

Die Energiekosten der Genexpression: Wie Mikroorganismen ihre Ressourcen einsetzen

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 sich verändernde Umwelt- und Prozessbedingungen an. Beim Vergleich von zwei oder mehr Bedingungen mithilfe transkriptomischer Analysen liegt der Fokus der meisten Studien auf der Identifizierung differentiell exprimierter Gene (DEGs). Während diese statistischen Ansätze signifikante Veränderungen in der Genexpression aufzeigen, berücksichtigen sie nicht direkt die damit verbundenen biologischen Kosten.

In diesem Projekt möchten wir eine zusätzliche Perspektive einbringen: Wie viel Energie investiert eine mikrobielle Zelle in die Anpassung ihrer Genexpression? Beispielsweise könnte eine geringe Veränderung in der Expression eines sehr großen Proteins mehr zelluläre Ressourcen erfordern als eine starke Veränderung in der Expression eines kleinen Proteins. Um dies zu untersuchen, möchten wir die bioenergetischen Kosten von Veränderungen in der Genexpression abschätzen. Dabei sollen sowohl die Kosten der Nukleotid- und Aminosäurebiosynthese als auch die Transkriptions- und Translationsprozesse selbst berücksichtigt und in ATP-Äquivalenten ausgedrückt werden.

Als Modellorganismus verwenden wir *Corynebacterium glutamicum*, einen etablierten industriellen Produktionsorganismus, der häufig zur Herstellung von Aminosäuren und weiteren biotechnologisch relevanten Produkten eingesetzt wird. Anhand bereits vorhandener transkriptomischer Datensätze möchten wir untersuchen, ob die Gene mit den stärksten Veränderungen in ihrer Expression auch diejenigen sind, die mit den höchsten energetischen Kosten verbunden sind. Dadurch soll eine neue Perspektive darauf eröffnet werden, wie mikrobielle Zellen ihre Ressourcen einsetzen.

Deine Aufgaben:

- Literaturrecherche zu den bioenergetischen Kosten der Genexpression in Mikroorganismen
- Entwicklung eines computergestützten Ansatzes zur Abschätzung der energetischen Kosten von Transkription und Translation
- Vergleich klassischer differentieller Genexpressionsanalysen mit den abgeschätzten energetischen Kosten
- Visualisierung und biologische Interpretation der Ergebnisse

Deine Qualifikation:

- Studium im Bereich Bioinformatik, Biologie, Biotechnologie, Bioingenieurwesen oder einem verwandten Fachgebiet
- Interesse an mikrobieller Physiologie, Stoffwechselprozessen und der Arbeit mit biologischen Datensätzen
- Programmierkenntnisse in R und/oder Python sind wünschenswert, aber keine Voraussetzung

Kontakt:

Nele Grünig
nele.gruenig@kit.edu

