

Transkriptionelle Robustheit as biologischer Indikator für mikrobielle Prozessstabilität

Über uns: Die BIOSCALE-Gruppe ist an der Fakultät für Chemieingenieurwesen und Verfahrenstechnik (CIW) des KIT angesiedelt. Unser Ziel ist es, Herausforderungen in der Bioprozessentwicklung mit einem neuartigen und interdisziplinären Ansatz zu adressieren, der Bioverfahrenstechnik, molekulare Biotechnologie und Data Science miteinander verbindet. Unser Team verfolgt die Vision einer biologisch getriebenen Bioprozessentwicklung und setzt dabei modernste Next-Generation-Sequencing-Technologien ein, um die molekulare und technische Ebene biotechnologischer Prozesse stärker miteinander zu verknüpfen.

Projekt: Mikrobielle Zellen passen ihre Genexpression kontinuierlich an veränderte Umwelt- und Prozessbedingungen an. Während sich die meisten Studien auf Gene konzentrieren, die stark auf solche Veränderungen reagieren, ist deutlich weniger darüber bekannt, welche Gene ihre Expression über ein breites Spektrum an Bedingungen stabil halten. Diese transkriptionelle Robustheit kann jedoch insbesondere für die Bioprozessentwicklung und das Scale-up relevant sein, da Zellen hierbei wechselnden und heterogenen Umgebungen ausgesetzt sind und stabile biologische Referenzpunkte benötigt werden. In diesem Projekt werden umfangreiche Transkriptomdatensätze genutzt, um transkriptionell robuste Gene in *Corynebacterium glutamicum* systematisch zu identifizieren. Neben ihrer quantitativen Klassifizierung liegt ein wesentlicher Fokus auf der funktionellen Interpretation dieser Muster durch die Analyse zugehöriger Stoffwechselwege, zellulärer Funktionen und regulatorischer Eigenschaften. Darüber hinaus werden Robustheitsmuster mit definierten Bioprozess-Störungen in Beziehung gesetzt, um zu untersuchen, welche zellulären Funktionen trotz veränderter Prozessbedingungen stabil bleiben und welche darauf reagieren. Vergleichende Analysen orthologer Gene in *Escherichia coli* und weiteren biotechnologisch relevanten Bakterienarten sollen zeigen, ob transkriptionelle Robustheit eine konservierte biologische Eigenschaft darstellt oder sich zwischen verschiedenen Organismen unterscheidet. Indem der Fokus nicht nur auf Veränderungen, sondern auch auf stabilen Eigenschaften liegt, soll das Projekt eine ergänzende Perspektive auf die zelluläre Anpassung eröffnen und die Relevanz transkriptioneller Robustheit für die Charakterisierung und das Scale-up von Bioprozessen untersuchen.

Deine Aufgaben:

- Identifikation und funktionelle Charakterisierung robuster und variabler Gene
- Untersuchung transkriptioneller Reaktionen auf definierte Bioprozessperturbationen
- Analyse umfangreicher Transkriptomdatensätze
- Quantifizierung und Bewertung der transkriptionellen Robustheit in *Corynebacterium glutamicum*
- Vergleichende Analyse mit orthologen Genen in *Escherichia coli* und weiteren Spezies

Deine Qualifikationen:

- Hintergrund in Bioinformatik, Biologie, Biotechnologie,
- Bioingenieurwesen oder einem verwandten Fachgebiet
- Grundkenntnisse und Interesse an Bioinformatik
- Programmiererfahrung in R und/oder Python sowie
- Erfahrung mit der Kommandozeile sind wünschenswert,
- aber keine Voraussetzung
- Ausgeprägtes analytisches Denken und Interesse daran,
- die biologischen Mechanismen hinter transkriptionellen
- Reaktionen zu verstehen

Kontakt:

Nele Grünig
nele.gruenig@kit.edu

