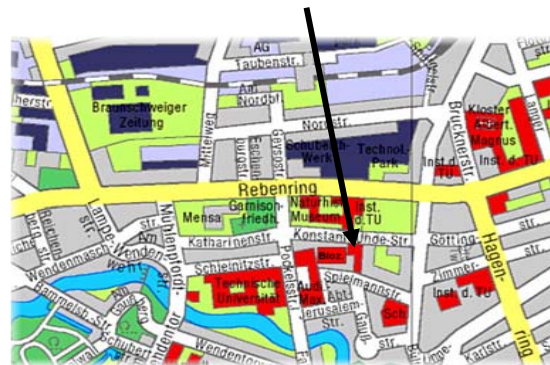


Institut für Bioverfahrenstechnik
 Spielmannstr. 11a



Sonderforschungsbereich 578
 Sprecher: Prof. Dr. Dieter Jahn

Geschäftsführung/Geschäftsstelle
 Prof. Dr. Rainer Krull/Frau Sarah Heine
 Gaußstr. 17, D-38106 Braunschweig
 Tel./Fax: 0531/391-7655/7652
 Email: sfb578@tu-bs.de

Öffentlichkeitsarbeit: Prof. Dr. M. Schilling
 Email: m.schilling@tu-bs.de

Projektbereich A: Molekularbiologie der Produktbildung

- A1 Produktion rekombinanter Glycosyltransferasen mit *Bacillus megaterium* und *Aspergillus niger* (Jahn / Dersch)
- A6 Systembiologie der Chaperone bei der Produktion von Antikörpern durch *Bacillus megaterium* (Dübel / Hust)
- A7 Strukturbiologie von Glycosyltransferasen zur Optimierung von biotechnologischen Prozessen (Heinz / Seibel)

Projektbereich B:

Systembiotechnologie der Produktbildung

- B3 Einfluss des Environoms auf die Morphologie und Produktbildung filamentöser Pilze (*Aspergillus niger*) (Krull / Hempel)
- B4 Systembiotechnologie der Produktbildung durch *Aspergillus niger* (Jahn / Nörtemann / Jänsch)
- B7 Mikromechanische Eigenschaften filamentöser Organismen (Kwade / Kampen)
- B8 Metabolische Prozessanalyse von Antikörperproduzierendem *Bacillus megaterium* (Franco-Lara)
- B9 Integrierte Datenbanken, bioinformatische Werkzeuge, Analyse und Modellierung für die Systembiologie mit *B. megaterium* und *A. niger* (Münch / Schomburg)
- B10 Systembiotechnologie der Glycosyltransferaseproduktion mit *Bacillus megaterium* (Jahn / Franco-Lara)
- B11 Dynamik metabolischer Netzwerke zur Produktion rekombinanter Glycosyltransferasen (Wittmann)

Projektbereich C: Prozesstechnik

- C2 Kontinuierliche chromatographische Trennung ternärer und quasi-ternärer Gemische (Seidel-Morgenstern)
- C6 Nanoanalytik für Proteinproduktionsprozesse (Schilling / Ludwig)
- C7 Protein-Aufreinigung mit funktionalisierten magnetischen Nanopartikeln (Garnweitner / Schilling)

Projektbereich D: Anwendungstechnik

- D1 Drug Delivery Systeme für die kontrollierte Proteinfreisetzung (Menzel / Bunjes)
- D2 Mikrochips für die Proteinanalytik und -diagnostik (Büttgenbach / Dübel)

Transferbereich TF

- TF2 Rekombinante Produktion neuartiger Phytasen mit *Bacillus megaterium* (Jahn)

111. Kolloquium
 (PhD Patricia Lepage)

SFB 578

Integration gen- und verfahrenstechnischer Methoden zur Entwicklung biotechnologischer Prozesse

- Vom Gen zum Produkt -

23. August 2011, 17:00 Uhr

Institut für Bioverfahrenstechnik
 Spielmannstr. 11a
 Seminarraum

Der SFB 578 „*Integration gen- und verfahrenstechnischer Methoden zur Entwicklung biotechnologischer Prozesse – Vom Gen zum Produkt* –“ stellt sich die Aufgabe, natur- und ingenieurwissenschaftliche, insbesondere gen- und verfahrenstechnische Methoden zu verknüpfen, um Produkte mit hoher Wertschöpfung zu gewinnen. Dabei werden vorrangig Prozesse zur mikrobiellen Herstellung neuer heterologer rekombinanter Proteine systematisch bearbeitet. Die Zielprodukte weisen entweder eine pharmazeutische Wirkung auf (Antikörper, Knochenwachstumsfaktoren) oder sind als Biokatalysatoren einsetzbar (Glycosyltransferasen), die neuartige Oligosaccharide synthetisieren. Als Wirtssysteme werden die Bakterien *Escherichia coli* (gram negativ) und *Bacillus megaterium* (gram positiv) sowie der filamentöse Pilz *Aspergillus niger* eingesetzt. Ziel des SFB ist es, an den genannten Beispielen die Wechselwirkungen biologischer, biochemischer und verfahrenstechnischer Vorgänge zu erfassen und besser zu verstehen. Die Forschungsschwerpunkte liegen dabei auf einer ganzheitlichen systembiotechnologischen Modellbildung für das biologische System, der Produktbildung im Reaktor, der Produktaufreinigung sowie der Anwendungstechnik.

The joined collaborative research center SFB 578 “*Development of biotechnological processes by integrating genetic and engineering methods - From gene to product*”, aims at combining and integrating methods available both from the basic sciences and from the engineering sciences, notably genetics and biochemical engineering, to obtain high value-added products. The work primarily concerns processes for the microbial production of new heterologous recombinant proteins. The products to be focused on are either pharmaceutically active (antibodies, bone morphogenetic proteins) or serve as biocatalysts to synthesize new oligosaccharides. The bacteria *Escherichia coli* (gram-negative) and *Bacillus megaterium* (gram-positive) as well as the mycelium-forming fungus *Aspergillus niger* will be used as host organisms. The aim of the collaborative research center basically is to investigate and understand the interaction of biological, biochemical, and engineering factors, aspects, and processes, taking the mentioned products and organisms as examples. The central aspects concern integrated systems biotechnological modeling of the biological system, product formation in the reactor, product isolation and purification up to application technology.

111. Kolloquium

PhD Patricia Lepage

Functionality of the Intestinal Ecosystem (FlnE)
UMR1319 - MICALIS
INRA Jouy-en-Josas
France

Meta-Omics of the Human Gut Mucosal Microbiota in Inflammatory Bowel Diseases

**Dienstag, 23. August 2011
17:00 Uhr**

Institut Bioverfahrenstechnik
Spielmannstr. 11a
Seminarraum
38106 Braunschweig

The human intestinal tract counts up to 10^{14} bacteria. In terms of cell number, this bacterial community represents 100 times the total number of human cells in the entire body. The number of species has been estimated to reach 1,000 per individual's gut microbiota. The complex intestinal microbiota plays a beneficial role for its host in the metabolism of non-digestible food components (dietary fibers), in producing vitamins and short-chain fatty acids and shaping host physiology. Dysbiosis or dysfunction of the intestinal microbiota on the other hand is suspected to be involved in several complex pathologies. However, no causative links between the intestinal microbiota and these diseases have been found to date. Our knowledge of the intestinal microbiota remains limited mainly because of the difficulty to cultivate *in vitro* the largest part of the bacterial community (70% to 90% of total diversity). This represents a major technological hurdle. Thus, in order to better understand the implication of the intestinal microbiota in homeostasis and sustained human health, it is necessary to use and adapt the most innovative molecular technologies.

The use of bacterial 16S rDNA molecule to assess microbiota composition led to the description of four main bacterial phyla within the human gut: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* and *Proteobacteria*. Furthermore, it is now established that each human being has its own gut microbiota composition. Today, *via* the metagenomics approach, the bacterial genomic content of an ecosystem can directly be accessed from the environment, without any cultivation step. The existence of a common bacterial core composed of 75 bacterial species has hence been proposed by the MetaHit consortium by applying Metagenomics.

Crohn's disease (CD) and ulcerative colitis (UC), referred to as inflammatory bowel diseases (IBD), are chronic pathologies that are diagnosed at young age (mainly between 15 and 30 years of age) and that strongly impair quality of life. Although the exact aetiology of IBD is still unknown, it is now generally accepted that commensal bacteria play a role in their pathogenesis and a perturbation in bacterial communities (dysbiosis) appears to be a key factor in CD. A decreased diversity of bacterial species from the *Clostridium leptum* group, and more generally, from the *Firmicutes* phylum has been described in CD. Yet, dysbiosis should also be considered not only at the community structure level (diversity, genome) but also for bacterial functions (metatranscriptome, metaproteome) and products (metabolome). Interactions between the microbiota and its host is of key interest in IBD and applying meta-Omics to describe the human gut microbiota will help to better understand this crucial crosstalk at mucosal interfaces.