Meina Neumann-Schaal

1998–2003 Biotechnologiestudium an der TU Braunschweig, Auslandssemester an der Linköpings Universität, Schweden, Diplomarbeit an der Universität Köln. 2004 wissenschaftliche Mitarbeiterin bei der Henkel KGaA. 2005–2007 Promotion in Biochemie an der Universität

Potsdam. 2007–2010 Postdoc an der Universität Potsdam, Molekulare Enzymologie und 2011–2012 in der Immunotechnologie. 2013–2017 Laborleiterin an der TU Braunschweig, Bioinformatik und Biochemie. Seit 2017 Nachwuchsgruppenleiterin am DSMZ, Braunschweig.

DOI: 10.1007/s12268-018-0894-9
© Springer-Verlag 2018

■ Der Metabolismus und jegliche Änderung seiner Aktivität beeinflussen, wie ein Organismus mit seiner Umwelt wechselwirkt. Bis heute lässt sich aber die Aktivität des Metabolismus nicht auf der Basis genomischer Daten vorhersagen, weil zum einen die Regulation und zum anderen die Funktion und Spezifität vieler (hypothetischer) Proteine noch unbekannt sind. Die Metabolomik erweitert die anderen Omics-Techniken (Genomik, Transkriptomik und Proteomik) um den Stoffwechsel und seine Wege, Enzyme und Wechselwirkungen und damit um die phänotypische Ebene (**Abb. 1**). Sie stellt aber aufgrund der chemischen Heterogenität der Metaboliten und der hohen Umsatzraten im Organismus experimentell und analytisch die höchsten Anforderungen. Die technologischen Entwicklungen in Analytik und Bioinformatik ermöglichten in den letzten Jahren völlig neue Einblicke in die Funktionsweise von Organismen.

Das Potenzial der Metabolomik konnten wir bei der Untersuchung von biotechnologisch oder medizinisch relevanten Bakterien

Nach Nachwuchswissenschaftler/innen stellen sich vor

Bakterielle Metabolomik: vom genetischen Potenzial zum Phänotyp

MEINA NEUMANN-SCHAAL

BAKTERIELLE METABOLOMIK, LEIBNIZ-INSTITUT DSMZ – DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GMBH, BRAUNSCHWEIG

und Archaeen zeigen. Einer unserer Modellorganismen ist *Clostridioides difficile* – einer der wichtigsten nosokomialen Erreger mit einer steigenden Zahl von Todesfällen in Deutschland. Charakteristisch für den Stoffwechsel von *C. difficile* ist die Abwesenheit einer Atmungskette und der Vergärung von Aminosäuren (Stickland-Reaktionen). Die Produktion der großen clostridialen Toxine ist bei *C. difficile* in vielfältiger Weise mit dem Stoffwechsel verknüpft, sodass Metabolomdaten ganz grundlegend zum Verständnis der Virulenz beitragen [1]. Durch Kombination von bioinformatischer Modellierung und dem Einsatz von mit stabilen Isotopen markiertem Substrat konnten wir die Exopolysaccharidbiosynthese aufklären [2]. Die vergleichende Untersuchung von klinischen Stämmen und Umweltsisolaten von *C. difficile* ergab, dass der Gärungsstoffwechsel weit vielfältiger ist als aus den genomischen Daten ableitbar [3].

Durch die Verbindung von analytischen Schwerpunkten an der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ) und am Braunschweiger Zentrum für Systembiologie (BRICS) mit dem

taxonomischen und physiologischen Wissen an der DSMZ wollen wir in den kommenden Jahren neue Schwerpunkte in der Charakterisierung des bakteriellen und archaeellen Metabolismus setzen und eine Vielzahl von Typstämmen charakterisieren. Dabei wird ein Schwerpunkt auf der notwendigen Standardisierung der entsprechenden Analysen liegen.

Danksagung

Mein Dank geht an meine Kooperationspartner und Kollegen, insbesondere an das Verbundprojekt „CDiff“, Dietmar Schomburg, Dieter Jahn und Jörg Overmann für die Unterstützung in den vergangenen Jahren. Die Arbeiten an *C. difficile* wurden unterstützt vom Niedersächsischen Vorab VWZN2889/3215. ■

Literatur

- [1] Neumann-Schaal M, Hofmann JD, Will SE et al. (2015) Time-resolved amino acid uptake of *Clostridium difficile* 630Δerm and concomitant fermentation product and toxin formation. BMC Microbiol 15:281
- [2] Dannheim H, Will SE, Schomburg D et al. (2017) *Clostridioides difficile* 630Δerm in silico and in vivo: quantitative growth and extensive polysaccharide secretion. FEBS Open Bio 7:602–615
- [3] Riedel T, Wetzel D, Hofmann JD et al. (2017) High metabolic versatility of different toxigenic and non-toxigenic *Clostridioides difficile* isolates. Int J Med Microbiol 307:311–320

Korrespondenzadresse:

Dr. Meina Neumann-Schaal
Nachwuchsgruppe Bakterielle Metabolomik
Leibniz-Institut DSMZ – Deutsche Sammlung
von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH
Inhoffenstraße 7B
D-38124 Braunschweig
Tel.: 0531-2616-366
Fax: 0531-391-55198
meina.neumann-schaal@dsMZ.de
www.dsmz.de

▲ **Abb. 1:** Schematische Darstellung und Einbindung metabolomischer Experimente. Zentrale Elemente der Metabolomik sind die Probenzubereitung, eine geeignete analytische Methodik und die Auswertung, gefolgt von einer Datenintegration mit anderen Omics-Techniken und einem bioinformatischen Modell. LC/MS: Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie-System; GC/MS: Gaschromatographie-Massenspektrometrie-System.