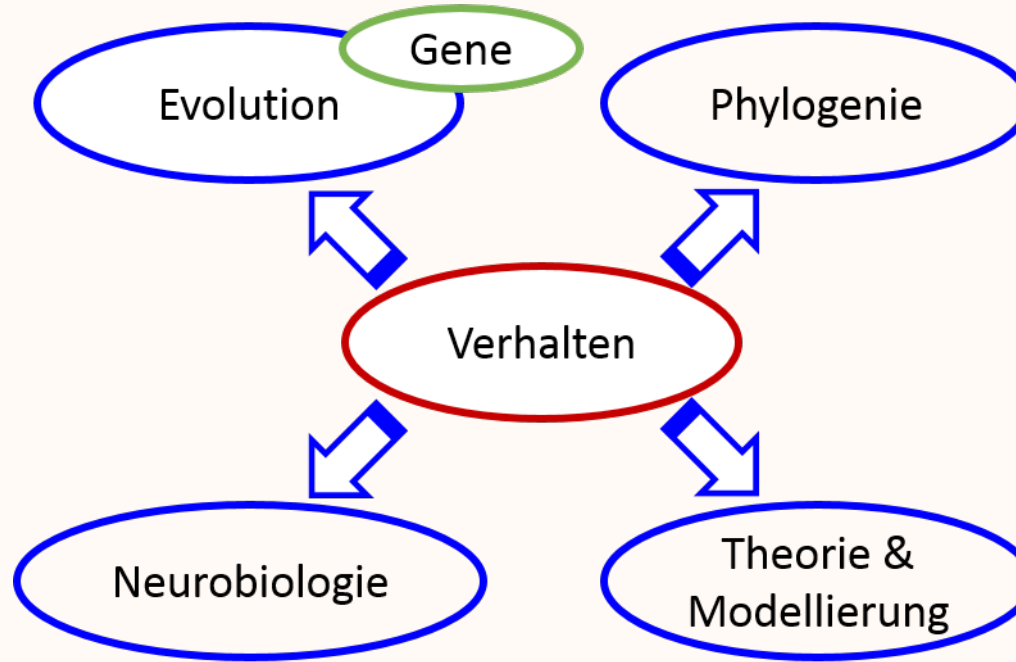


Abb. Verhaltensuntersuchungen der akustischen Kommunikation der Grillen bilden den Ausgangspunkt für vergleichende Untersuchungen in verschiedenen Disziplinen der Biologie, von theoretischen und neurobiologischen Themen bis hin zu der Evolution und Phylogenie des Verhaltens und den beteiligten Genen.

Ausgewählte Publikationen

Hildebrandt KJ, Benda J, Hennig RM (2015) Computational themes of peripheral processing in the auditory pathway of insects. *J Comp Physiol A* 201:39-50.

Gabel E, Gray DA, Hennig RM (2016) How females of chirping and trilling field crickets integrate the 'what' and 'where' of male acoustic signals during decision making. *J Comp Physiol A*, DOI: 10.1007/s00359-016-1124-x.

Beteiligung an Forschungsverbänden

DFG-Sachbeihilfe
Entscheidungsfindung bei Grillen: Wahlentscheidungen und neuronale Korrelate



Nachwuchsgruppen



RALF STEUER

Analyse metabolischer Netzwerke

<https://itb.biologie.hu-berlin.de/wiki/groups/steuer/start>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Das Forschungsziel der Nachwuchsgruppe „Metabolic Network Analysis“ ist es, das phototrophe Wachstum als Zusammenspiel zellulärer Prozesse zu verstehen und mit Hilfe mathematischer Modelle zu beschreiben. Unser Ziel ist es, zusammen mit internationalen Partnern, zu einem systemischen Verständnis der Cyanobakterien beizutragen und mit Hilfe von prädiktiven Modellen, eine Brücke zwischen erkenntnisorientierter Forschung und Anwendungen in der Bioökonomie zu bauen.

Unsere Forschungsschwerpunkte sind die Integration zellulärer Modelle, dynamische Flussbilanzanalyse, Probleme der Ressourcenallokation in dynamischen Stoffwechselnetzwerken und numerische Methoden der grünen Biotechnologie. Modelle des cyanobakteriellen Wachstums haben direkte Anwendung in der grünen Biotechnologie, unter anderem, um den potenziellen Ertrag einer Kultivierung abzuschätzen, Wachstumsbedingungen zu optimieren sowie geeignete genetische Interventionsstrategien hin zu einer gesteigerten Synthese gewünschter Produkte zu identifizieren.

Ausgewählte Publikationen

Rügen M, Bockmayr A, Steuer R (2015) Elucidating temporal resource allocation and diurnal dynamics in phototrophic metabolism using conditional FBA. *Sci Rep.* 5:15247. doi: 10.1038/srep15247.

Knoop H, Gründel M, Zilliges Y, Lehmann R, Hoffmann S, Lockau W, Steuer R. (2013) Flux balance analysis of cyanobacterial metabolism: the metabolic network of *Synechocystis* sp. PCC 6803. *PLoS Comput Biol.* 9(6):e1003081. doi: 10.1371/journal.pcbi.1003081.

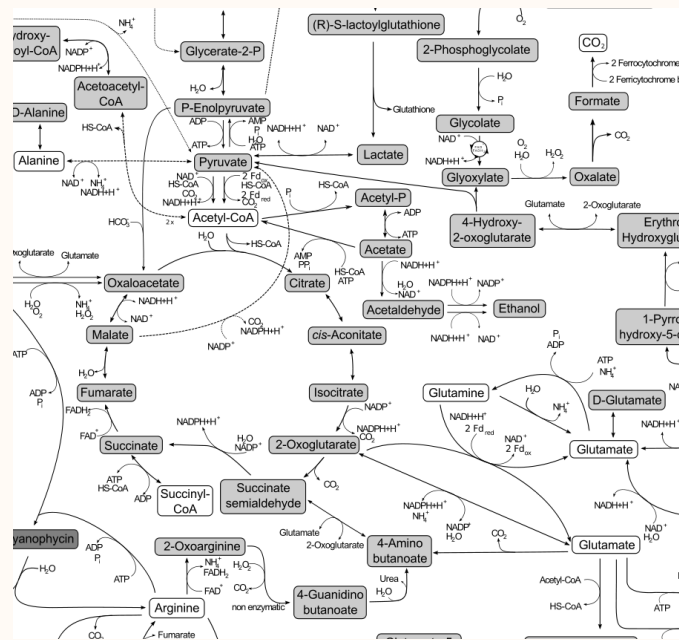


Abb. Ein Ausschnitt des komplexen „Streckenplans“ des cyanobakteriellen Stoffwechsels. Ein Forschungsziel der Arbeitsgruppe ist, das biochemische Repertoire von Cyanobakterien systematisch zu untersuchen; dabei sind Rekonstruktionen des Stoffwechsels ein wichtiges Hilfsmittel. Die Rekonstruktion des Cyanobakteriums *Synechocystis* sp. PCC 6803 umfasst etwa 700 biochemische Reaktionen und beschreibt die Reaktionswege von der Assimilierung von atmosphärischem Kohlenstoff bis hin zur Synthese der für das Wachstum benötigten Zellkomponenten (Grafik aus Knoop et al., 2013).



Abb. Im Rahmen des Exist-Gründerstipendiums „CellDeg“ wird die Kultivierung von phototrophen Mikroalgen und Cyanobakterien bei sehr hohen Zelldichten untersucht (Foto: Arne Wüstenberg/CellDeg GmbH).

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

GRK 1772

„Computergestützte Systembiologie“, als assoziierte Arbeitsgruppe (2015-2018).

Das Ziel des Graduiertenkollegs ist die Entwicklung und Anwendung neuer theoretischer Konzepte in der Systembiologie.



BMBF:

Exist-Gründerstipendium „CellDeg“ (FKZ 03EGS-BE291), gefördert durch das BMBF (2015-2016) mit dem Ziel, neue Methoden der Kultivierung von Cyanobakterien zu entwickeln und zur Marktreife zu führen. Die Förderung führte zu der Gründung der CellDeg GmbH.



BMBF:

e:Bio - Modul III - Nachwuchsgruppe: Cyano Growth - „Die Organisationsprinzipien des cyanobakteriellen Stoffwechsels“ Die Förderung der Arbeitsgruppe erfolgt über 5 Jahre (2013-2017) mit dem Ziel, phototrophes Wachstum von Cyanobakterien mathematisch zu beschreiben.

Einstein Stiftung Berlin:

„CyanoMetal - Übergangsmetalle und phototrophes Wachstum: Ein neuer Ansatz der stöchiometrischen Modellierung großer Stoffwechselnetzwerke“, gefördert durch die Einstein Stiftung Berlin. Das Ziel des Projekts ist, zusammen mit Partnern an der FU Berlin und der Hebrew University in Jerusalem, Übergangsmetalle im Kontext des phototrophen Wachstums zu untersuchen.



BMBF:

e:Bio CYANOSYS II: „Systembiologie der Produktion von Biokraftstoffen durch Cyanobakterien“, gefördert durch das BMBF im Rahmen der Initiative e:Bio – Innovationswettbewerb Systembiologie (2013-2016). Zusammen mit 6 akademischen Partnern und der Algenol Biofuels Germany GmbH werden neue Ansätze zur Erzeugung nachwachsender Rohstoffe durch phototrophe Mikroorganismen entwickelt.



Nachwuchsgruppen



DAVID GARFIELD

Evolutionsbiologie

<http://www.garfieldlab.org/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Ein wesentlicher Grundsatz der darwinistischen Evolutionstheorie ist, dass sich Unterschiede zwischen den Arten aus einer Veränderung innerhalb der Art entwickeln. Unsere Arbeit schließt sich nahtlos an dieses Prinzip an, indem wir Populationsgenetik und Vergleiche zwischen eng miteinander verwandten Arten dazu nutzen, die Mechanismen zu verstehen, anhand derer eine natürliche Auslese zur Embryonalentwicklung und letztendlich zur Organismenform beiträgt. Unser Labor konzentriert sich mithilfe vielfältiger Genomik-Tools besonders auf Mechanismen, die der Evolution entwicklungsbedingter Genexpressionen zugrunde liegen. Bei unserer Anwendung dieser Mittel arbeiten wir eng mit weiteren in Berlin ansässigen Gruppen zusammen, um modernste Tools, die normalerweise der biomedizinischen Forschung vorbehalten sind, für Problemstellungen der Evolutionsbiologie einzusetzen. Als Teil unserer Forschungsmission helfen wir auch dabei, Tools aus der Evolutionsbiologie (insbesondere Populationsgenetik) weiterzuentwickeln. Damit können biomedizinische Forscher Mutationen, die mit menschlichen Krankheiten assoziiert sind, besser verstehen und identifizieren.

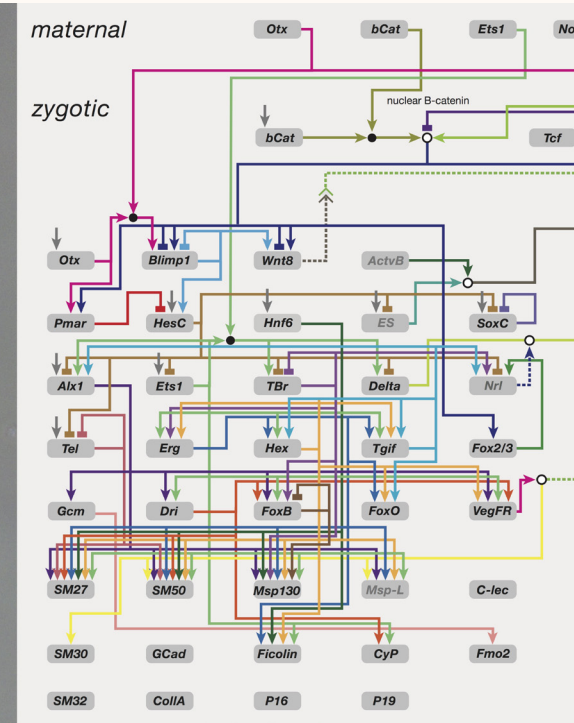


Abb. Seeigellarven verschiedener Arten können leicht anhand ihrer Skelettförmigkeit identifiziert werden. Wir untersuchen Änderungen in der Expression und Sequenz der aufeinander wirkenden Gene, um herauszufinden, wie diese Formenvielfalt durch Selektion entstanden ist.

Ausgewählte Publikationen

Zichner T., DA Garfield, et al.. Impact of genomic structural variation in *Drosophila melanogaster* based on population-scale sequencing. *Genome Research*. 2013. 23: 568-579.

Garfield, DA et al.. The impact of gene expression variation on the robustness and evolvability of a developmental gene regulatory network. *PLoS Biology*. 2013. 11: e1001696.

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

IRI für Lebenswissenschaften

Das „IRI für Lebenswissenschaften“ an der Humboldt-Universität ist ein Kooperationsforschungsinstitut, das in Zusammenarbeit mit dem Charité-Krankenhaus und dem Max-Delbrück-Zentrum für Molekulare Medizin (MDC) gegründet wurde. Zielstellung ist, eine Brücke zwischen theoretischen und quantitativen experimentellen Ansätzen in mehreren Stufen der Biologie zu errichten, von Molekülen hin zu Zellen, Organismen und Populationen.



Nachwuchsgruppen



PAWEL ROMANCZUK

Kollektive Informationsverarbeitung

<http://lab.romanczuk.de/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Emmy Noether-Gruppe „Collective Information Processing“ wird von Dr. Romanczuk geleitet und ist am Institut für Biologie (Institut für Theoretische Biologie) und dem Bernstein Center for Computational Neurosciences (BCCN) angesiedelt.

Das Forschungsgebiet der Gruppe ist die Entwicklung und Analyse von mathematischen Modellen von Schwarmverhalten, die explizit die sensorische Wahrnehmung von Individuen in die mathematische Beschreibung einbeziehen. Die Kombination aus Theorie und Modellierung erforscht, in enger Zusammenarbeit mit experimentellen Kooperationspartnern, die grundlegenden Eigenschaften und Einschränkungen der sensorischen Wahrnehmung für die Schwarmbewegung und kollektiver Entscheidungen innerhalb von Tiergruppen. Der Schwerpunkt der Modellierung liegt hierbei primär auf visuellen Interaktionen, und Heuschrecken- und Fischschwärmen als experimentelle Modellsysteme.

Ausgewählte Publikationen

Landgraf, T., Bierbach, D., Nguyen, H., Muggelberg, N., Romanczuk, P., & Krause, J. (2016). RoboFish: increased acceptance of interactive robotic fish with realistic eyes and natural motion patterns by live Trinidadian guppies. *Bioinspiration & Biomimetics*, 11(1), 015001. <http://doi.org/10.1088/1748-3190/11/1/015001>

Guttal, V., Romanczuk, P., Simpson, S. J., Sword, G. drive the evolution of behavioural phase polyphenism i 1166. <http://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01840.x>



Abb. Unterwasseraufnahme eines *Poecilia sulphuraria* Schwarms an der Wasseroberfläche in schwefelhaltigen Fluss in Teapa/Mexico.“

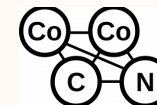
Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

Emmy Noether-Programm

Im Rahmen des Emmy Noether-Programms fördert die DFG herausragende NachwuchswissenschaftlerInnen mit dem Ziel frühe wissenschaftliche Selbständigkeit zu erlangen. Innerhalb dieses Programms bearbeitet Herr Dr. Romanczuk das Projekt „Collective Information Processing – From Individual Sensory Inputs to Swarming and Collective Decision Making“.



„Cooperation and Collective Cognition Network“, (CoCCoN), Princeton University und Humboldt-Universität zu Berlin



Das Netzwerk bringt Wissenschaftler verschiedener Fachgebiete, wie Biologie, Psychologie, Soziologie, Wirtschaftswissenschaften und angewandten Mathematik, zusammen. Das Ziel ist die gemeinsame Erforschung von kollektivem Verhalten, deren Ausbreitung innerhalb von Populationen sowie der spezifische Einfluss sozialer Normen. Hierbei werden Unterschiede und Gemeinsamkeiten von biologisch-ökologischen und sozio-ökonomischen Systeme erörtert. Besonderes Merkmal des interdisziplinären Netzwerks ist der direkte Austausch zwischen empirischer und theoretischer Forschung, der eine enge Verzahnung zwischen mathematischer Modellierung und experimenteller Beobachtung dieser Prozesse ermöglicht.



Nachwuchsgruppen



BENEDIKT BECKMANN

Molekulare Infektionsbiologie

<http://www.beckmannlab.de/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

In unserer Arbeitsgruppe kombinieren wir klassische Molekularbiologie mit Bioinformatik um RNA-Protein-Interaktionen zu untersuchen, und den Einfluss solcher Wechselwirkungen auf **posttranskriptionelle Genregulation in Wirt und Krankheitserreger** zu verstehen. Dazu verwenden wir aktuelle Hochdurchsatzmethoden wie zum Beispiel *mRNA interactome capture* und analysieren, wie eine Infektion durch *Salmonella Typhimurium* (m)RNA-Proteinkomplexe in Makrophagenzellen des Wirts verändert.

Im Verlauf einer Infektion "injizieren" einige Bakterien sogenannte Effektorproteine in die Wirtszelle, wodurch sie zelluläre Schutzmechanismen der angeborenen Immunantwort unterlaufen und in Makrophagenzellen überleben können. Es ist bis heute ungeklärt, ob sich unter diesen Effektoren auch RNA-bindende Proteine befinden.

Wir suchen daher nach **RNA-Protein-Interaktionen zwischen diesen Organismen** und versuchen zu verstehen, ob eine solche Wechselwirkung die posttranskriptionelle Regulation der Wirtszelle beeinflussen kann.

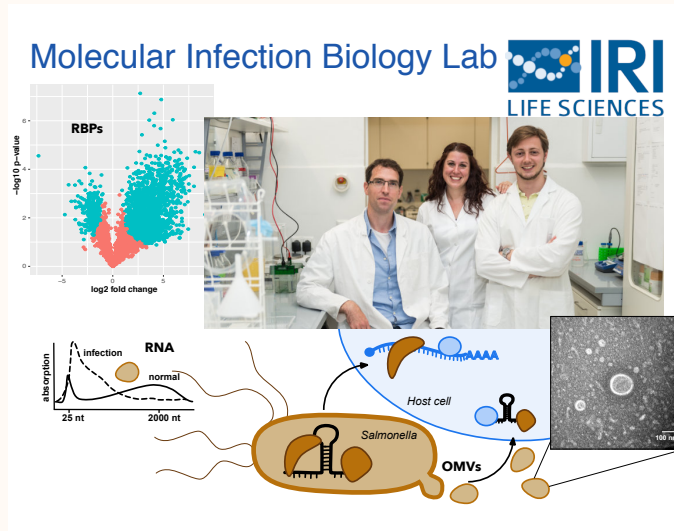


Abb. AG Molekulare Infektionsbiologie. Unsere Arbeitsgruppe untersucht RNA-Protein Wechselwirkungen, die bei der Infektion von menschlichen Zellen durch das Bakterium *Salmonella Typhimurium* eine Rolle spielen. Hier abgebildet: (v. l.) Benedikt Beckmann, Erika Urdaneta, Davide Figini.

Ausgewählte Publikationen

Beckmann BM*, Hoch PG*, Marz M, Willkomm DK, Salas M and Hartmann RK. A pRNA-induced structural arrangement triggers 6S-1 RNA release from RNA polymerase in *Bacillus subtilis*. EMBO J (2012); 31(7):1727-38.

Beckmann BM*, Horos R*, Fischer B, Castello A, Eichelbaum K, Alleaume A-M, Schwarzl T, Curk T, Foehr S, Huber W, Krijgsveld J and Hentze MW. The RNA-binding proteomes from yeast to man harbour conserved enigmRBPs. Nature Communications (2015); 6:10127.

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

IRI für Lebenswissenschaften

Die AG Molekulare Infektionsbiologie ist eine von zur Zeit 3 Nachwuchsgruppen am IRI Life Sciences. Das IRI wurde als gemeinsames Institut der Humboldt-Universität zu Berlin, der Charité und dem Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin Berlin gegründet.



Interdisziplinäres Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität (ZIBI) Graduate School Berlin



Das Interdisziplinäre Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität (ZIBI) wurde 2005 an der Humboldt-Universität zu Berlin gegründet. Es bündelt die Aktivitäten der Freien Universität, Humboldt-Universität und außeruniversitärer Institutionen auf dem Gebiet der Infektionsbiologie und Immunität.



Nachwuchsgruppen



NATALIA TSCHOWRI

Emmy-Noether-Förderprogramm

Molekulare Mikrobiologie

http://biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/mikrobiologie/tschowri_group

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die von der Vereinigung für Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (VAAM) zu Mikrobe des Jahres 2016 gekürten Bakterien - *Streptomyces* - wurden bereits zweimal mit dem Nobelpreis geehrt: als Produzenten des Antibiotikums Streptomycin (1952) und des gegen Wurminfektionen wirkenden Ivermectins (2015) (Abb. 1). Neben Antibiotika und Antiparasitika sind Streptomyceten auch als Lieferanten von Fungiziden und Zytostatika bekannt und sind somit eine der wichtigsten biologischen Quellen für Naturstoffe für den Einsatz in Medizin und Landwirtschaft.

Die Synthese dieser Sekundärmetabolite ist zeitlich und genetisch an einen komplexen Lebenszyklus der Bakterien gekoppelt. Dieser beinhaltet eine Transition von hyphenartigem Wachstum zur Ausbildung von Sporen (Abb. 2). Bei der Regulation dieser Vorgänge spielen zyklische di-Nukleotide eine entscheidende Rolle. In der AG von Natalia Tschowri wird auf molekularer Ebene untersucht, wie die Signalmoleküle zyklisches di-GMP und zyklisches di-AMP Differenzierungsprozesse und somit Antibiotikasyntese von Streptomyceten kontrollieren.

Ausgewählte Publikationen

Tschowri N, Schumacher MA, Schlimpert S, Chinnam NB, Findlay KC, Brennan RG, Buttner MJ. Tetrameric c-di-GMP Mediates Effective Transcription Factor Dimerization to Control *Streptomyces* Development. *Cell*, 2014 Aug 28;158(5):1136-47.

Tschowri N. Cyclic Dinucleotide-Controlled Regulatory Pathways in *Streptomyces*. *Review. J. Bacteriol.* 2016 Jan;198 (1):47-54.



Abb. *Streptomyces* sind Mikrobe des Jahres 2016 (Quelle VAAM)

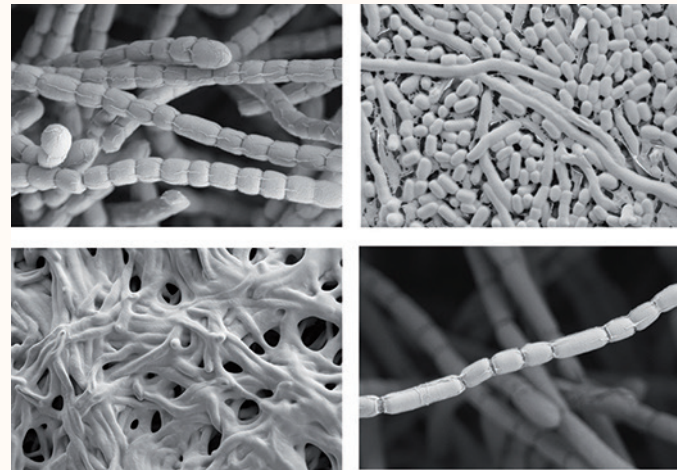


Abb. Rasterelektronenmikroskopische Aufnahmen von Streptomyceten in verschiedenen Wachstumsphasen

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

Emmy Noether-Programm

Mit dem Emmy Noether-Programms fördert die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) herausragende NachwuchswissenschaftlerInnen mit dem Ziel frühe wissenschaftliche Selbständigkeit zu erlangen. Innerhalb dieses Programms bearbeitet Frau Dr. Tschowri das Projekt „Cyclic di-GMP in the control of multicellular differentiation in antibiotic-producing bacteria *Streptomyces*“.

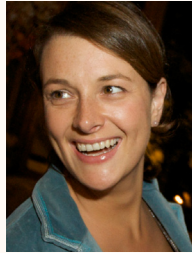


SPP 1879

„Nucleotide Second Messenger Signaling in Bacteria“ (Koordinatorin Frau Prof. Dr. Regine Hengge)
Im Rahmen des von der DFG geförderten Schwerpunktprogramms arbeitet Frau Dr. Tschowri an dem Projekt „The role of cyclic di-AMP and a novel cyclic dinucleotide in differentiation and stress survival of *Streptomyces* spp.“.



Nachwuchsgruppen



SIMONE REBER

Quantitative Biologie

<http://www.thereberlab.com/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Das Labor für Quantitative Biologie bringt Forscher aus verschiedenen Ländern und den unterschiedlichsten Disziplinen, wie zum Beispiel Biochemie, Biophysik und Mathematik, zusammen.

Unser Ziel ist es zu verstehen, welche biochemischen und –physikalischen Prinzipien die Selbstorganisation und Skalierung zellulärer Organellen bestimmen. Jedes Organell hat eine spezifische Funktion, die nicht nur von der molekularen Zusammensetzung sondern auch von seiner Größe und Form abhängt.

Die mitotische Spindel, die während der Zellteilung das Erbgut gleichmäßig auf die entstehenden Tochterzellen verteilt, ist eine faszinierende Struktur, die unsere Fragestellung sehr gut verdeutlicht:

„Wie kann das Zusammenspiel vieler, sehr kleiner Moleküle eine Struktur hervorbringen, die ihre biologische Funktion mit höchster Genauigkeit ausführt?“

Ein wesentliches Ziel ist es, ausgehend vom biophysikalischen Verständnis einzelner Moleküle grundlegende Mechanismen und Funktionsprinzipien komplexer, zellulärer Systeme über mehrere Längenskalen hinweg zu beschreiben.

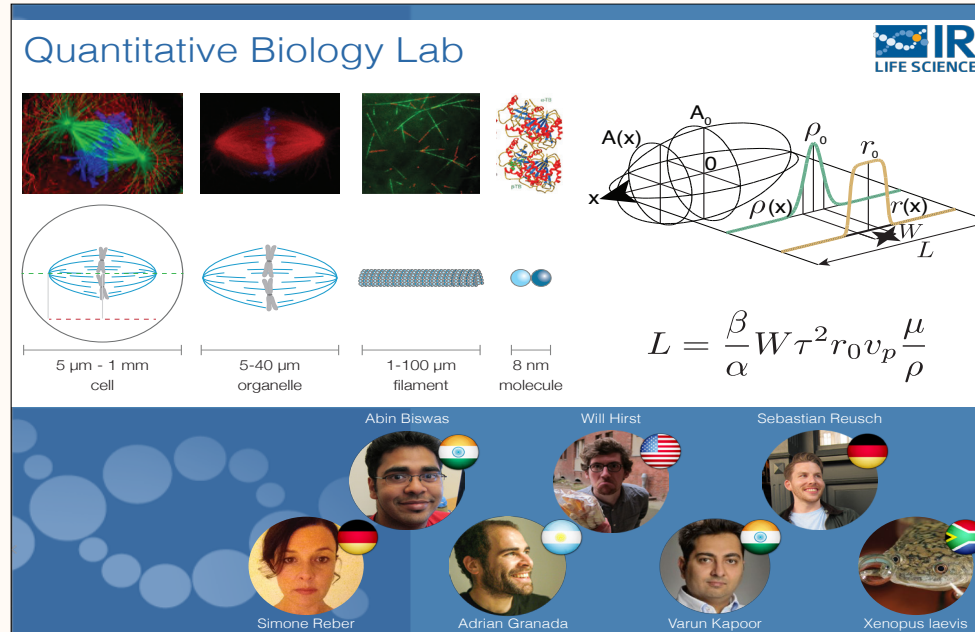


Abb. Quantitative Biologie - Das Labor

Ausgewählte Publikationen

Reber S and Goehring NW (2015). Intracellular Scaling Mechanisms. Cold Spring Harb Perspect Biol doi: 10.1101/cshperspect.a019067.

Reber S, Baumgart J, Widlund PO, Pozniakovskiy A, Howard J, Hyman AA, Jülicher F (2013). XMAP215 activity sets spindle length by controlling the total mass of spindle microtubules. Nat Cell Biol. 15(9):1116-22.

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

Humboldt-Princeton Strategic Partnership Grant mit Prof. Petry (Department of Molecular Biology, Princeton University) and Prof. Brangwynne (School of Engineering & Applied Sciences, Princeton University).

International Princeton

“How to Shape Living Structures Mesoscale Self-Organisation of Non-Membrane Bound Cellular Structures”.

IRI für Lebenswissenschaften



Das IRI für Lebenswissenschaften an der Humboldt Universität zu Berlin, das in der Kollaboration mit der Charité-Universitätsmedizin und dem MDC gegründet ist, verfolgt innovative biomedizinische Forschung mit einer interdisziplinären und interinstitutionellen Annäherung.



Nachwuchsgruppen

Institut für Theoretische Biologie (ITB)



MATTHIAS KÖNIG

Systemmedizin der Leber

<https://itb.biologie.hu-berlin.de/wiki/groups/koenig/start>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Leber ist das metabolische Zentrum des Körpers mit einer entscheidenden Rolle in der Entgiftung von Medikamenten und Xenobiotika, sowie der metabolischen Homöostase. Die Quantifizierung dieser Leberfunktionen ist essentiell um den Status der Leber zu bestimmen, Informationen über den Schweregrad von Störungen zu erhalten, oder den Erfolg von Behandlungen zu beurteilen.

Im Rahmen des Forschungsnetz „LiSyM“ untersuchen wir mit Hilfe von Computermodellen welche Faktoren die Leberfunktion von der Einzelzelle, über das Gewebe bis hin zum Gesamtorgan beeinflussen, welche Rolle Metabolismus, Perfusion und Struktur spielen, und welche biologische Mechanismen der Leberfunktion zu Grunde liegen.

Ein zentrales Ziel ist die Entwicklung eines Multiskalen-Modells der Leber für die verbesserte Auswertung quantitativer Leberfunktionstests in der Klinik. Dieses Modell wird mittels klinischer und Imaging-Daten, sowie Informationen über Geschlecht, Alter, Körpergewicht und Größe personalisiert und für die individuelle Auswertung von Leberfunktionstests verwendet werden. Näheres unter www.livermetabolism.com.

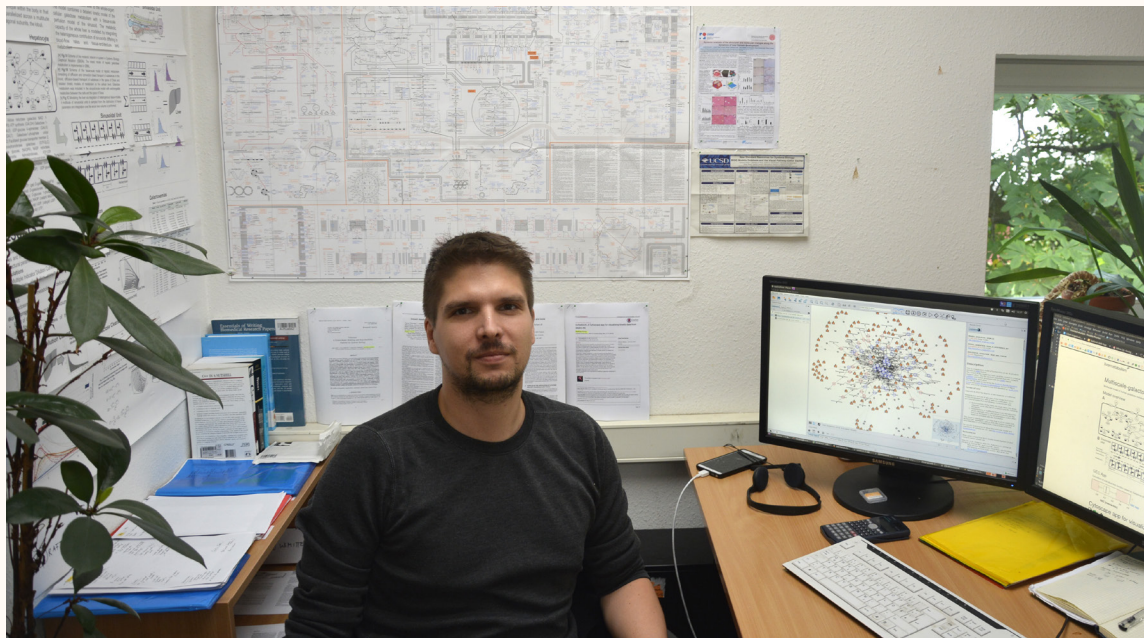


Abb. Mathematischer Modellierung des Leberstoffwechsels und Analyse der metabolischen Netzwerke der Leber. Die entwickelten Modelle werden basierend auf individuellen Daten personalisiert und für die Vorhersage der Leberfunktion verwendet.

Ausgewählte Publikationen

König M., Bulik S. and Holzhütter HG. Quantifying the Contribution of the Liver to the Homeostasis of Plasma Glucose: A Detailed Kinetic Model of Hepatic Glucose Metabolism Integrated with the Hormonal Control by Insulin, Glucagon and Epinephrine PLoS Comput Biol. 2012 Jun;8(6):e1002577. Epub 2012 Jun 21. [PubMed]

König M. and Holzhütter HG. Kinetic Modeling of Human Hepatic Glucose Metabolism in T2DM Predicts Higher Risk of Hypoglycemic Events in Rigorous Insulin Therapy J Biol Chem. 2012 [DOI 10.1074/jbc.M112.382069]

Beteiligung an Forschungsverbänden/ Förderprogramme

BMBF:

„LiSym-Nachwuchsgruppe“ - Multiskalenmodelle der Leber für Personalisierte Leberfunktionstests
Zentrales Ziel ist die Identifizierung übergreifender Schlüsselprozesse eines möglichen Krankheitsverlaufs auf Basis mathematischer Modellierung durch die Anwendung des systembiologischen Forschungsansatzes in der klinischen Leberforschung vorherzusagen.





MICHAL OR-GUIL

Systemimmunologie

<https://www.biologie.hu-berlin.de/de/gruppenseiten/sim/>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Der Schwerpunkt der Arbeit des Systems Immunology Labs liegt in der translationalen Antikörperforschung in Verbundprojekten mit akademischen, industriellen und klinischen Partnern. Vorrangiges Ziel ist das bessere Verständnis der Wirkungsweise von Antikörpern in Immunantworten sowie der Verwertung von Antikörper-Signaturen in der Diagnostik.

Beispiele für die Errungenschaften der Arbeitsgruppe sind:

1. die Entwicklung von Datenanalyse-Werkzeuge für die Bestimmung von Antikörper-Bindungseigenschaften und Evaluation von Immunoassays,
2. die Entwicklung eines all-in-one Werkzeuges für Biomarker-Identifizierung, -Validierung sowie für die Anwendung in der Diagnostik.

Auch nimmt das Systems Immunology Lab eine führende Rolle bei der Nutzung von Ansätzen der Systemmedizin ein. Dies geschieht zur Zeit im Rahmen des Konsortiums e:KID, wo eine Verbesserung der personalisierten immunsuppressiven Medikation von Patienten nach einer Nierentransplantation erreicht werden soll.

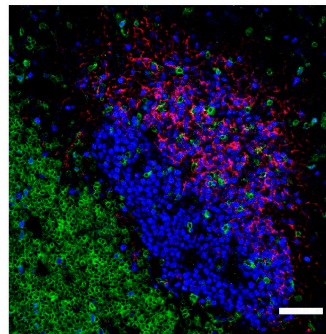
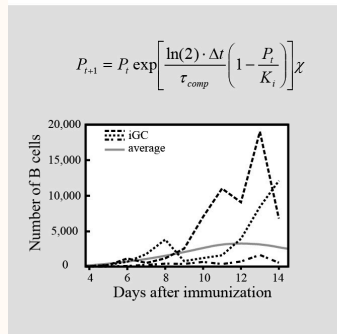
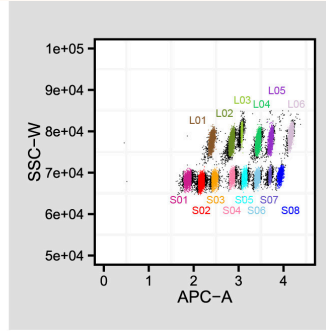
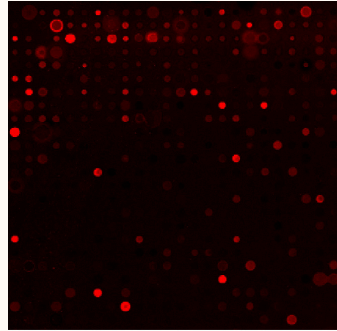


Abb. Das Systems Immunology Lab auf einen Blick: Ausschnitt einer Peptid-Mikroarray Serumantikörper-Signatur (oben links), datengetriebene durchflusszytometrische Identifizierung von Beadpopulationen in einem 14-plex Mix (oben rechts), konfokal-mikroskopische Aufnahme eines Tag 10 Keimzentrums der Mausmilz (unten rechts) und mathematische Simulation der Wachstumskinetik von Keimzentren (unten links).

Ausgewählte Publikationen

Or-Guil, M., and Faro, J. (2014). A major hindrance in antibody affinity maturation investigation: we never succeeded in falsifying the hypothesis of single-step selection. *Front. Immunol.* 5, 237.

Wittenbrink, N., Klein, A., Weiser, A.A., Schuchhardt, J., and Or-Guil, M. (2011). Is there a typical germinal center? A large-scale immunohistological study on the cellular composition of germinal centers during the hapten-carrier-driven primary immune response in mice. *J. Immunol.* 187, 6185–6196.

e:KID (e:Med, BMBF)

e:Kid ist ein Kooperationsprojekt zwischen klinischen Partnern, Forschungsinstituten, Biometrie-Abteilungen, translationalen Einrichtungen und Industriepartnern. Das Ziel ist die Erstellung und Validierung eines auf Systemmedizin basierten Modells für Quantifizierung von Komplikationsrisiken, das die personalisierte Therapie in einem frühen Stadium nach einer Nierentransplantation ermöglicht. Hierfür wird eine breite Palette verschiedener Parameter auf genetischer, posttranslatonaler und zellulärer Ebene in einer großen, klinisch gut charakterisierten Patientenkohorte (Harmony study, DRKS- ID: DRKS00000452) untersucht und verwendet.

FlowPep

[Bundesministerium für Wirtschaft (BMWi), Zentrales Innovationsprogramm Mittelstand (ZIM)]
FlowPep ist ein Forschungsverbund mit den Berliner Firmen Biosynton GmbH und PolyAn GmbH.



Das Ziel ist die Entwicklung eines Verfahrens, basierend auf einem Multiplex-Partikel-Array, zur Messung von Antikörper-Peptid-Wechselwirkungssignaturen. Das entstehende System – PepOnBeads – bündelt die Extraktion, Validierung und klinische Anwendung von Biomarkern in einem all-in-one-Werkzeug.

StratMarker

German-Israeli Foundation for Scientific Research and Development (GIF)



Im Forschungsverbund mit dem Ofran Lab of Systems Biology and Functional Genomics (geleitet von Yanay Ofran, Bar Ilan Universität, Israel) werden neue Strategien zur Identifizierung und Optimierung von Peptidbiomarkern für die serologische Diagnostik entwickelt und umgesetzt. Die Strategie-Entwicklung schließt sowohl experimentelle als auch bioinformatische Methoden ein.





MARCUS KRANTZ

Zelluläre Funktionen elementarer Reaktionen und Zustände

https://www2.hu-berlin.de/biologie/theorybp/index.php?goto=r_xn

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Unser Ziel ist es, zu verstehen wie Zellen Entscheidungen treffen, wenn sie auf bestimmte Umwelteinflüsse reagieren. Für das Verständnis dieses Entscheidungsprozesses benötigen wir detailliertes Wissen darüber, wie Moleküle interagieren. Diese Interaktionen entsprechen einer Netzwerkstruktur, welche jedoch sehr schnell an Komplexität zunimmt und deswegen nur schwer manuell analysierbar ist. Weiterhin gibt es trotz großer Datenmengen noch nicht ausreichend detailliertes experimentelles Wissen, um Netzwerke vollständig zu beschreiben. In unserer Gruppe entwickeln wir Methoden, um solche Netzwerke anhand empirischer Daten zu erstellen und sie anschließend in verschiedenen graphischen Darstellungen und mathematischen Modellen auszugeben. Diese können zu Simulationen genutzt werden, um herauszufinden welche Rollen Moleküle bei der Entscheidungsfindung spielen und damit Funktionsweisen und Krankheiten in komplexen Organismen wie dem Menschen besser zu verstehen.

Ausgewählte Publikationen

Lubitz T, Welkenhuysen N, Shashkova S, Bendrioua L, Hohmann S, Klipp E, Krantz M (2015) Network reconstruction and validation of the Snf1/AMPK pathway in baker's yeast based on a comprehensive literature review, npj Systems Biology and Applications 1. doi:10.1038/npjbsa.2015.7

Tiger CF, Krause F, Cedersund G, Palmér R, Klipp E, Hohmann S, Kitano H, and Krantz M (2012) A framework for mapping, visualisation and automatic model creation of signal transduction networks. Mol Syst Biol, 2012. 8: 578. doi: 10.1038/msb.2012.12

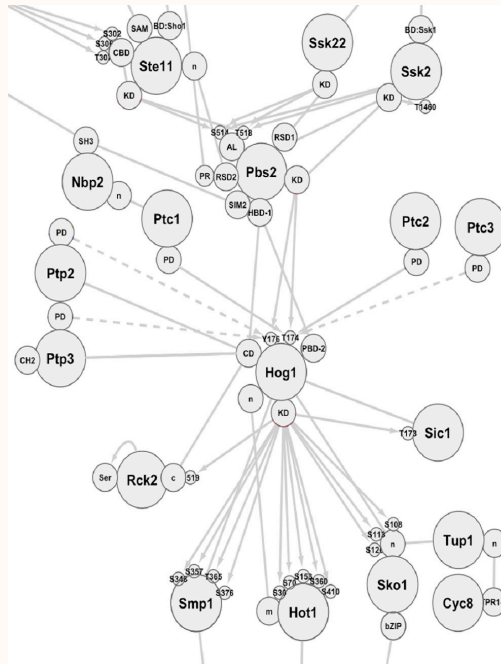


Abb. Das Wissen in der Datenbank entspricht einem Netzwerk von interagierenden Proteinen. Solche Netzwerke werden in der Zelle genutzt um Informationen zu verarbeiten und weiterzuleiten. Proteine übertragen diese durch Bindung und/oder Modifikation von anderen Proteinen. Die Interaktionen können in unterschiedlichem Detailgrad bis hin zu spezifischen Abschnitten eines Proteins dargestellt werden. Um zu verstehen wie eine Zelle Entscheidungen trifft, ist es entscheidend nicht nur die Beziehungen zwischen einzelnen Proteinen zu untersuchen und zu verstehen, sondern auch wie das Zusammenspiel vieler Proteine ein System zur Entscheidungsfindung formt.

e:Bio Celemental -
Beschreibung, Abbildung und Modellierung zellulärer Netzwerke anhand empirischer Daten – gefördert (FKZ0316193).

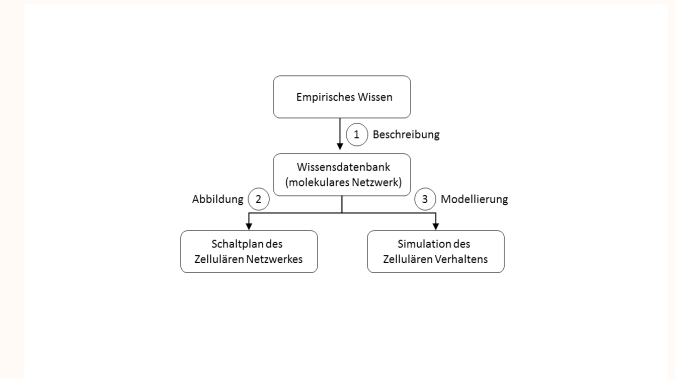


Abb. Die von uns entwickelten Methoden beziehen sich auf drei Punkte:

- (i) Für die Sammlung experimentellen Wissens über ein zelluläres System in einer Wissensdatenbank, entwickeln wir eine Sprache die eine effiziente und exakte Darstellung der Daten ermöglicht.
- (ii) Um das Wissen aus der Datenbank für den Menschen leicht zugänglich zu machen, arbeiten wir an Methoden mit denen die Informationen übersichtlich und anschaulich dargestellt werden können.
- (iii) Für die Simulation des Netzwerkes, entwickeln wir eine Software, welche das Wissen aus der Datenbank in ein Computermmodell übersetzen kann.





ANDREAS HERRMANN

Sprecher

<https://www.iri-ls.hu-berlin.de/en>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Humboldt-Universität hat in Kooperation mit der Charité und dem Max-Delbrück-Centrum das Integrative Forschungsinstitut (IRI) für Lebenswissenschaften im Rahmen der Exzellenzinitiative gegründet und gemeinsam Professuren sowie Nachwuchsgruppen eingerichtet. Anliegen ist die interdisziplinäre naturwissenschaftliche Grundlagenforschung und Nutzung komplementärer experimenteller und theoretischer Ansätze zur Aufklärung molekularer und zellulärer Prozesse, die von unmittelbarer medizinischer Relevanz sind. Das Institut vereint Wissenschaftler mit Expertisen der Zell- und Molekularbiologie, der Biophysik, der Neurowissenschaften, der Infektionsbiologie sowie der System- und Theoretischen Biologie.

Damit wird ein ebenso für die Lehre einzigartiges Umfeld geschaffen, um zum Beispiel die zellulären Ursachen von Infektions- und Krebserkrankungen, neurodegenerativen Erkrankungen, und fundierte Strategien der regenerativen Medizin zu erforschen.

Mitglieder



IRI Network Groups

Michael Brecht
Dirk Brockmann
Georg Duda
Ann Ehrenhofer-Murray
Christian Hagemeyer
Hanspeter Herzel
Edda Klipp
Richard Lucius
Kai Matuschewski
Uwe Ohler
Nikolaus Rajewsky
Christian Rosenmund
Clemens A. Schmitt
Christian Schmitz-Linneweber
Matthias Selbach
Christine Sers
Thomas Sommer

IRI Core Groups

Benedikt Beckmann
Nils Blüthgen
Simone Reber
Leonie Ringrose



Abb. IRI - Das Institut
Foto: Andreas Süß

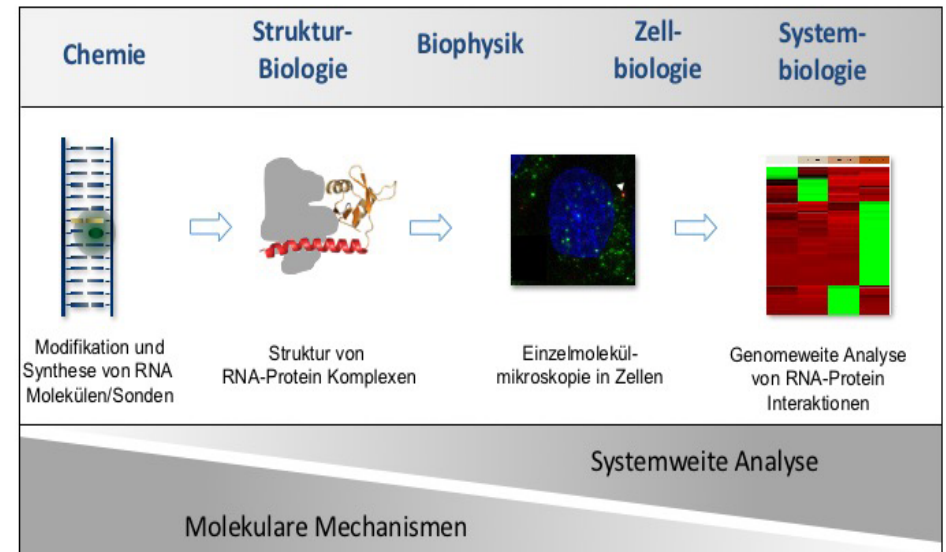


Abb. Das vom IRI koordinierte und von der Einstein-Stiftung geförderte Forschungsnetzwerk „Single Molecule RNA Biology - dynamics and functions of RNA from transcription to degradation“ besteht aus neun Gruppen der Humboldt Universität zu Berlin, der Freien Universität Berlin und des Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin - Berliner Institut für Medizinische Systembiologie. Copyright: Einstein-Netzwerk / Sprecher: Prof. Dr. Andreas Herrmann





HANSPETER HERZEL

Sprecher

<https://itb.biologie.hu-berlin.de/wiki/groups/herzel/start>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Die Arbeitsgruppe ist seit 1996 Teil des Institutes für Theoretische Biologie (ITB), einer gemeinsamen Einrichtung des Instituts für Biologie und der Charité.



Abb. 1. Symposium zur Theoretischen Chronobiologie auf dem Campus Nord im Herbst 2014

Wir wenden die Theorie dynamischer Systeme und Methoden der Bioinformatik auf verschiedene biomedizinische Fragen wie gen-regulatorische Netzwerke oder Signalkaskaden an.



Schwerpunkt der aktuellen Forschung ist die Analyse circadianer Rhythmen, einer autonomen Uhr, welche Aktivität, Physiologie und auch das Immunsystem im 24-Stunden Takt reguliert. Wir untersuchen die zugrundeliegenden genregulatorischen Rückkopplungsschleifen auf zellulärer Ebene, die Synchronisation von rhythmischen Zellen und die Koordination der Oszillationen in verschiedenen Organen wie Leber oder Herz. Schließlich modellieren wir auch das Entrainment der inneren Uhr zu externen Rhythmen, um die evolutionären Vorteile der circadianen Uhr zu verstehen.

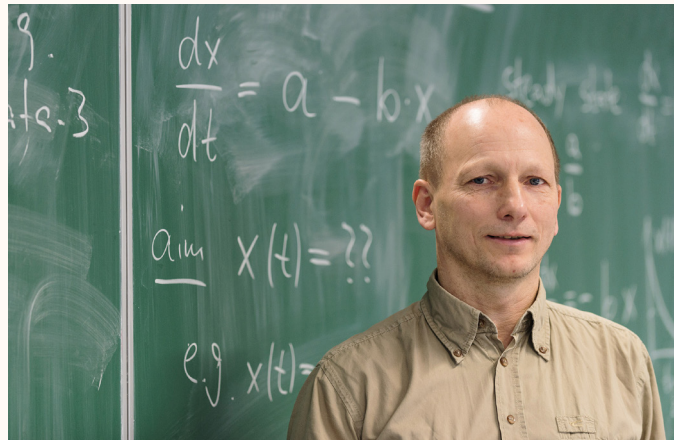


Abb. Mathematische Modellierung der Genregulation

Ausgewählte Publikationen

Westermarck PO, Herzel H (2013) Mechanism for 12 hr rhythm generation by the circadian clock. Cell Reports, 3:1228-1238.

Abraham U, Granada A, Westermarck PO, Heine M, Kramer A, and Herzel H (2010) Coupling governs entrainment range of circadian clocks. Mol. Syst. Biol., 6:438.

Beteiligung an Forschungsverbänden

SFB/TR 186

„Molekulare Schalter zur zeitlichen und räumlichen Regulation zellulärer Signaltransmissionsprozesse“
In diesem Verbund studieren wir die Rolle molekularer Schaltprozesse bei der Erzeugung circadianer Rhythmen in Säugetieren (mit Achim Kramer) und Pilzen (mit Michael Brunner). Dabei werden biochemische Experimente mit bioinformatischen Analysen und mathematischer Modellierung verknüpft.



GRK 1772

„Computergestützte Systembiologie“
Doktoranden in diesem Verbund wenden moderne Methoden der Bioinformatik und der Zeitreihenanalyse an, um experimentelle Daten zu analysieren. Auf dieser Basis werden deterministische und stochastische Modelle biologischer Rhythmen entwickelt.



BMBF-Netzwerk „Systems Biology of T Lymphocytes“

In Kooperation mit Wissenschaftlern vom Deutschen Rheumaforschungszentrum wird hier die dynamische Regulation des adaptiven Immunsystems mit Hilfe von bioinformatischen Analysen und raum-zeitlichen Modellen studiert.

Bernstein-Zentrum für Computational Neuroscience (BCCN Berlin)

National Institutes of Health (NIH), BMBF, DFG
Innerhalb des Berliner Netzwerkes und in Projekten mit japanischen und amerikanischen Partnern entwickeln wir datenbasierte Modelle von neuronalen Netzwerken.



Insbesondere wenden wir die Theorie gekoppelter Oszillatoren an, um Probleme von Jetlag und Schichtarbeit besser zu verstehen.



ANHANG 1 SEITE 1

Liste der Beteiligung an Forschungsverbänden

gefördert
von der Deutschen Forschungsgemeinschaft



Emmy Noether Programm



„Cyclic di-GMP in the control of multicellular differentiation in antibiotic-producing bacteria *Streptomyces*“.

„Collective Information Processing – From Individual Sensory Inputs to Swarming and Collective Decision Making“.

Exzellenzinitiativen

„BildWissenGestaltung - ein interdisziplinäres Labor“



„NeuroCure“

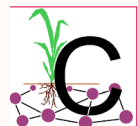


„Unifying Concepts in Catalysis (UniCat)“



Forscherguppen

FOR 918 „Carbon flow on belowground food webs assessed by isotope tracers“ (Kordinatorin: Liliane Rueß)



Graduiertenkollegs

GRK 1589
„Sensory Computation in Neural Systems“



GRK 1673
„Functional Molecular Infection Epidemiology“ Internationales Graduiertenkolleg



GRK 1772
„Computergestützte Systembiologie“



GRK 2046
„Parasiteninfektionen: von experimentellen Modellen zu natürlichen Systemen“



Sachbeihilfen

„Analyse der Kopplung zwischen Substratbindung und ATP-Hydrolyse in kanonischen homo- und heterodimeren Aminosäure-ABC-Importsystemen“

„Dynamik der Untereinheiteninteraktionen in ECF-Transportern“

„Konformationelle Dynamik und Regulation von Typ I ABC-transporter für Maltose aus Bakterien“

„Mechanismus metallspezifischer ECF-Transporter“

„Methyltransfer-Reaktionen im reduktiven Acetyl-Coenzym A Weg“

DFG-Sachbeihilfe UH 279/1-1 „Osmotic Stress Response“

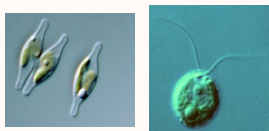
„Schlüsselmechanismen der molekularen Signaltransduktion durch den sekundären Botenstoff c-di-GMP bei der bakteriellen Biofilmbildung“

ANHANG 1 SEITE 2

Liste der Beteiligung an Forschungsverbänden

Forschergruppen

FOR 1261
„Specific light driven reactions in unicellular model algae“



FOR 1279
„Protein-based Photoswitches“ as optogenetic tools (Peter Hegemann)



FOR 1341
„Barrel Cortex Function“



FOR 2092
„Biogenesis of thylakoid membranes: Spatiotemporal organization of photosynthetic protein complex assembly“



Schwerpunktprogramme

SPP 1374
„Exploratorien zur funktionellen Biodiversitätsforschung“



SPP 1530
„Flowering time control: from natural variation to crop improvement“



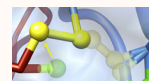
SPP 1617
„Heterogenität der Matrix-Produktion bei der bakteriellen Filmbildung“



SPP 1665
„Resolving and Manipulating Neuronal Networks in the Mammalian Brain - from Correlative to Causal Analysis“



SPP 1710
„Dynamics of Thiol-based Redox Switches in Cellular Physiology“



SPP 1784
„Chemische Biologie natürlicher Nucleinsäuremodifikationen“



SPP 1879 „Nucleotide Second Messenger Signaling in Bacteria“

SPP 1926 „Next Generation Optogenetics“



SPP 1927 „Iron-Sulfur for Life“

Sonderforschungsbereiche

TR 36
„Grundlagen und Anwendung adoptiver T-Zelltherapie“



TR 175
„Der Chloroplast als zentraler Knotenpunkt der Akklimation bei Pflanzen“



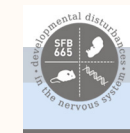
TR 186
„Molekulare Schalter zur zeitlichen und räumlichen Regulation zellulärer Signaltransmissionsprozesse“



SFB 650
„Zelluläre Ansätze zur Suppression unerwünschter Immunreaktionen - From Bench to Bedside“



SFB 665
„Entwicklungsstörungen im Nervensystem“



SFB 740
„Von Molekülen zu Modulen: Organisation und Dynamik zellulärer Funktionseinheiten“



SFB 765
„Multivalenz als chemisches Organisations- und Wirkprinzip: Neue Architekturen, Funktionen und Anwendungen“



SFB 1078
„Proteinfunktion durch Protonierungsdynamik“



ANHANG 2 SEITE 1

Liste der Beteiligung an Forschungsverbänden

gefördert
durch Bund und Länder



BMBF-Projekte

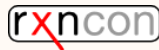
„Basistechnologisches Forschertandem: Nutzung von Sonnenenergie für die Bioelektrokatalyse - Entwicklung von Bioelektrodenstrukturen für die Synthese“

Bernstein-Zentrum für Computational Neuroscience (BCCN Berlin)



BMBF-Netzwerk „Systems Biology of T Lymphocytes“

e:Bio Cellemental - Beschreibung, Abbildung und Modellierung zellulärer Netzwerke anhand empirischer Daten – gefördert (FKZ0316193).



e:Bio Cyano Growth „Die Organisationsprinzipien des cyanobakteriellen Stoffwechsels“

e:Bio CYANOSYS II: „Systembiologie der Produktion von Biokraftstoffen durch Cyanobakterien“

eBio: ViroSign - Influenza Systems Virology - Molecular Signatures of Permissive Virus Infection

EU Infect-ERA: HantaHunt



Exist-Gründerstipendium „CellDeg“ gefördert durch das BMBF (2015-2016)



Klonidee: Entwicklung neuartiger biotechnologisch gestützter Züchtungs- und Produktionsverfahren für Frauenschuh-Orchideen (*Cypripedium*, *Paphiopedilum*)

„Kompetenzmodelle und Instrumente der Kompetenzerfassung im Hochschulsektor – Validierungen und methodische Innovationen“



„LiSym-Nachwuchsgruppe“ - Multiskalenmodelle der Leber für Personalisierte Leberfunktionstests

OptiTanne: Entwicklung und Testung eines technologischen Prozesses für die klonale Massenvermehrung, Anzucht und Klonbewertung bei *Abies nordmanniana*

SysToxxChip „Design of multi-organ chips to test toxicities of xenobiotics on human liver and kidney“

BMW & ZIM

FlowPep
[Bundesministerium für Wirtschaft (BMWi), Zentrales Innovationsprogramm Mittelstand (ZIM)]



ERC-advanced Grants

Peter Hegemann 2015
Fachgebiet Experimentelle Biophysik

Matthew Larkum 2014
Fachgebiet Neuronale Plastizität



ANHANG 3 SEITE 1


Liste der Beteiligung an Forschungsverbänden

gefördert
durch die Europäische Union



EU Konsortium „Ageing with
elegans“



Human Brain Project „Context Sensi-
tive Multisensory Object Recognition”  Human Brain Project

Marie Curie Netzwerk 642836 “Protein Factory -
Engineering of New-Generation Protein Secretion
Systems”



EU Marie Curie Netzwerk 675585 “SymBioSys:
Systematic Models for Biological Systems Engineering
Training Network”



ANHANG 4 SEITE 1

Liste der Beteiligung an Forschungsverbänden

Sonstige Forschungsverbände

Association of Members of the Wissenschaftskolleg zu Berlin
(Chairperson since 1995)



Berlin School of Mind and Brain

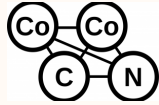
Bernstein-Netzwerk (BMBF, DFG,NIH)
„Computational Neuroscience“



BIH Collaborative Research Grant



„Cooperation and Collective Cognition Network“
Princeton University und
Humboldt-Universität zu Berlin



Comité Científico Nacional para la Flora de Cuba

Comité de Rédaction
de la Flore d'Afrique centrale



Deutsche Telekom Stiftung „Vom
Schülerlabor zum Lehr-Lern-Labor“



Einstein-Stiftung Netzwerk „Single molecule
RNA biology - dynamics and function of RNA
from transcription to degradation“



Das Einstein-Zentrum für Neurowissenschaften ist eine Initiative der Berlin School of Mind and Brain, des Bernstein Center for Computational Neuroscience, des Centrum für Schlaganfall-forschung Berlin und des Exzellenzclusters NeuroCure.



External Faculty of the Santa Fe Institute (New Mexico, USA)



HFSP Projekt „Taking snapshots of photosynthetic water oxidation: simultaneous X-ray spectroscopy and crystallography“



„Inhibition of ammonia emissions from manure through inhibition of nickel uptake into microbial cells“

Initiative „Plant Mitochondria In New Light“ International Max Planck Research School on the Life Course

Institute of Scientific Interchange (ISI)



IRI Life Sciences

International Max Planck Research School on the Life Course



Deutsche Telekom Stiftung „Vom Schülerlabor zum Lehr-Lern-Labor“

National Institutes of Health (NIH)



Einstein-Stiftung Netzwerk „Single molecule RNA biology - dynamics and function of RNA from transcription to degradation“

Northwestern Institute on Complex Systems (NICO)



Robert Koch-Institut



StratMarker (GIF - German-Israeli Foundation for Scientific Research and Development)



The Leverhulme Trust: International Research Network



ZIBI Graduate School Berlin
(Research in Infection Biology and Immunology)



Zentrales Innovationsprogramm Mittelstand



ANHANG 5

Liste der PreisträgerInnen des Humboldt-Preises
am Institut für Biologie

Mit dem Humboldt-Preis werden ausgezeichnete wissenschaftliche Arbeiten von Studierenden sowie von Nachwuchswissenschaftlerinnen und -wissenschaftlern der Humboldt-Universität zu Berlin gewürdigt.

Magister- und Masterarbeiten

2007

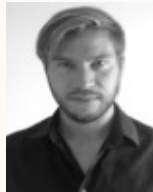
Arthur Guljamow

„Identification and characterization of eukaryote-like actin and profilin in *Microcystis aeruginosa* PCC7806“

2012

Robert Ohlendorf

„From Dusk till Dawn: One-Plasmid Systems for light regulated Gene Expression“



2013

Johannes Vierock

„Schnelles Flicker Gating des Modellkaliumkanals KcsA“



Diplomarbeiten

2001

Sandra Wohlgemuth

„Wegintegration bei der Wüstenameise *Cataglyphis fortis*: Einfluss der dritten Dimension auf die Distanzmessung“

2003

Sebastian Schelenz

„Untersuchung schneller Einfrierprozesse beim Aufprall auf gekühlte Oberflächen“

2010

Franziska Schneider

„Modifikationen an Volvox-Kanalrhodopsin 1 zur Verbesserung von Expression und Farbverschiebung“



2011

Wolfgang Giese

„Numerische Behandlung einer linearen Reaktions-Diffusions-Gleichung mit einer Anwendung in der interzellulären Kommunikation bei Hefezellen“



Dissertationen

2004

Dr. Tim Gollisch

„The Auditory Transduction Chain: Identification of the Functional Modules Involved in Sound Encoding“

2008

Dr. Melanie Braig

Rolle der Histonmethyltransferase Suv39h1 in zellulärer Seneszenz und Ras-induzierter Lymphomgenes

2009

Dr. Henning Sprekeler

„Slowness Learning: Mathematical Approaches and Synaptic Mechanisms“



2011

Dr. Stephan Schlickeiser

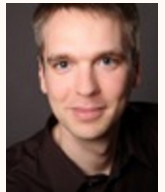
„In vitro und in vivo Charakterisierung tolerogener dendritischer Zellen“



2012

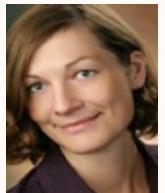
Dr. André Berndt

Mechanismus und anwendungsbezogene Optimierung von Channelrhodopsin-2



Dr. Charlotte Giesen

ICP-MS and Elemental Tags for the Life Sciences



2014

Dr. Franziska Schneider

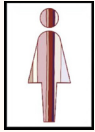
„Design and electrophysiological characterization of rhodopsin-based optogenetic tools“



ANHANG 6

Zahlen und Fakten

Mitarbeiterstruktur



MitarbeiterInnen gesamt: 349
davon ^{*1)}

246 Wissenschaftliche MitarbeiterInnen: ^{*2)}
80 HH-finanziert:
166 DM-finanziert:

103 Nichtwissenschaftliche MitarbeiterInnen:
81 HH-finanziert:
22 DM-finanziert:

Sonderprofessuren: 11

*1) „Köpfe“, kein Vollzeit-Äquivalent

*2) incl. Professuren

Stand: 31.12.2015

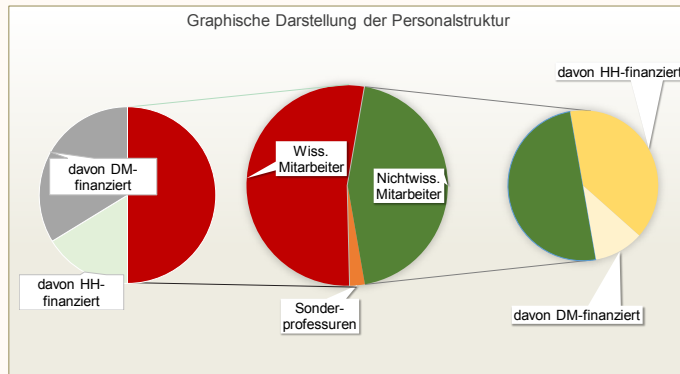


Abb. Graphische Darstellung der Mitarbeiterstruktur

- Wissenschaftliche Mitarbeiter
- davon DM-finanziert
- davon HH-finanziert
- Nichtwissenschaftliche Mitarbeiter
- davon DM-finanziert
- davon HH-finanziert
- Sonderprofessuren

Drittmittelausgaben in EUR Institut für Biologie

Laufende Schwerpunktthemen:

Exzellenzcluster
EC UniCat, NeuroCure, BildWissenGestaltung

Forschergruppen
FOR 918, 1261, 1279, 1341, 2092

Graduiertenkollegs
GRK 1589, 1673, 1772

Sonderforschungsbereiche
SFB 650, 665, 740, 765, 1078, SFB/TRR 36, SFB/TRR 175
SFB/TRR 186,

Schwerpunktprogramme
SPP 1374, 1530, 1617, 1665, 1784, 1879, 1926, 1927

EU-Projekte/ European Research Council
2016 - MERA
2014 - „SecMessBioFilm“
2014 - Neuro-Behavior“

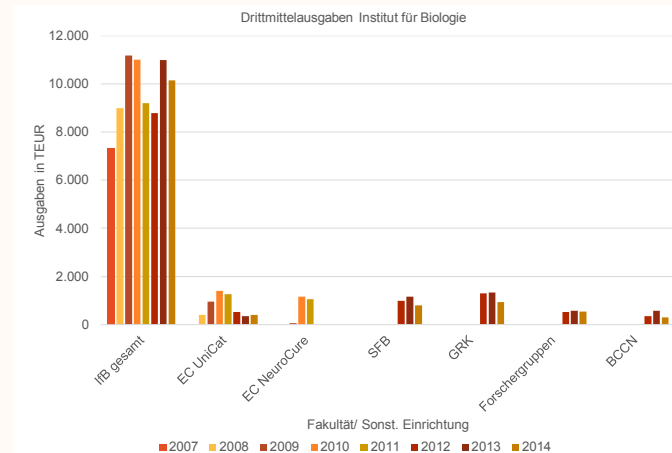


Abb. Drittmittelausgaben am Institut für Biologie

Lehrangebot des Institutes für Biologie

Abschluss	Studienfach	Zulassungszahlen	Zulassung 1. FS WS 2015/2016	Auslastung (Verrechnung m. mehreren Semestern)	NC	Eingeschriebene Studierende Stand April 2016
Monobachelor	Biologie	165	192	18 überbesetzt	Ja	499
Monobachelor	Biophysik	50	56	7 überbesetzt	Ja	134
Kombibachelor	Biologie-Kernfach	45	66	16 überbesetzt	Ja	143
Kombibachelor	Biologie-Zweifach	50	68	14 überbesetzt	Ja	
Master	Biophysik	Frei	23	5 überbesetzt	Nein	73
Master	Molekulare Lebenswissenschaft	30	50	1 überbesetzt	Ja	156
Master	Organismische Biologie und Evolution	30	24	25 frei	Ja	86
Master	Computational Neuroscience	15	13	2 frei	Ja	39
Lehramtsmaster (1. Fach)	Biologie	Frei	14	6 überbesetzt	Nein	19
Lehramtsmaster (2. Fach)	Biologie	Frei	24	1 überbesetzt	Nein	12

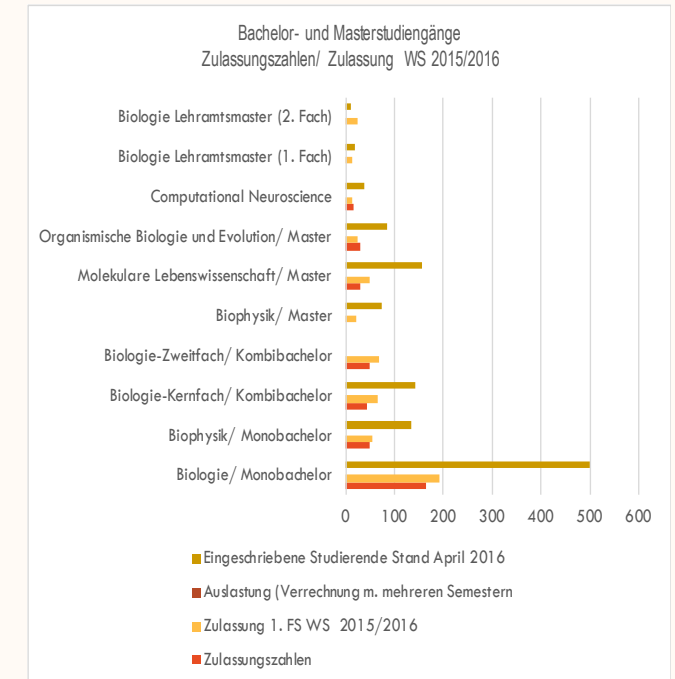


Abb. Übersicht zum Lehrangebot des Institutes für Biologie

ANHANG 7

Promotionen am Institut für Biologie

Abschlüsse 2015

125	Abschlüsse
49	Institut für Biologie
26	Charité
20	Max-Delbrück-Centrum
10	Deutsches Rheuma-Forschungszentrum Berlin
20	Sonstige

Kommissionsvorsitzende 2015

125	Vorsitze
97	Professuren des IfB (davon 7 am Max-Delbrück-Centrum)
28	S-Professuren (davon 16 vom Max-Delbrück-Centrum)

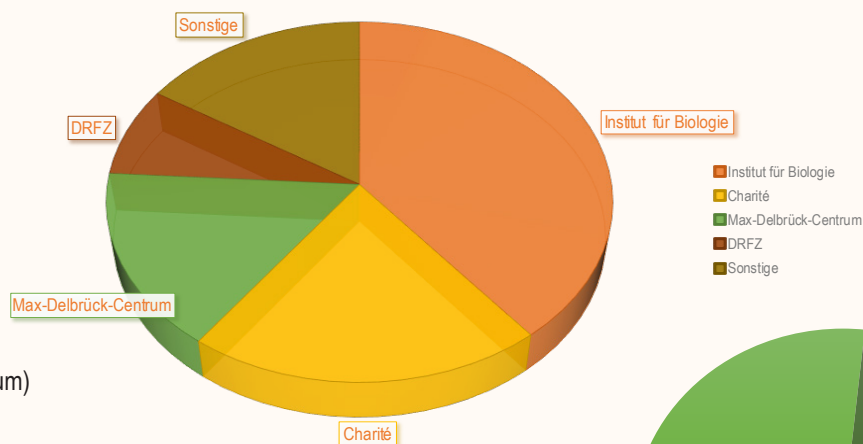
Gutachten 2015

125	Abschlüsse
375	Benötigte Gutachten
88	Gutachten aus dem Institut für Biologie
87	Gutachten aus der Charité
55	Gutachten aus dem Max-Delbrück-Centrum
14	Gutachten aus dem Deutschen Rheuma-Forschungszentrum Berlin
131	Rest

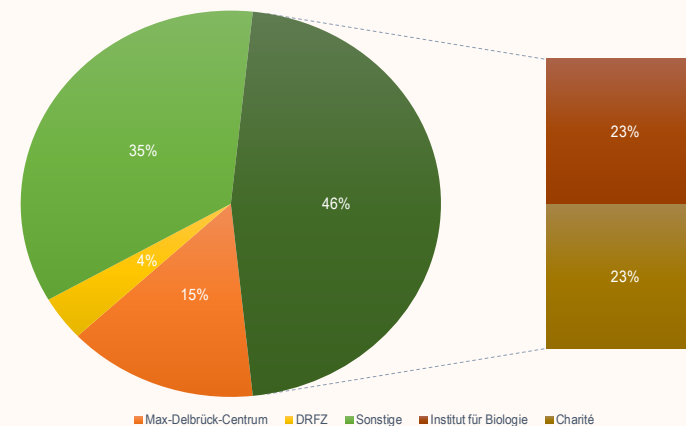
Zulassungen 2015

90	Neu zugelassen am Institut für Biologie
36	arbeiten in einer Arbeitsgruppe des Institutes für Biologie
54	arbeiten an einer anderen Einrichtung
17	am Max-Delbrück-Centrum (MDC)
	davon 9 bei S-Professoren und 8 über Promotionsprogrammbefugnis
16	an der Charité
	davon alle über Promotionsprogramm oder offizielle HU-Betreuung
12	Jeweils 4 aus DRFZ, MPI IB, RKI
9	Sonstige

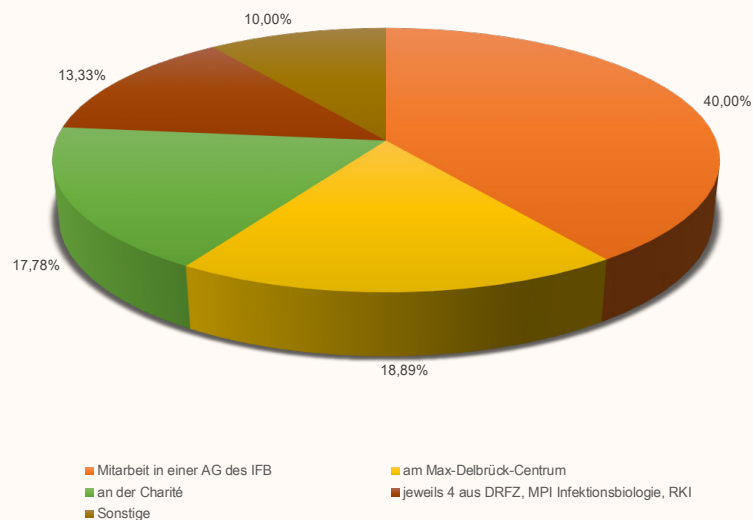
ABSCHLÜSSE 2015



GUTACHTEN 2015



ZULASSUNGEN 2015



ANHANG 8

Der Institutsrat stellt sich vor:
(Legislaturperiode 2016-2018)



Michael Brecht
Geschäftsführender Direktor



Peter Hegemann
Stellvertreter



Dirk Brockmann
Epidemiologische Modellierung
von Infektionskrankheiten



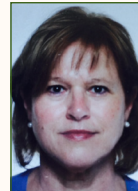
Thomas Eitinger
Mikrobiologie



Bernhard Grimm
Pflanzenphysiologie



Edda Klipp
Theoretische Biophysik



Elvira Lauterbach
Theorie neuronaler Systeme



Kai Matuschewski
Molekulare Parasitologie



Christian Schmitz-Linneweber
Molekulare Genetik



Heidmarie Schneider
Pflanzenphysiologie



Sinah Pecina
Fachschaft Biologie



Ralf Steuer
Metabolic Network Analysis



Vitor von der Bey
Fachschaft Biologie

ANHANG 9

Die Fachschaft stellt sich vor:



<https://fachschaften.hu-berlin.de/de/fsbio>

Beschreibung des Arbeitsgebietes

Als Fachschaft bezeichnet man eine Institution der studentischen Selbstverwaltung und Interessensvertretung an Universitäten und anderen Hochschulen.

Wir haben uns zusammengefunden, um uns ehrenamtlich für die Interessen der Studierenden an unserem Institut einzusetzen. Wir organisieren Veranstaltungen, die über das ganze Semester verteilt sind. Dabei arbeiten wir häufig mit anderen Instituten, z. B. dem Thear-Institut oder dem „Vogelfrei e. V. Berlin“ zusammen. Zum Semesterbeginn sind das insbesondere die Ersti-Veranstaltungen: Einführungsveranstaltungen, Vorkurse für Mathematik, Vorträge über Studienorganisation und Bibliotheksnutzung, offene Fragerunden in unserem Studentischen Café „Flora Soft“ und die Erstsemesterfahrt zum ersten Kennenlernen.

Kontakt:

Humboldt-Universität zu Berlin
Fachschaft Biologie
Invalidenstraße 42
10115 Berlin

Fachschaftstreffen (immer montags um 18.00 Uhr)
Invalidenstr. 42, Mittelbau (Biophysik-Gebäude)
1. OG, Raum 109



Barbara Sanchez Viveros



Manon Grünberg



David Kaupp



Sinah Pecina



Franziska Thoma



Titus Hinze



Frederike Büttner



Vitor von der Bey



Juline Cibis



Abb. Treffen der Erstis

Gewählte Vertreter und Vertreterinnen setzen sich in den verschiedensten Gremien, wie dem Fakultätsrat, den Institutrat oder der Kommission für Lehre & Studium für die Belange der Studierenden ein. Dazu gehören Entscheidungen über die für die Lehre zur Verfügung gestellten Mittel, über die Ausarbeitung der Studien- und Prüfungsordnungen bis hin zur Berufung neuer Dozenten. Um das Biologiestudium für die Studierenden so übersichtlich wie möglich zu machen, bieten wir ein breites Beratungs- und Informationsangebot, wie z. B. die Studentische Fachberatung oder die Sprechstunden der Fachschaft an. Mit der Unterstützung der Frauenbeauftragten kümmern wir uns speziell um Probleme weiblicher Studierender, wie beispielsweise alleinerziehender Mütter oder spezielle Stipendien für Frauen.



Abb. Studentisches Café Flora Soft



ANHANG 10 SEITE 1

Glossar

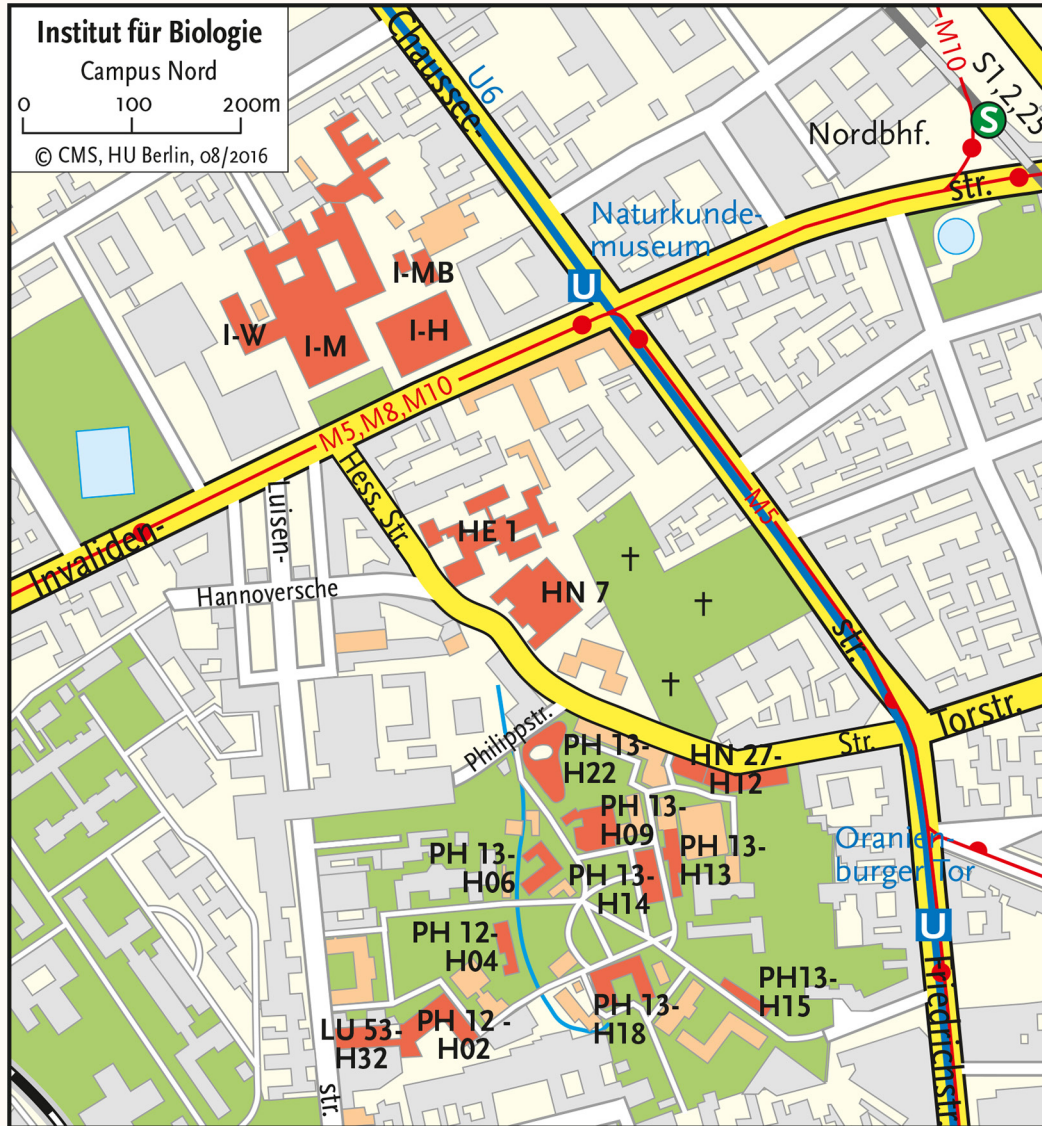
ABC	ATP-Bindekassette	FNR e. V.	Die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. ist Projektträger des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Hauptaufgabe der FNR ist die fachliche und administrative Betreuung von Forschungsvorhaben zur Nutzung nachwachsender Rohstoffe.	MDC	Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin
ATT	adoptive T-Zelltherapie			MINT	MINT-Fächer ist eine zusammenfassende Bezeichnung von Unterrichts- und Studienfächern beziehungsweise Berufen aus den Bereichen Mathematik, Informatik, Naturwissenschaft und Technik.
ATPasen	Kurzform von Adenosintriphosphatasen				
BCCN Berlin	Bernstein Center for Computational Neuroscience Berlin	FOR	Forschergruppe	mRNA	(englisch messenger RNA), auch Boten-RNA genannt
BESSY	Berliner Elektronenspeicherring-Gesellschaft für Synchrotronstrahlung m. b. H.	GIF	German-Israeli Foundation for Scientific Research and Development	NIH	National Institutes of Health
BIH	Berlin Institute of Health	GRK	Graduiertenkolleg	RBP	RNA-Bindeproteine
BMBF	Bundesministerium für Bildung und Forschung	HLA A2	Humanes Leukozytenantigen	RNA	Ribonukleinsäure
BMWi	Bundesministerium für Wirtschaft	HFSP	The Human Frontier Science Program Das HFSP fördert neue, innovative und interdisziplinäre Grundlagenforschung, deren Fokus komplexe Mechanismen lebender Organismen sind. Themen reichen von molekularen und zellulären Ansätzen zu System- und kognitiven Neurowissenschaften.	tRNA	Transfer-RNA (kurze Ribonukleinsäuren)
<i>C. elegans</i>	Caenorhabditis elegans			rRNA	ribosomale Ribonukleinsäure
cAMP	Cyclisches Adenosinmonophosphat			PcG-Gruppen	Proteine der Polycomb-Gruppen
cGMP	Cyclisches Guanosinmonophosphat	IRI	Integrative Research Institute of Life Sciences	ProMINTion	Im Oktober 2014 aus Mitteln des Zukunftskonzeptes der Exzellenzinitiative bewilligte Graduiertenschule
CAR	chimäre Antigenrezeptoren	ITB	Institut für Theoretische Biologie	PSI/ PSII	Photosystem I und II
CoCCoN	Cooperation and Collective Cognition Network“	IZfB	Interdisziplinäres Zentrum für Bildungsforschung	SFB	Sonderforschungsbereich
DFG	Deutsche Forschungsgemeinschaft	KoKoHs	Kompetenzmodelle und Instrumente der Kompetenzerfassung im Hochschulsektor – Validierungen und methodische Innovationen	SIP	Stable Isotope Probing
DNA	Desoxyribonukleinsäure			SPP	Schwerpunktprogramm, gefördert durch die DFG
ECF	Energy-coupling factor	Ko-WA-DiS	Kompetenzmodellierung und -erfassung zum Wissenschaftsverständnis über naturwissenschaftliche Arbeits- und Denkweisen bei Studierenden (Lehramt) in den drei naturwissenschaftlichen Fächern Biologie, Chemie und Physik	TP	Teilprojekt
EU	Europäische Union			TR	Transregio
EU Infect-ERA	Koordination der Europäischen Förderung von Forschung an Infektionskrankheiten			Treg	regulatorische T-Zellen
				TrxG-Gruppen	Trithorax-Gruppen

ANHANG 10 SEITE 2

Glossar		Liste aller verwendeten Quellen - Fotos und Abbildungen	Zitate und Literaturangaben
T-Zellen	T-Lymphozyten	Philippstraße 13, Haus 22 Rhoda-Erdmann-Haus Abbildung: Silke Stutzke, 12. Oktober 2016	Geschichte der Humboldt-Universität zu Berlin, Humboldts Idee: Die Einheit von Lehre und Forschung, Archiv Pressestelle
TZR	antigenspezifische T-Zellrezeptoren		
UniCat	Unifying Concepts in Catalysis	Bildnis Wilhelm von Humboldt, 1960 Monografie Staatsbibliothek zu Berlin - PK Handschriftenabteilung, Porträt- sammlung Portr. Slg / Verw. gr / Humboldt, Wilhelm von, Nr. 2 Lizenz: CC-BY-NC-SA	Markschies, Christoph (2010) Wilhelm von Humboldt, Antrag auf Errichtung der Universität Berlin. Gründungstexte. Festgabe zum 200-jährigen Jubiläum der Humboldt-Universität zu Berlin, Humboldt-Universität zu Berlin 2010, http://edoc.hu-berlin.de
VAAM	Vereinigung für Allgemeine und Angewandte Mikro- biologie	Universitätsgebäude 1825.jpg, Repro HU-Fisahn	
ValidiS	Im Projekt ValidiS wird die Validität der Testwertin- terpretationen eines schriftlichen Instruments zur Er- fassung des wissenschaftlichen Denkens untersucht, das im Rahmen des Vorgängerprojekts Ko-WADiS ent- wickelt wurde. ValidiS ist ein Gemeinschaftsprojekt der Freien Universität Berlin und der Humboldt-Univer- sität zu Berlin.	Kurt Noack, 1953. Das Foto entstammt dem Nachlass Noack. Ekkehard Höxtermann, „Die Biologen der Humboldt-Universität zu Berlin zwischen Illusion und Wirklichkeit (1945 bis 1968)“, Leipziger Universitätsverlag GmbH 2010, S. 277-294. Professor Rhoda Erdmann, 1935 Monografie Staatsbibliothek zu Berlin – PK Handschriftenabteilung, Porträtsamm- lung Portr. Slg/ Med. kl/ Erdmann, Rhoda, Nr. 4 Lizenz: CC-BY-NC-SA	Beiträge zur Entwicklung der Biologie in der Geschichte der Berliner Universität. Wiss. Ztschr. Humboldt-Univ. Berlin, Math.-Nat. Reihe, 34 (1985), H. 3/4. Höxtermann, E.: Die Biologen der Humboldt-Universität zu Berlin zwi- schen Illusion und Wirklichkeit (1945 bis 1968). In Girnus, W., K. Meier (Hrsg.): Die Humboldt-Universität Unter den Linden 1945 bis 1990. Zeitzeugen, Einblicke, Analysen. Leipzig: Universitätsverlag 2010, 277-294.
WOC	wasser-oxidierende Komplex		Prof. Dr. Ekkehard Höxtermann, Berlin
ZIM	Zentrales Innovationsprogramm Mittelstand	Univ.-Prof. Frau Dr. Rhoda Erdmann 60 Jahre, 1930 Monografie Staatsbibliothek zu Berlin – PK Handschriftenabteilung, Porträtsamm- lung Portr. Slg/ Med. kl/ Erdmann, Rhoda, Nr. 2 Lizenz: CC-BY-NC-SA	Rhoda Erdmann, Wikipedia, Frau Annette Vogt https://de.wikipedia.org/wiki/Rhoda_Erdmann , zuletzt geändert am 24. September 2014
ZIBI	Interdisziplinäres Zentrum für Infektionsbiologie und Immunität	Die Fachschaft des Institutes für Biologie stellt sich vor Abbildungen: Vitor von der Bey, Franziska Thoma, David Kaupp „o. J.“, https://fachschaften.hu-berlin.de/de/fsbio/wer-wir-sind Treffen der Erstis, Fachschaft Biologie der HU-Berlin Abbildung: Vitor von der Bey, 22. Juli 2016 https://fachschaften.hu-berlin.de/de/fsbio/erstis Studentisches Café Flora Soft, Fachschaft Biologie der HU-Berlin Abbildung: Vitor von der Bey, „o. J.“, https://fachschaften.hu-berlin.de/ de/fsbio/was-wir-machen/studentisches-cafe Lageplan des Standortes Berlin-Mitte, Dipl.-Ing. M. Winkelbrandt Digitale Medien des CMS der HU, 09. September 2016 Invalidenstraße 42, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Abbildung: Martin Ibold, 23. November 2016, https://www.hu-berlin. de/de/ueberblick/campus/nord/standorte/invalidenstrasse-42/	Ko-WADiS Kompetenzmodellierung und -erfassung zum Wis- senschaftsverständnis über naturwissenschaftliche Arbeits- und Denkweisen bei Studierenden (Lehramt) in den drei naturwissen- schaftlichen Fächern Biologie, Chemie und Physik http://www.kompetenzen-im-hochschulsektor.de /225_DEU_HTML.php VaLiDiS Kompetenzmodellierung und -erfassung: Validierungspro- jekt zum wissenschaftlichen Denken im naturwissenschaftlichen Studium https://www2.hu-berlin.de/biologie/biodidaktik/forschung/ Validis.html

ANHANG 11

Lageplan des Standortes Berlin-Mitte



Legende/ Überblick

- HE 1**
Universitätsbibliothek
Hessische Str. 1-2
- HN 7**
Mensa Nord
Hannoversche Str. 7
- I-M**
Museum für Naturkunde
Invalidenstr. 43
- I-MB**
Institut für Biologie, Biophysik
Invalidenstr. 42 (Hauptgebäude
und Mittelbau)
Invalidenstr. 43 (im MfN)
- I-H**
Albrecht Daniel Thaer-Institut
IfB, Geschäftsstelle
Lebenswissenschaftliche Fakultät
Dekanat/ Fakultätsverwaltung
Hauptgebäude
Invalidenstr. 42
- HN 27 - H 12**
Institut für Biologie
Albrecht Daniel Thaer-Institut
Hannoversche Str. 27
- LU 53- H 32**
Institut für Biologie
Albrecht Daniel Thaer-Institut
Luisenstr. 53
- PH 13- H 06**
Bernstein Center für Computational
Neuroscience Berlin
Philippstr. 13
- PH 13- H 09**
Institut für Biologie
Philippstr. 9
- PH 13- H 13**
Institut für Biologie
Philippstr. 13
- PH 13- H 14**
Institut für Biologie
Philippstr. 14
- PH 13- H 15**
Institut für Biologie
Philippstr. 15
- PH 13- H 18**
Leonor-Michaelis-Haus
Institut für Biologie
Philippstr. 13
- PH 13- H 22**
Rhoda-Erdmann-Haus
Institut für Biologie
Philippstr. 13
- PH 12- H 02**
Institut für Biologie
Philippstr. 12
- PH 12- H 04**
Ostertaghaus/ Anatomisches Theater
Philippstr. 12





Herausgeber:

Humboldt-Universität zu Berlin
Institut für Biologie

Layout und Recherche:

Professor Dr. Peter Hegemann

Druck:

Dipl.-Betriebswirt (FH) Claudia Lehmann

Geschäftsstelle

Invalidenstr. 42, 10115 Berlin

☎ +49 (30) 2093-46305

☎ +49 (30) 2093-46358

✉ gdbiologie@rz.hu-berlin.de

