# ARBEITSGRUPPENKATALOG

## LEITFADEN DER ARBEITSGRUPPEN FÜR BIOCHEMIE UND DEN BEREICH DER LEBENSWISSENSCHAFTEN

Übersicht über die Arbeitsgruppen der Biochemie, Medizin, Biologie und Biotechnologie an der MLU- Halle. Der Katalog basiert auf den Angaben der Arbeitsgruppen und hat keinen Anspruch auf Vollständigkeit.

Zusammengestellt von der Junior-GBM Halle.

Anfragen an:

**halle@junior-gbm.de**

Junior GBM Halle

# INHALTSVERZEICHNIS


INSTITUT FÜR BIOCHEMIE UND BIOTECHNOLOGIE:

- AG BORDUSA 3
- AG KASTRITIS 6
- AG STUBBS 9
- AG WEINBERG 11

INSTITUT FÜR BIOLOGIE

- AG BÜRSTENBINDER 14
- AG HERBST 17

MEDIZINISCHE FAKULTÄT

- AG HENSEL 19
- AG HORSTKORTE 21
- AG POSERN 23
- AG STAEGE 25

LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE

- AG NAUMANN 27

# AG Bordusa

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**
Naturstoffbiochemie

**Fachbereich/ Institut:**
Institut für Biochemie und Biotechnologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**
Prof. Dr. Frank Bordusa


Allesandra Niephagen

+49 345 / 55-24801

alessandra.niephagen@biochemtech.uni-halle.de

https://www.biochemtech.uni-halle.de/nsbiochemie/

Kurt-Mothes-Straße 3a, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Die Arbeitsgruppe Naturstoffbiochemie beschäftigt sich mit der gezielten Modifikation von Proteinen und Peptiden durch enzymatische und chemische Verfahren. Ein Schwerpunkt liegt auf der Anwendung evolutiv optimierter Biokatalysatoren, die Aminolyse-Reaktionen katalysieren und so die Einführung definierter funktioneller Gruppen ermöglichen. Darüber hinaus werden neuartige Biokatalysatoren mittels evolutiver und rationaler Ansätze dargestellt, wobei insbesondere Proteasen im Fokus stehen, deren Funktion für Anwendungen in der weißen Biotechnologie gezielt angepasst wird. Zudem entwickelt und etabliert die Gruppe neue Strategien zur Detektion posttranslationaler Modifikationen (PTMs), insbesondere von D-Aminosäuren. Diese Methoden dienen sowohl der Identifizierung von D-AS in Enzymen, Proteinen, Peptiden und Organismen als auch ihrer Nutzung in biotechnologischen Prozessen. Ziel ist es, ein vertieftes Verständnis der Struktur-Funktions-Beziehungen von Proteinen zu gewinnen und innovative Anwendungen in der Biotechnologie zu erschließen.

## AKTUELLE PROJEKTE

Ein zentrales Projekt umfasst die chemisch-enzymatische Modifikation von Antikörpern und Fab-Fragmenten mithilfe maßgeschneiderter Biokatalysatoren, die durch rationales und evolutives Enzym-Design entwickelt werden, um neue Funktionalisierungen und Konjugationsmöglichkeiten zu erschließen. Parallel dazu wird eine neuartige Schutzgruppenstrategie für die Peptidsynthese entwickelt, bei der D-Aminosäuren als temporäre Schutzgruppen eingesetzt werden. Diese innovative Methode ermöglicht die Darstellung neuartiger Synthesestrategien mit erhöhter Selektivität und Effizienz bei der Herstellung komplexer Peptidstrukturen. Ergänzend werden neue Verfahren zur Identifikation und Charakterisierung posttranslationaler Modifikationen, insbesondere D-Aminosäuren, etabliert. Ziel ist es, biokatalytische Werkzeuge und analytische Verfahren zu schaffen, die in der biotechnologischen und pharmazeutischen Forschung breite Anwendung finden können.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

Wir setzen ein breites Spektrum moderner chemischer, biochemischer, molekularbiologischer und analytischer Methoden ein. Die Herstellung von Peptiden erfolgt sowohl in Lösung als auch über Festphasen-Peptidsynthese (SPPS); ergänzend werden organisch-chemische Synthesen zur Modifikation und Funktionalisierung von Molekülen durchgeführt. Für die biotechnologische Produktion von Proteinen werden unter anderem DNA-Bibliotheken mit randomisierten Sequenzen erzeugt und in verschiedenen Expressionssystemen (*E. coli*, *Pichia pastoris*, *S. cerevisiae*) genutzt. Zur Untersuchung der katalytischen Eigenschaften kommen Enzymkinetiken und Reaktionsanalysen zum Einsatz, um Mechanismen und Effizienzen biokatalytischer Prozesse zu charakterisieren. Die Analytik umfasst LC-MS, HPLC, NMR- und UV/Vis-Spektroskopie sowie IQFS-Messungen (intern gequenchte fluorogene Substrate). Die NMR-Spektroskopie ermöglicht dabei die Analyse von Kohlenstoff-, Stickstoff- und Wasserstoffatomen, die Quantifizierung von Reaktionskomponenten sowie die Untersuchung von Reaktionskinetiken und -mechanismen. Ergänzend werden native chemische Ligation (NCL), SDS-PAGE, ELISA und Zellkulturtechniken zur funktionellen Charakterisierung von Proteinen eingesetzt

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☒ (HiWi-Jobs)
- ☑ Forschungsgruppenpraktika (Master)
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor-/Master (Nur nach Rücksprache und bei vorhandenen Kapazitäten)

Interessierte Studierende sind eingeladen, sich frühzeitig mit der Arbeitsgruppe in Verbindung zu setzen, um mögliche Themen und Zeiträume abzustimmen. Die Betreuung erfolgt individuell und praxisnah durch erfahrene Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der AG.

## KOOPERATIONEN UND WEITERE ANMERKUNGEN

Die Arbeitsgruppe Naturstoffbiochemie pflegt vielfältige Kooperationen innerhalb des Instituts für Biochemie sowie mit weiteren nationalen und internationalen Forschungseinrichtungen. Darüber hinaus bestehen enge Kontakte zu industriellen Partnern, insbesondere im Bereich der Biokatalyse, Peptidsynthese und Wirkstoffentwicklung. Diese Kooperationen ermöglichen den praxisnahen Transfer wissenschaftlicher Erkenntnisse in angewandte biotechnologische und pharmazeutische Entwicklungen.

# AG Kastritis

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Integrative Strukturbiochemie

**Fachbereich/ Institut:**

Institut für Biochemie und Biotechnologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. Panagiotis L. Kastritis.


Prof. Dr. Panagiotis L. Kastritis

0345 55-24983

panagiotis.kastritis@bct.uni-halle.de

https://blogs.urz.uni-halle.de/kastritislab/

Biozentrum, Weinbergweg 22,
Room A.2.14, 06120 Halle


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Unser Forschungsthema ist die Bestimmung der Struktur und Funktion von Biomakromolekülen. Insbesondere entwickeln und wenden wir Methoden der Kryo-Elektronenmikroskopie und der computergestützten Strukturbiologie an, um zu verstehen, wie Proteine in einem lebensnahen Zustand interagieren und sich organisieren. Wir beherbergen die hochwertige Kryo-Elektronenmikroskopie-Infrastruktur des Landes sowie fortschrittliche Rechencluster für Anwendungen in der computergestützten Biologie und Bioinformatik.

## AKTUELLE PROJEKTE

Wir untersuchen die Struktur und Funktion primärer Stoffwechselkomplexe, die sich zu übergeordneten Strukturen, sogenannten „Metabolons“, organisieren können. Einige der biomolekularen Komplexe, mit denen wir uns beschäftigen, sind die Struktur und Funktion des Pyruvatdehydrogenase-Komplexes, des Oxoglutarat-dehydrogenase-Komplexes, des Rekombinations-Komplexes und die enzymatische Struktur der Mevalonatkinase. Selbstverständlich werden auch Untersuchungen zur Struktur und Aktivität anderer Komplexe durchgeführt, wie beispielsweise des Proteasoms, des Ribosoms und der Fettsäuresynthase.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☒ HiWi-Jobs
- ☑ Forschungsgruppenpraktika (Master)
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

Wir arbeiten mit den meisten Gruppen zusammen, da Kryo-EM eine sehr grundlegende Methode ist.
Enge Kooperationspartner sind AG Stubbs, AG Balbach, AG Sinz und AG Tissier.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Pilz- und Bakterienkulturen
- Ultrazentrifugation und andere Anreicherungsmethoden für den Proteingehalt aus Zellen
- FPLC/HPLC und Größenausschlusschromatographie
- Kinetische und Aktivitätsassays
- Vitrifikation und Kryo-Elektronenmikroskopie
- Elektronenbeugung
- Bildanalyse aus Kryo-EM-Daten
- Strukturaufklärung aus Kryo-EM-Daten
- Molekulardynamik-Simulationen
- Algorithmen der künstlichen Intelligenz und Datenintegration aus rechnergestützten und experimentellen Methoden

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Research Vision of the Kastritis Laboratory for Biomolecular Research:

Enzymopathies are metabolic disorders, often genetic, resulting from missing or defective enzymes. In order to prevent, combat or repair defective enzymes that lead to disease, it is vital that we understand the structure, function and interactions of enzymes and their complexes, ideally within their native cellular context. In their native cellular environment, enzymes are neither isolated nor randomly distributed. Instead, they co-compartmentalize, and often transiently interact to form supercomplexes of metabolic pathways (commonly referred to as metabolons). The formation of metabolons allows the intermediate product from one enzyme to be passed directly into the active site of the next consecutive enzyme of the metabolic pathway. Their role and existence were biochemically known for years but due to their sheer size and transient nature, understanding their molecular organization remains a challenge. As a consequence, traditional structural biology methods have helped us in understanding the structure and function of their constituent enzymes but not their higher-order assembly and how their interfaces are formed. My research vision is to understand the molecular architecture of metabolons by integrating structural, biophysical, biochemical and biocomputational methodologies. This multidisciplinary approach aims at elucidating the molecular mechanisms that underpin cellular respiration in atomic details. In the long term, these methodologies will allow discerning cellular metabolons by visualizing their components and examining the interactions between the molecules that form the assemblies. This research will ultimately provide new crucial insights not only to cellular respiration but also an entirely new view of cell mechanisms in general. The unsolved mystery of temporal and spatial synchronization of a myriad of protein subunits to perform a specific cellular function may be rationalized by the formation of supercomplexes. These unprecedented entities provide a whole new avenue for targeted drug design. Rather than targeting the active sites of individual subunits - which share many physical and chemical characteristics thus compromising specificity - I envisage a therapeutic strategy that targets the interface between proteins in the supercomplex that are likely to be unique.

# AG Stubbs

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Physikalische Biotechnologie

**Fachbereich/ Institut:**

Institut für Biochemie und Biotechnologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. T. Milton Stubbs


Prof. Dr. Milton T. Stubbs

03455524901

stubbs@biochemtech.uni-halle.de

https://www.biochemtech.uni-halle.de/xray/

Charles-Tanford-Proteinzentrum (3. Etage), Kurt-Mothes-Str. 3a, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Unsere Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit der strukturellen, biophysikalischen und biochemischen Aufklärung von biologischen Makromolekülen, insbesondere der Röntgenkristallografie von Proteinen. Methodisch und thematisch umfassen wir ein breites Spektrum, das von der Erforschung prokaryotischer Biosynthesewege über Grundlagen der Krebsentstehung bis hin zur pflanzlichen Adaption an Umweltfaktoren auf molekularer Ebene reicht. Dabei arbeiten wir eng mit vielen Arbeitsgruppen aus verschiedenen Fachbereichen (Biochemie, Medizin, Chemie, Pharmazie, Physik) sowie dem IPB zusammen, um alle wissenschaftlichen Fragestellungen mit größtmöglicher Expertise erforschen zu können.

## AKTUELLE PROJEKTE

Aktuelle Projekte umfassen die strukturelle Assemblierung eines Metabolons zur Ubichinonbiosynthese in *Escherichia coli* sowie Enzyme der Menachinonbiosynthese in verschiedenen Mikroorganismen, Studien zum Aktivierungsmechanismus menschlicher Protein-Tyrosin-Phosphatasen (wichtige Rolle bei Krebsentstehung) sowie die biochemische und -physikalische Charakterisierung verschiedener pflanzlicher Proteine bzw. Enzyme und deren Einfluss auf die Adaption an abiotische Umweltfaktoren.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☑ HiWi-Jobs
- ☑ Forschungsgruppenpraktika (Master)
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

Die Arbeitsgruppe ist Teil folgender Forschungsbereiche/Graduiertenkollegs:

- Sonderforschungsbereich „Plant Proteoform Diversity“ (SNP2Prot)
- GRK 2467 – „Intrinsically Disordered Proteins“

Darüber hinaus finden viele Kooperationen mit Arbeitsgruppen der biologischen Strukturaufklärung (AG Kastritis, AG Balbach) sowie anderer Themengebiete (AG Feller, AG Naumann, AG Wirthmüller) statt.

## WEITERE ANMERKUNGEN

Wir lieben Kuchen!

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

Wir befassen uns mit grundlegenden Klonierungsmethoden von DNA, die wir zur Biosynthese verschiedener Proteine in unterschiedlichsten Expressionssystemen nutzen. Zur Analyse und Reinigung der synthetisierten Proteine werden grundlegende Methoden der Biochemie (FPLC, HPLC, SDS-PAGE, Western Blot…) und weiterführende Charakterisierungen (Enzymkinetik, Interaktionsstudien…) angewandt. Das Herzstück der Arbeitsgruppe stellt jedoch die Kristallisation von Proteinen und deren Strukturaufklärung mittels Röntgenkristallografie dar, die am hauseigenen Röntgengenerator praktiziert werden kann.

.

# AG Weinberg

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Allgemeine Biochemie

**Fachbereich/ Institut:**

Institut für Biochemie und Biotechnologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. Christina E. Weinberg


Prof. Dr. Christina E. Weinberg

+49-345-55-24921

christina.weinberg@bct.uni-halle.de

https://christinaweinberglab.org/

Charles-Tanford-Proteinzentrum
Raum 3.50 / 3. Etage Kurt-Mothes-Straße 3a, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Wir interessieren uns für nicht-kodierende RNAs, insbesondere Ribozyme und Riboswitches, und wollen ihre Funktionen besser verstehen. Dabei untersuchen wir zum einen eine Gruppe katalytischer RNAs, sog. selbstschneidende Ribozyme, die in der Natur weit verbreitet sind, sehr häufig vorkommen und deren Funktion – vor allem in Bakterien – noch größtenteils unerforscht ist und somit ein großes Potential zur Entdeckung neuer biologischer Zusammenhänge liefert. Zum anderen erforschen wir Riboswitches, welche an der Regulation vieler, häufig essentieller Stoffwechselwege und biologischer Vorgänge in Bakterien beteiligt sind.

## AKTUELLE PROJEKTE

Aktuell untersuchen wir selbst-schneidende Ribozyme in verschiedenen Bakterienspezies, sowie im Parasiten *Schistosoma mansoni* und wollen dabei die biologische Funktion dieser RNAs aufdecken (wo nicht bekannt). Außerdem haben wir Techniken entwickelt, die wir nutzen wollen um nach neuen Ribozymklassen in der Natur zu suchen. Kürzlich haben wir eine neue Riboswitch-Klasse entdeckt und neben der genauen Charakterisierung versuchen wir diese (und auch andere) RNA in Kollaboration zu kristallisieren und so die 3D-Struktur aufzuklären. Desweiteren untersuchen wir die sog. „*unfolded protein response*“ (UPR) in der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* und möchten dabei die Schlüsselenzyme sowie deren RNA-Partner besser verstehen. Aber am besten macht ihr einfach einen persönlichen Termin aus, bei dem wir unsere aktuellen Projekte und wie ihr uns dabei unterstützen könnt, besprechen.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☒ (HiWi-Jobs)
- ☑ Forschungsgruppenpraktika (Master)
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

Wir arbeiten häufig interdisziplinär und deshalb auch in Kollaboration mit anderen Arbeitsgruppen, Instituten und Institutionen, wie z.B. dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, der Justus-Liebig-Universität Gießen (Parasitologie), der Universität Leipzig (Bioinformatik), dem Leibniz Institut für Pflanzenbiochemie (Nutrient Sensing), der Medizinischen Fakultät der Universität Leipzig (Molekulare Biochemie) und dem EMBL Grenoble (RNA-Strukturanalysen) zusammen. An der MLU verfolgen wir beispielsweise gemeinsame Arbeiten mit der Abteilung Physikalische Biotechnologie sowie der Abteilung Bioinformatik.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Techniken zur Untersuchung von RNA-Funktion und Struktur *in vitro* und *in vivo* unter Nutzung von RNA-seq, molekularbiologischen und gentechnischen Methoden, z.B. PCR, Klonierung, Herstellung von Knockouts oder Reportergen-Stämmen, *in vitro* Transkription von RNAs, *in-line probing* Assays, Ribozymkinetiken, denaturierende Polyacrylamidgelelektrophorese, etc.
- Nutzung radioaktiver Nukleotide oder von Fluoreszenzfarbstoffen zur Markierung von Nukleinsäuren
- Illumina-s
- Sequencing (Herstellung spezieller NGS-Bibliotheken)
- Expression und Reinigung von Proteinen, die RNA binden, modifizieren oder umsetzen
- Aerobe und anaerobe Kultivierung verschiedener Mikroorganismen



AG Weinberg im Januar 2026

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Wir lieben Kuchen jeder Art, weshalb bei uns Einstands-, Ausstands- und Geburtstagskuchen Tradition sind.

# AG Bürstenbinder

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**
Lehrstuhl Pflanzenphysiologie

**Fachbereich/ Institut:**
Institut für Biologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**
Prof. Dr. Katharina Bürstenbinder


Prof. Dr. Katharina Bürstenbinder

+49 345 552 6410

Katharina.Buerstenbinder@biologie.uni-halle.de

halle.de/institutsbereich_pflanzenphys/ag_pflanzenphysiologie/

Weinbergweg 10, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Wir untersuchen, wie Pflanzenzellen ihre Form, Organisation und Dynamik regulieren. Ein Schwerpunkt liegt auf der Regulation des pflanzlichen Zytoskeletts, insbesondere der Mikrotubuli, und seiner funktionellen Verbindung mit Membranen, Membranproteinen und zellulären Signalwegen. Dabei interessieren uns insbesondere intrinsisch ungeordnete, regulatorische Proteine und ihre Rolle als molekulare Schnittstellen zwischen verschiedenen zellulären Prozessen. Ein weiterer Schwerpunkt liegt auf der Regulation von Zellteilung, Zellpolarität und Membrantransport. Wir verbinden molekulare, zellbiologische und biochemische Ansätze mit quantitativer Mikroskopie und bioinformatischen Analysen. Neben der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* arbeiten wir mit *Nicotiana benthamiana* sowie zunehmend mit dem Lebermoos *Marchantia polymorpha*.

## AKTUELLE PROJEKTE

Aktuelle Projekte beschäftigen sich unter anderem mit der Funktion von IQD-Proteinen als molekulare Schnittstellen zwischen $Ca^{2+}$/Calmodulin-Signalen, Mikrotubuli und Membranen. Wir untersuchen, wie diese Proteine Mikrotubuli-Organisation und -Dynamik sowie den Transport und die Positionierung von Membrankomponenten beeinflussen. Ein weiterer Schwerpunkt ist die Rolle des IQD-Mikrotubuli-Netzwerks bei der Zellteilung, insbesondere bei Präprophaseband, Zellteilungszone, Phragmoplast und Zellplattenbildung. Darüber hinaus untersuchen wir natürliche Sequenzvariation in pflanzlichen Proteinen und deren funktionelle Konsequenzen für Proteinstruktur, Aktivität und Signalantworten. Der Vergleich verschiedener Pflanzenarten und Landpflanzen ermöglicht es uns außerdem, die Evolution zellulärer Regulationsmechanismen zu untersuchen.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☑ HiWi-Jobs (Auf Anfrage)
- ☑ Forschungsgruppenpraktika (Master)
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

Unsere Forschung ist interdisziplinär ausgerichtet und umfasst Kooperationen innerhalb der Pflanzenwissenschaften sowie mit Arbeitsgruppen aus den Bereichen Zellbiologie, Biochemie, Molekularbiologie und Bioinformatik. Darüber hinaus bestehen nationale und internationale Kooperationen im Bereich der pflanzlichen Zellbiologie und des Zytoskeletts. Die Arbeitsgruppe ist in wissenschaftliche Netzwerke zur Pflanzenzellbiologie und Zellwandforschung eingebunden.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

Wir kombinieren molekularbiologische, biochemische, zellbiologische und quantitative bildgebende Methoden. Dazu gehören Klonierung und Proteinexpression, Protein-Protein-Interaktionsanalysen, Yeast-Two-Hybrid, Pflanzen- und Moostransformation, konfokale und quantitative Fluoreszenzmikroskopie sowie Live-Cell-Imaging. Wir analysieren Mikrotubuli-Dynamik, Proteinlokalisation und Membrantransport und nutzen dafür fluoreszenzbasierte Reporter und genetische Werkzeuge. Ergänzend kommen bioinformatische Sequenz- und Strukturanalysen, vergleichende Genomik sowie die Analyse natürlicher genetischer Variation zum Einsatz. Je nach Projekt werden auch rekombinante Proteine biochemisch charakterisiert und Interaktionen zwischen Proteinen bzw. Proteinen und Membranen untersucht.

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Wir sind eine neu aufgebaute Arbeitsgruppe an der MLU und bieten Studierenden die Möglichkeit, von Beginn an am Aufbau einer modernen Forschungsgruppe mitzuwirken. Abschlussarbeiten und Praktika sind eng an aktuelle Forschungsprojekte angebunden. Wichtig sind uns eigenständiges wissenschaftliches Arbeiten, das Entwickeln und Testen biologischer Hypothesen sowie eine sorgfältige und kritische Auswertung experimenteller Daten. Je nach Projekt besteht die Möglichkeit, mit verschiedenen pflanzlichen Modellsystemen und modernen Mikroskopie-, Molekularbiologie- und Biochemie-Methoden zu arbeiten.

# AG Herbst

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**
Molekulargenetik

**Fachbereich/ Institut:**
Genetik / Institut für Biologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**
Josephine Herbst


Josephine Herbst

0345/55-26304

josephine.herbst@genetik.uni-halle.de

https://www.biologie.uni-halle.de/institutsbereich_genetik/molekulargenetik/

Raum 403, Weinbergweg 10, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Wir untersuchen wie die DNA-Reparatur in Pflanzen reguliert und koordiniert wird. Dabei konzentrieren wir uns auf die Rolle und Funktion von langen nicht-kodierenden RNAs, also Transkripten die nicht zur Synthese von Proteinen in der Zelle führen. Diese Mechanismen analysieren wir hauptsächlich in der Primärwurzel von *Arabidopsis thaliana*.

## AKTUELLE PROJEKTE

Identifikation und Charakterisierung von langen nicht-kodierenden RNAs in der Modelpflanze *Arabidopsis thaliana*, welche durch DNA-schädigende Substanzen reguliert werden.

## KOOPERATIONEN

Derzeit noch nicht.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Klonierung von diversen Konstrukten zur Untersuchung von lncRNAs in Pflanzen
- Erzeugung von transgenen Pflanzen durch Agrobakterien vermittelte Transformation
- Selektion von transformierten Pflanzen mittels DNA-Isolation und PCR
- Analyse von Genexpressionen mittels quantitativer real-time PCR (RT-qPCR)
- Konfokale Laserscanmikroskopie zur Untersuchung 1) von Genexpression mittel fluoreszenzbasierter Reporterlinien, 2) von Zelltod nach DNA-Schädigung und 3) von DNA-Schäden induzierte Wurzelphänotypen

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Die Gruppe befindet sich derzeit noch im Aufbau, dementsprechend sind noch nicht alle Abläufe implementiert.

# AG Hensel

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Fachbereich/ Institut:**

Medizinische Fakultät, Institut für Anatomie und Zellbiologie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. rer. nat. Niko Hensel


Niko Hensel

+49 345 557 1708

niko.hensel@medizin.uni-halle.de

https://www.umh.de/einrichtungen/institute/anatomie-und-zellbiologie/forschung/ag-hensel

Grosse Steinstrasse 52, 06108 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

In der Arbeitsgruppe Hensel beschäftigen wir uns mit der Spinalen Muskelatrophie (SMA), einer seltenen neurodegenerativen Erkrankung, die hauptsächlich Säuglinge und Kinder betrifft. Diese Erkrankung wird durch einen Mangel eines Proteins, des sogenannten Survival of Motor Neuron (SMN) Proteins verursacht. In der Folge gehen spezialisierte Nervenzellen im Rückenmark zugrunde. Diese Motoneurone steuern normalerweise die Muskeln an, so dass SMA Patient:innen an Muskelschwäche und Muskelschwund leiden – die Erkrankung verläuft bei Säuglingen und Kleinkindern häufig tödlich. Die Erkenntnisse aus der Erforschung der SMA nutzen wir auch für andere Erkrankungen. Dazu gehören verwandte Motoneuron-Erkrankungen wie die Amyotrophe Lateralsklerose (ALS), aber auch Erkrankungen nicht-neuronaler Natur, wie einige Formen von Krebs.

## AKTUELLE PROJEKTE

- Erforschung von Genersatztherapien mittels Adeno-Assoziierten-Viren
- Erforschung der Mechanismen der Neurodegeneration in Neurodegenerativen Erkrankungen.
- Alterungsprozesse und Telomerverlust in neuronalen Zellen
- Einfluss des biologischen Geschlechts und des Hormonstatus auf neurodegenerative Prozesse

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Masterarbeiten
- ☑ HiWi-Jobs
- ☑ Forschungsgruppenpraktika im Master
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor/Master)

## KOOPERATIONEN

- Natalia-Rodriguez Muella (Dresden)
- Peter Claus (Hannover)
- Heike Kölbel (Essen)
- Rashmi Kothary (Ottawa)
- Markus Otto (Halle)
- Ewout Groen (Utrecht)
- Elia Di Schiavi (Neapel)

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Neuroblastom-Zellkultur und Plasmid und siRNA Transfektions, Transduktion mittels Adeno-Assoziierten Viren
- Primäre embryonale Motoneuronkultur
- Gewinnung von Geweben transgener Mäuse für biochemische und Histochemische Analysen
- Western-Blot, qPCR, Immuncytochemie, Immunhistochemie, Epifluoreszenzmikroskopie, Konfokalmikroskopie, automatisierte Bildanalyse

# AG Horstkorte

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Physiologische Chemie

**Fachbereich/ Institut:**

Medizinische Fakultät; Institut für Physiologische Chemie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. Rüdiger Horstkorte


Prof. Dr. Rüdiger Horstkorte;
Dr. Astrid Gesper

0345-557-3873

ruediger.horstkorte@medizin.uni-halle.de; astrid.gesper@uk-halle.de

https://www.umh.de/einrichtungen/institute/physiologische-chemie/forschung/ag-physiologische-chemie-horstkorte

Hollystr.1; 06114 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

- Die Untersuchung von krankheitsbedingten Veränderungen in der Glykosylierung von Proteinen. Bei der Glykosylierung handelt es sich um eine enzymbedingte, posttranslationale Modifikation bei welcher unterschiedliche Zucker/Aminozucker an bestimmte Aminosäuren gekoppelt werden können. Die dabei entstehenden Strukturen nennt man Glykane.
- Glykoengineering, d.h. die gezielte Veränderung von Glykanstrukturen durch die Supplementation mit künstlich veränderten Zuckern und die Untersuchungen der Auswirkungen dieser auf die Zelle (z.B. über die Bestimmung des Migrations- und Adhäsionsvermögens einer Zelle)

- Die Untersuchung auf potenzielle Alternativ-Abzweigungen in den Stoffwechselwegen, welche für die Generierung der für die Glykosylierung essenziellen Zucker und Aminozucker erforderlich sind.

## AKTUELLE PROJEKTE

- Aufklärung der biochemischen Hintergründe, welche zur Entstehung der GNE-Myopathie – einer seltenen, genetisch-bedingten Muskel-Dystrophie – beitragen. Insbesondere untersuchen wir, welchen Einfluss eine verminderte Synthese an Sialinsäuren auf dieses Krankheitsbild hat, da es sich bei dem betroffenen Enzym um das Schlüsselenzym des Sialinsäure-Biosynthese-Stoffwechselweg handelt. Sialinsäure kann Teil der Glykanstrukturen sein und ist dort an der terminalen Position zu finden. Sie wird dann durch einen kleinen, lila Diamanten symbolisiert ◆.
- Untersuchung unterschiedlicher Sialylierungslevel auf die Barriere-Funktionalität in einem vereinfachten Blut-Hirnschranken-Modell
- Untersuchung auf potenziell protektive Eigenschaften hochsialylierter Proteine/Peptide auf Zellen gegenüber Stress

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

☑ Bachelorarbeiten

☑ Masterarbeiten

☒ (HiWi-Jobs)

☑ Forschungsgruppenpraktika im Master

☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

AG Stammzellbasierte Krankheitsmodelle in der Neurologie (UMH; AG Jung)

AK Prof. Wefers (Naturwissenschaftliche Fakultät II; Halle)

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Zellkultivierung
- Western Blot zur Protein-Detektion
- Immunpräzipitation zur Feststellung von Protein-Interaktionspartnern
- Knockout-Generierung mittels CRISPR-Cas9 („Genschere“) zur gezielten Beeinflussung der Proteinglykosylierung (Generierung krankheitsassoziierter Zellmodelle)
- HPLC (*high performance liquid chromatography*) zur Bestimmung des Sialinsäuregehalte

# AG Posern

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Zell-und Molekularbiologie

**Fachbereich/ Institut:**

Fachbereich Biochemie und Medizinische Fakultät, Institut für Physiologische Chemie (IPC)

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Prof. Dr. rer. nat. Guido Posern


Prof. Dr. Guido Posern,
Dr. Igor Kovacevic

0345-557-3805

guido.posern@uk-halle.de
igor.kovacevic@uk-halle.de

https://www.umh.de/einrichtungen/institute/physiologische-chemie

IPC, Hollystraße 1, 06114 Halle


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

- Molekulare Zellbiologie und Tumorbiologie, insbesondere intrazelluläre Signaltransduktionsvorgänge:
- wie wird die Zelldifferenzierung reguliert?
- wie wird die Transkription durch MRTF-Transkriptionsfaktoren kontrolliert?
- welche Rolle spielen Rho-GTPasen bei der Zytoskelett-Regulation und der Zellfunktion?
- wie wird die Invasivität und Metastasierung von Tumorzellen verursacht?
- welche Vorgänge führen zu pathologischen Veränderungen von Endothel- und Epithelzellen?

## AKTUELLE PROJEKTE

- Charakterisierung von Brustepithelien/Brustacini nach Aktivierung von Transkriptionsfaktoren
- Muskelzell-Differenzierung durch Zytoskelett-Regulatoren
- Sepsismodelle in 3D-Zellkulturen von Endothelzellen
- Die Rolle von RhoB auf Zellverbände von Endothel- und Epithelzellen

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

☑ (Bachelorarbeiten)

☑ Masterarbeiten

☒ HiWi-Jobs (derzeit nicht)

☑ Forschungsgruppenpraktika im Master

☑ (Freiwillige Praktika (Bachelor /Master))

## KOOPERATIONEN

Institut für Molekulare Medizin / Charles-Tanford-Zentrum, Abt. Prof. Michael Böttcher, Virologie Leipzig, Klinik für Urologie, Klinik für Intensivmedizin und Anästhesiologie, ....

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Prof. Guido Posern ist kooptiertes Mitglied der Naturwissenschaftlichen Fakultät I der MLU-Halle, kann also neben den Funktionen innerhalb der Med. Fakultät auch

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Zellkultur von Säugerzellen
- Transfektionen und CRISPR-Cas9 knockouts in Zellkulturen
- Proteinisolation, Western Blots, Immunpräzipitation
- Immunfluoreszenz-Mikroskopie
- Zellmigrations- und Zellpermeabilitäts-Analyse
- Luciferase-Reportergen-Assays und mRNA-Quantifizierung (qRT-PCR)
- 3D-Zellkulturmodelle, Kokultur-Modelle, Organoide
- Klonierungen und molekularbiologische Grundtechniken (PCR, Sequenzierung)

# AG Staege

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Endogene Retroviren, Molekularbiologie und Immunologie pädiatrischer Tumorerkrankungen

**Fachbereich/ Institut:**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Universitätsklinik und Poliklinik für Pädiatrie I

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

apl. Prof. Dr. rer. nat., rer. medic. habil. Martin S. Staege


Martin S. Staege

0345-557-7280

martin.staege@medizin.uni-halle.de

https://www.umh.de/einrichtungen/zentren/krukenberg-krebszentrum-halle-kkh/zentren/kinderonkologisches-zentrum/forschung/ag-staege-endogene-retroviren-molekularbiologie-und-immunologie-paediatrischer-tumorerkrankungen

Ernst-Grube Str. 40, 06120 Halle (Saale)


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Wir untersuchen die Rolle endogener Retroviren (ERV) und verwandter repetitiver Elemente im Zusammenhang mit onkologischen und Autoimmunerkrankungen. Hierbei geht es zum einen um die Identifizierung von ERV bei den genannten Erkrankungen, zum anderen analysieren wir die Konsequenzen der ERV-Aktivierung insbesondere unter immunologischen Aspekten.

Daneben interessieren wir uns für die allgemeine Genexpression in pädiatrisch relevanten Tumormodellen. Hierbei führen wir insbesondere Untersuchungen zum Hodgkin-Lymphom durch. Ewing-Sarkome und Hirntumore stellen weitere Arbeitsschwerpunkte dar.

## AKTUELLE PROJEKTE

- Untersuchungen zur Regulierung der Transkription endogener Retroviren und tumorspezifischer Gene.
- Charakterisierung von Azaguanin-resistenten Hodgkinlymphomzellen.
- Regulation der Genexpression in Hodgkinlymphomzellen durch Senolytika.
- Charakterisierung von endogenen Retroviren in Hirntumoren.
- Funktionelle Charakterisierung ausgewählter tumorspezifischer Gene.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

☑ Bachelorarbeiten

☑ Masterarbeiten

☑ (HiWi-Jobs) - *(gelegentlich)*

☑ Forschungsgruppenpraktika im Master

☑ (Freiwillige Praktika (Bachelor-/ /Master) – *(gelegentlich)*

## KOOPERATIONEN

Es besteht eine enge Kooperation mit dem Fraunhofer-Institut für Zelltherapie und Immunologie in Halle (Saale). Daneben bestehen Kooperationen mit lokalen, nationalen und internationalen Forscher:innen auf dem Gebiet der Genexpressionsanalyse und Erforschung endogener Retroviren

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- Zellkulturtechniken.
- Durchflusszytometrie.
- Genexpressionsanalysen mittels DNA-Mikroarrays, RNA-seq und quantitativer PCR.
- Gen-Klonierung und transgene Modifikation von Tumorzellen.
- Bioinformatische Methoden (auch neue) zur Analyse multidimensionaler Daten

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Eine Belegung des Mastermoduls „Tumor- und Stammzellbiologie“ ist hilfreich, aber nicht Voraussetzung für Masterarbeiten in der Arbeitsgruppe

# AG Naumann

## ALLGEMEINE INFORMATIONEN

**Name der Arbeitsgruppe:**

Cellular Fidelity

**Fachbereich/ Institut:**

Leibniz Institut für Pflanzenbiochemie

**Leitung der Arbeitsgruppe:**

Dr. Christin Naumann


Christin Naumann

0345 5582 1220

christin.naumann@ipb-halle.de
cnaumann@ipb-halle.de

https://www.ipb-halle.de/forschung/molekulares ignalverarbeitung/forschungsgruppen/naehrstoffperzeption

Weinberg 3, 06120 Halle


## ZENTRALE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE/ THEMENBEREICHE

Wir versuchen zu verstehen, wie Arabidopsis externe Verfügbarkeit von Phosphat im Boden über die Wurzelspitze wahrnimmt und welche die molekularen Reaktionen und beteiligten Komponenten sind, wobei wir einen Fokus auf ER Protein Qualitätskontrollmechanismen und nachfolgende regulatorische Prozesse (Sekretion, Autophagie) haben.

## WELCHE AKTUELLEN PROJEKTE VERFOLGT IHRE ARBEITSGRUPPE?

Wir sind zum Einen an der enzymatischen Evolution und Charakterisierung der Multikupfer-Feroxidase LPR1 (vom Bakterium zur Pflanze) interessiert, zum Anderen untersuchen wir auch die genetische Variation von sogenannten LPR1 Proteoformen aus verschiedenen Arabidopsis Ökotypen hinsichtlich enzymatischer Parameter, Substratspezifität und

Regulationsmechanismen. Der zweite Fokus unserer AG beschäftigt sich mit der zentralen Fragestellung der einzigen P5A-typ ATPase in Arabidopsis und deren Funktion in der ER Protein Qualitätskontrolle und dem Sekretorischen Weg. In diesem Kontext untersuchen wir Protein-Membran-Insertionen, Topologie und die „Unfolded Protein Response“.

## ANGEBOT VON ABSCHLUSSARBEITEN, HIWI-JOBS UND FORSCHUNGSGRUPPENPRAKTIKA

- ☑ Bachelorarbeiten
- ☑ Masterarbeiten
- ☑ (HiWi-Jobs) - (Situationsbedingt)
- ☑ Forschungsgruppenpraktika im Master
- ☑ Freiwillige Praktika (Bachelor /Master)

## KOOPERATIONEN

- AG Weinberg
- AG Stubbs
- COST Heidelberg
- CRAG Barcelona
- SLU Uppsala

## WEITERE ANMERKUNGEN/ HINWEISE ZUR ARBEITSGRUPPE:

Wir freuen uns immer über interessierte Studierende und führen immer ein Vorgespräch durch, bei dem wir die gegenseitigen Interessen und möglichen Projekte abgleichen. Wer Interesse hat, kann sich jederzeit gern per E-Mail melden.

## WELCHE ARBEITSTECHNIKEN WERDEN IN IHRER ARBEITSGRUPPE AM HÄUFIGSTEN VERWENDET?

- PCR
- Klonierung (Gateway, GoldenGate)
- heterologe Expression in E.coli, Proteinexpression und -reinigung
- Proteinaktivität
- Protein-Protein Interaktion (IP, Co-IP, Y2H, BiFC)
- Protein Lokalisation (mikroskopisch, biochemisch)
- Western Blot
- Wurzellängenmessung
- Dose-response-curves
- Histochemische Färbungen
- Lichtmikroskopie (Perls-DAB, Callose staining)