

Mit viel Zeit, Können und Engagement

DAS SPRECHERTRIO, ZAHLREICHE FORSCHENDE UND DAS OFFICE
SETZEN SICH TATKRÄFTIG FÜR DIE FORTFÜHRUNG VON RESIST EIN

RESIST soll auch nach der ersten Förderperiode, die bis Ende des Jahres 2025 geht, weiter existieren. Mit diesem Ziel vor Augen begannen die Vorbereitungen für den Antrag auf Weiterförderung des Clusters zur Einreichung bei der DFG bereits im April 2023. Zu dem Zeitpunkt trafen sich RESIST-Mitglieder in der Burg Warberg für das Sammeln und Sortieren der ersten Überlegungen. Die dort erlangten Ergebnisse entwickelten sie unter anderem während eines weiteren Retreats im Kloster Wennigsen weiter, viele Besprechungen und Schreibstunden folgten und auch die Wissenschaftliche Kommission Niedersachsen sowie der Wissenschaftliche Beirat von RESIST haben engagiert geholfen, die Fortentwicklung des Clusters weiter zu planen.



Bei der Präsentation: Prof. Förster (rechts) stellt RESIST dem Gutachtergremium in Bonn vor.



Im Gespräch: Falko Mohrs, Prof. Manns und Prof. Pietschmann (von links) in Bonn.

„Wir haben die bestehenden Forschungsthemen neu ausgerichtet und strukturiert sowie weitere Themen gefunden, mit denen RESIST ins Rennen gehen will“, fasst Prof. Förster zusammen. Mit Erfolg: Pünktlich am 22. August 2024 lag der Antrag der DFG vor.

Die Verschnaufpause war kurz, denn es galt nun, eine Präsentation sowie mehrere Poster für die Begutachtung am 14. Januar 2025 im Wissenschaftszentrum Bonn vorzubereiten. Auch dieser Termin gelang: Mit viel Engagement und Können präsentierte Prof. Förster, Prof. Li und Prof. Dölken in Bonn dem Gutachtergremium und einem Team der DFG den Exzellenzcluster. Dabei kam das Grußwort von Niedersachsens Minister für Wissenschaft und Kultur Falko Mohrs, der das RESIST-Team ebenfalls vor Ort begleitete. Weitere RESIST-Forscherinnen und -Forscher, das Team des RESIST-Office und auch Prof. Manns unterstützten diesen Termin in Bonn und waren auch mit vor Ort.

„Bei der Präsentation trugen alle ihre Themen klar und souverän vor, die anschließende Diskussion war konstruktiv und kollegial“, sagt Prof. Dölken, designierter Co-Sprecher von RESIST. Es ging um Forschungserfolge, die sich beispielsweise um neonatale Sepsis, SARS-CoV-2-Impfung und Strategien gegen multiresistente Krankenhauskeime drehen. Ebenso rückten neue Schwerpunkte und Zukunftspläne ins Licht wie beispielsweise Organoide und Infektionsmodelle. Zur Datenanalyse und -integration sollen verstärkt maschinelles Lernen und künstliche Intelligenz genutzt werden. Auch für die sich anschließenden Gespräche an den Postern, die unter anderem als elektronische Poster präsentiert wurden, war alles bestens vorbereitet. So konnte beispielsweise die SHARED-Datenbank live den Gutachterinnen und Gutachtern vorgeführt werden und auch die Kohorten zogen viel Aufmerksamkeit auf sich.

„Ich glaube, dass wir eine sehr gute Leistung erbracht und einen rundum positiven Eindruck hinterlassen haben“, sagt Prof. Förster, der im Rahmen des RESIST-Seminars am 23. Januar 2025 im Hörsaal Q alle Anwesenden über den Prozess der Antragstellung informierte. Nun gilt es, sich bis zur Verkündung des Ergebnisses am 22. Mai zu gedulden und weiterhin die Dauermen zu drücken.

Vielseitig

Wir freuen uns, Ihnen mit unserem RESIST-Newsletter wieder spannende und abwechslungsreiche Artikel präsentieren zu können: Gleich hier links berichten wir über die Begutachtung unseres Exzellenzclusters und auf der nächsten Seite begrüßen wir herzlich unsere neuen Mitglieder.

Lesen Sie ab Seite 3 mehr über KI-Agenten in den Biowissenschaften und über neueste Forschungsthemen, notieren Sie sich künftige Termine (S. 9) und freuen Sie sich mit den Studierenden unseres Masterstudiengangs und mit den Wissenschaftlerinnen in RESIST (Seite 10 und 11).

Ihr RESIST-Sprechertrio Prof. Förster, Prof. Hansen und Prof. Schulz.



Herzlich Willkommen!

WIR FREUEN UNS SEHR ÜBER UNSERE BEIDEN NEUEN RESIST-MITGLIEDER
DR. NORA SCHMIDT UND PROF. DR. JOSEF PENNINGER



Dr. Nora Schmidt ist Juniorgruppenleiterin am MHH-Institut für Virologie. Ihre Forschung im Rahmen von RESIST konzentriert sich auf RSV- und HSV-1-Infektionen. Insbesondere entschlüsselt sie,

welche Rolle die Interaktionen zwischen der RNA und Proteinen während der Krankheitsmechanismen und Abwehrprozesse spielen. „Wir arbeiten daran, RNA-bindende Proteinkandidaten zu identifizieren und ihre mechanistische Funktion bei der Modulation viraler oder Wirts-RNAs während des viralen Lebenszyklus und der Interferon-Antwort zu beleuchten“, beschreibt sie. Dabei arbeitet sie mit fortschrittlichen Sequenzierungstechniken sowie zellbasierten virologischen und biochemischen Assays. Sie wird Informationen über genetische Varianten aus den RESIST-Kohorten integrieren, zum Beispiel aus der RSV-Kohorte IRIS und aus der Atopische Dermatitis (HSV/AD)-Kohorte. „So werden wir zu einem besseren Verständnis von Krankheitsprozessen und

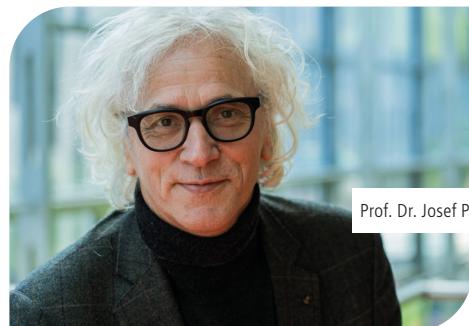
der Anfälligkeit von Patientinnen und Patienten beitragen, bei denen das Risiko einer schweren Viruskrankung besteht“, sagt sie.

Dr. Schmidt hat technische Biologie an der Universität Stuttgart studiert und am Institut für Medizinische Virologie der Universität Zürich promoviert. Von 2020 bis 2024 arbeitete sie als Postdoktorandin am Helmholtz-Institut für RNA-basierte Infektionsforschung in Würzburg. Seit Juni 2024 ist sie Juniorgruppenleiterin am MHH-Institut für Virologie. Mehr Informationen über Dr. Nora Schmidt finden Sie [auf ihrer eigenen Unterseite der RESIST-Homepage](#).

Prof. Dr. Josef Penninger, wissenschaftlicher Geschäftsführer des HZI, widmet sich mit seiner Forschungsgruppe „Innovative Organoidforschung“ den Interaktionen zwischen Wirt und Krankheitserregern. Dafür nutzt er Organoide – dreidimensionale Modelle, die menschliche Organe nachahmen. „Organoiden ermöglichen uns, Studien zu verfeinern, indem wir verschiedene zelluläre Komponenten für eine genauere Simulation menschlicher Gewebe einbeziehen. Dieser Ansatz ist für die Untersuchung von Infektionen, die Erprobung von Impfstoffen und die Entwicklung neuer therapeutischer Strategien von entscheidender Bedeutung“, erläutert Prof. Penninger. Sein Team untersucht Infektionsprozesse und die Rolle von Effektorproteinen. Die Forschenden analysieren, wie Erreger Wirtszel-

len besiedeln, sich ausbreiten, das Immunsystem umgehen und wie Effektorproteine gezielt zelluläre Prozesse des Wirts manipulieren, um das Überleben und die Vermehrung der Pathogene zu sichern.

Josef Penninger studierte an der Universität Innsbruck Medizin, wo er 1990 auch promovierte. Anschließend arbeitete er zunächst als Postdoktorand am Ontario Cancer Institute in Toronto, Kanada, und anschließend in der Abteilung für Immunologie und medizinische Biophysik der Universität Toronto. Von 2002 bis 2018 leitete er als Gründungsdirektor das Institut für Molekulare Biotechnologie (IMBA) in Wien und anschließend bis 2023 das Institut für Biowissenschaften an der Universität von British Columbia in



Kanada. Josef Penninger hat mehrere Forschungsförderungen in der EU und in Nordamerika erhalten und führt eine lange Liste von Auszeichnungen und Ehrungen. Mehr Informationen über Prof. Penninger finden Sie [auf seiner eigenen Unterseite der RESIST-Homepage](#).



Prof. Schulz bleibt Co-Sprecher

Prof. Thomas F. Schulz bleibt auch bis Ende des Jahres 2025 im RESIST-Vorstand als Co-Sprecher. Somit sind im Sprecherteam bis zum Ende der ersten Förderperiode von RESIST: Prof. Förster als Sprecher sowie Prof. Hansen und Prof. Schulz als Co-Sprechende.



Prof. Hilfiker-Kleiner berät den Vorstand

Prof. Hilfiker-Kleiner hat als Präsidentin der MHH nun beratende Funktion im Vorstand von RESIST. Zum Jahreswechsel 2024/2025 folgte die Biologin Prof. Manns an der Spitze der MHH.

Wie wird der Impfstoff wirken?

Prof. Li hat vom Europäischen Forschungsrat (ERC) im Januar einen „Proof of Concept Grant“ erhalten. Gefördert wird ihr Projekt zu diagnostischen Tests, mit denen Grippeimpfstoffe verbessert werden sollen. Insgesamt hat der ERC 134 Projekte für eine Förderung von je 150.000 Euro ausgewählt.

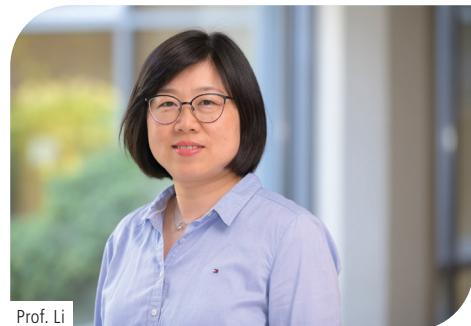
Im vom ERC geförderten Projekt erforscht Prof. Li mit ihrem Team, warum sich die Wirksam-

keit von Grippe-Impfstoffen von Person zu Person unterscheidet. Besonders die saisonale Grippe ist weltweit eine große Herausforderung für die öffentliche Gesundheit. Impfstoffe gegen Grippeviren sind dabei von entscheidender Bedeutung. Allerdings variiert ihre Wirksamkeit zum Beispiel je nach Immunstatus der Personen.

Prof. Li ist es mithilfe von Modellen des maschinellen Lernens

PROF. LI MIT ERC PROOF OF CONCEPT GRANT AUSGEZEICHNET

gelungen, anhand von Biomarkern das Ansprechen auf einen Impfstoff vorherzusagen. Mit der ERC-Förderung möchte sie nun diese Biomarker validieren und in Zusammenarbeit mit einem Industriepartner in einen innovativen, schnellen und zuverlässigen diagnostischen Test weiterentwickeln. Damit soll die Wirksamkeit von Grippeimpfstoffen erheblich verbessert werden, um so die Krankheitslast zu verringern und letztlich Leben zu retten.



Prof. Li

Die RESIST-Wissenschaftlerin Prof. Li ist Ko-Direktorin des CiM, Leiterin der HZI-Abteilung „Bioinformatik der Individualisierten Medizin“ und Professorin der MHH. Sie hatte im Jahr 2020 die ERC-Förderung „ERC Starting Grant“ erhalten, auf die die jetzige Auszeichnung aufbaut.

KI revolutioniert die wissenschaftliche Literaturrecherche



Die explosionsartige Zunahme neuer Veröffentlichungen in den Biowissenschaften, von denen wöchentlich Tausende erscheinen, macht es für Forschende schwierig, auf dem neuesten Stand zu bleiben. Traditionelle manuelle Methoden zur Durchführung umfassender Literaturübersichten sind zunehmend unpraktisch geworden und erfordern einen erheblichen Zeit- und Arbeitsaufwand.

KI-Forschungsagenten – wie Deep Research von OpenAI oder Perplexity.ai – gehen diese Herausforderung an, indem sie selbstständig anspruchsvolle, mehrstufige Literaturrecherchen durchführen. Im Gegensatz zu Standard-Chatmodellen, die lediglich Textantworten auf der Grundlage vorgegebener Aufforderungen generieren, identifizieren diese Agentensysteme selbstständig relevante wissenschaftliche Literatur, fragen systematisch mehrere Quellen ab, analysieren und extrahieren kritische Daten und integrieren die Ergebnisse in zusammenhängende, vollständig zitierte Doku-

mente. Durch die Kombination von neuen „denkfähigen“ Sprachmodellen mit gezielter Informationsbeschaffung können diese Agenten komplexe Überprüfungsaufgaben innerhalb von Minuten erledigen – ein Prozess, für den Menschen normalerweise Wochen benötigen würden. KI-Forschungsagenten sparen nicht nur viel Zeit und Arbeit, sondern können auch die Vollständigkeit verbessern und menschliche Voreingenommenheit verringern, da sie oft relevante Studien aufdecken, die Forschende übersehen könnten. Diese verbesserte Gründlichkeit kann zu genaueren, ausgewogeneren und zeitnahen wissenschaftlichen Zusammenfassungen führen, die den Umfang und die Qualität des wissenschaftlichen Diskurses erheblich bereichern.

Die Integration von KI-Forschungsagenten in wissenschaftliche Arbeitsabläufe ist trotz ihrer vielversprechenden Möglichkeiten mit einigen kritischen Herausforderungen verbunden. An erster Stelle steht dabei die Qualitätskontrolle. KI-generierte Reviews und Synthesen können unbeabsichtigt Ungenauigkeiten, veraltete Informationen oder sogar KI-generierte „Halluzinationen“ verbreiten, wenn sie nicht überwacht werden. In Anbetracht des Potenzials für solche Fehler ist eine Überprüfung nach wie vor unerlässlich, um wissenschaftliche Genauigkeit und Integrität zu gewährleisten. Letztendlich muss der Mensch, der das Tool verwendet, die volle Verantwortung für die Genauigkeit und Integrität des Inhalts übernehmen.

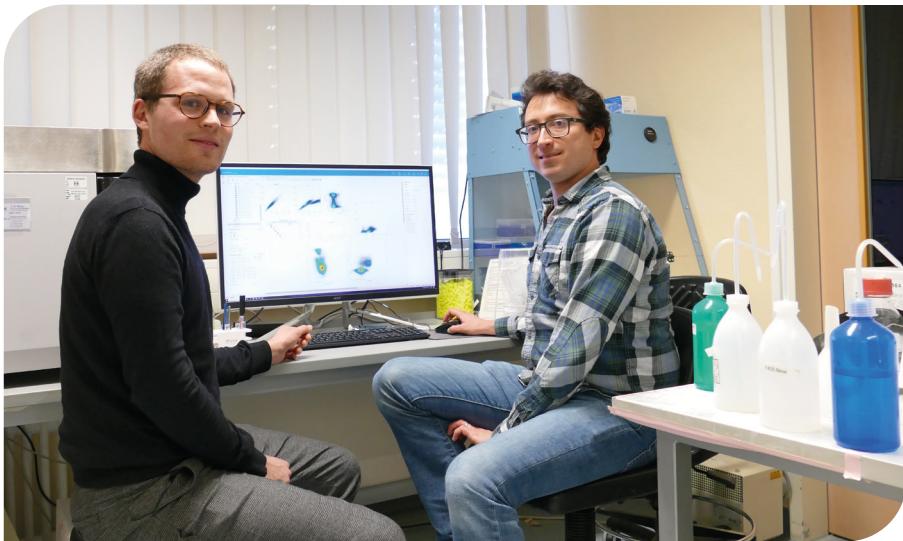
In Zukunft werden KI-Forschungsagenten zu unverzichtbaren Werkzeugen für Biowissenschaftlerinnen und -wissenschaftler werden, die zunehmend in die täglichen Forschungsabläufe integriert werden. Eine spannende Perspektive ist das Aufkommen dynamischer oder „lebendiger“ Literaturübersichten – Dokumente, die kontinuierlich aktualisiert werden, wenn neue Forschungsergebnisse verfügbar werden. Solche „lebenden“ Synthesen könnten die Art und Weise revolutionieren, wie wissenschaftliche Gemeinschaften den Fortschritt in bestimmten Bereichen verfolgen, und die Geschwindigkeit und Genauigkeit der Integration und Verbreitung von Erkenntnissen drastisch erhöhen.

Künftige KI-Plattformen werden wahrscheinlich zahlreiche fortschrittliche Funktionen nahtlos integrieren – darunter eine intelligente und adaptive Suche, ein automatisches Screening von Abstracts, eine rigorose Datenextraktion, die Bewertung von Erkenntnissen, die Erstellung von Synthesen und sogar die Identifizierung neuer Trends und Wissenslücken in Forschungsbereichen. Diese Innovationen bieten nicht nur erhebliche Effizienzsteigerungen, sondern haben auch tiefgreifende Auswirkungen auf die traditionellen Publikationsmodelle. Insbesondere könnte die Allgegenwart von qualitativ hochwertigen KI-Reviews das derzeitige Wirtschaftsmodell vieler „predatory“ wissenschaftlicher Zeitschriften grundlegend stören, die häufig erheblich ihre Impact-Faktoren durch die Veröffentlichung zahlreicher Übersichtsartikel erhöhen.

Dieser Beitrag wurde mit Unterstützung eines LLMs erstellt. Der Autor Prof. Jens Bosse übernimmt die volle Verantwortung für den Inhalt.

Wie altert das Immunsystem?

FORSCHUNGSTEAM HAT IMMUNPROFILE ERSTELLT,
DIE PRÄZISER UND UMFASSENDER SIND ALS ALLE BISHERIGEN



Im MHH-Institut für Immunologie:
Dr. Lennart Riemann (links) und
Rodrigo Gutierrez, PhD, haben die
mehrfarbige spektrale Durchflusszyto-
metrie genutzt, um verschiedene Zelltypen
genau zu phänotypisieren.

Warum sind ältere Menschen anfälliger für Infektionen als Jüngere? Weshalb entfalten Impfungen bei ihnen mitunter eine geringere Wirkung? Um die Mechanismen des alternden Immunsystems besser zu verstehen, wurde die RESIST Senior Individuals (SI) Kohorte ins Leben gerufen – eine Studie mit 550 Bürgerinnen und Bürgern über 60 Jahren sowie 100 jüngeren Teilnehmenden im Alter von 20 bis 40 Jahre, die alle aus der Region Hannover kommen. Die Teilnehmenden wurden umfassend zu Lebensstil, Vorerkrankungen und Medikamenteneinnahme befragt und körper-

lich untersucht. Ein MHH-Forschungsteam um Prof. Reinhold Förster vom Institut für Immunologie hat zusammen mit Mitarbeitenden der Klinik für Dermatologie, des Instituts für Virologie und der Klinik für Pädiatrische Pneumologie, Allergologie und Neonatologie anhand von Blutproben die Anzahl, Art und den Aktivierungszustand der Immunzellen analysiert und daraus detaillierte Immunprofile erstellt, die präziser und umfassender sind als alle bisherigen. Die Ergebnisse dieser wegweisenden Studie wurden in der [Fachzeitschrift EBioMedicine veröffentlicht](#).

Es zeigte sich ein klarer Zusammenhang zwischen Alter, Geschlecht, Rauchen, Fettleibigkeit und Erkrankungen wie Osteoporose, Herzinsuffizienz und Gicht mit bestimmten Immunsignaturen. Besonders auffällig war, dass Menschen mit einer latenten Zytomegalie-Virusinfektion einen erhöhten Anteil von bestimmten Gedächtnis-T-Zellen aufwiesen. „Unsere Ergebnisse heben relevante Immunsignaturen hervor, die das Verständnis altersbedingter Veränderungen des Immunsystems und deren Verbindung zu Krankheiten erweitern“, erklärt Dr. Lennart Riemann, Erstautor der Studie. Gleichzeitig betont er: „Das Immunsystem ist äußerst komplex und variiert stark von Mensch zu Mensch, was allgemeingültige Aussagen erschwert.“

Breiter, tiefer, präziser als je zuvor

Das Forschungsteam konnte die Veränderungen des Immunsystems über ein breiteres Altersspektrum hinweg detaillierter abbilden als in bisherigen Studien – selbst subtile Veränderungen wurden sichtbar. Die große Teilnehmerzahl der SI-Kohorte ermöglichte nicht nur den Vergleich zwischen jungen und älteren Menschen, sondern auch differenzierte Analysen innerhalb der älteren Gruppe. Besonders beeindruckend war die hochauflösende Analyse der Immunzellen: Mit 60 verschiedenen Markern für Oberflächenproteine konnten selbst kleinste Subgruppen von Zellpopulationen präzise charakterisiert werden. So gelang es dem Team beispielsweise, die CD4+ T-Zellen in 18 verschiedene Subgruppen zu unterteilen.

Ein weiteres Highlight war der Einsatz objektiver, computerbasierter Clustering-Methoden zur Zelltypisierung. Anstatt subjektiv anhand visualisierter Daten zu entscheiden, welche Zellen welcher Population angehören, übernahm ein Algorithmus diese Zuordnung – präziser und reproduzierbarer als dies manuell möglich ist. „Wir haben 97 angeborene und adaptive Immunzellcluster untersucht und dabei komplexe, alters- und geschlechtsspezifische Veränderungen im Immunsystem älterer Menschen aufgedeckt“, erklärt Co-Erstautor Rodrigo Gutierrez, PhD.

„Aging Clock“ enthüllt Alterungsprozesse

KI-BASIERTES
COMPUTERMODELL MACHT
DAS ALTERN AUF ZELLEBENE
ERSTMALS SICHTBAR

Mit dem Alter verändert sich unser Immunsystem. Wie genau Immunzellen altern und welchen Einfluss Infektionen und Impfungen dabei haben können, das zeigt eine aktuelle Studie: In einem Big-Data-Ansatz haben Forschende um CiiM-Direktorin Prof. Yang Li ein Computermodell namens „Single-Cell Immune Aging Clock“ etabliert, mit dem sich Alterungsprozesse innerhalb einzelner Immunzel-

len bestimmen lassen. Die Studie ist im [Fachmagazin Nature Aging](#) erschienen.

Für ihre Studie nutzten die Forschenden tausende Datensätze des Transkriptoms – also die Gesamtheit aller zu einem bestimmten Zeitpunkt aktiven Gene innerhalb einer Zelle – für fünf unterschiedliche Immunzelltypen aus frei zugänglichen Daten- und



Literaturquellen. Insgesamt waren dies Datensätze von mehr als zwei Millionen Immunzellen aus Blutproben von rund 1.000 gesunden Personen im Alter zwischen 18 und 97 Jahren. Daraus erstellten sie mithilfe des maschinellen Lernens ein Computermodell, das sie „Single-Cell Immune Aging Clock“ nannten.

„Wir konnten für jeden Immunzelltyp bestimmte Gene ausfindig machen, die in wichtige immunologische Prozesse involviert sind und deren Akti-

vität sich während des Alterungsprozesses verändert. Diese nehmen für den jeweiligen Immunzelltyp die Rolle als Marker-Gene ein und dienen in der späteren Anwendung des Modells als Referenz“, erklärt Prof. Li. „Die Gene, die wir identifizierten, spielen übrigens für die Entwicklung von Entzündungsprozessen eine entscheidende Rolle. Dass Alterungsprozesse insbesondere mit Entzündungsprozessen einhergehen, ist bekannt. Das konnten wir mit unserer Studie auch noch einmal bestätigen.“

Das Forschungsteam wandte die Aging Clock dann in zwei Fallbeispielen an. Sie wollten herausfinden, wie sich eine COVID-19-Infektion bzw. eine Tuberkulose-Impfung auf die Alterungsprozesse innerhalb der verschiedenen Immunzelltypen auswirkt. Bei COVID-19-Patientinnen und -Patienten zeigten sich Alterungsprozesse nur in den Monozyten. Bei Personen mit mildem Krankheitsverlauf war die Alterung aber deutlich weniger stark ausgeprägt. „Unsere Ergebnisse weisen darauf hin, dass schwere Infektionen unsere Immunzellen schneller altern lassen können“, sagt Prof. Li. „Aber – und das sind gute Nachrichten – scheinen diese Veränderungen reversibel zu sein: Nach etwa drei Wochen, wenn die COVID-19-Betroffenen langsam genesen, beginnen die Monozyten, zu ihrem ursprünglichen Altersprofil zurückzukehren.“

Im zweiten Fallbeispiel beleuchteten die Forschenden mithilfe der Aging Clock das Alter verschiedener Immunzelltypen von Personen nach einer Tuberkulose-Impfung. Hier stieß das Team auf einen interessanten Zusammenhang: Die Impfung wirkte sich innerhalb eines Immunzelltyps, den sogenannten CD8-T-Zellen, ganz unterschiedlich aus – je nachdem, wie viele Entzündungsprozesse gerade im Körper abliefen. Doch bei Personen mit hohen Entzündungswerten wirkte sich die Impfung verjüngend auf die Immunzellen aus.

Die „*Single-Cell Immune Aging Clock*“ stellt das Forschungsteam frei zur Verfügung, sodass sie für weiterführende Forschungsprojekte genutzt werden kann.

Der Text basiert auf einer Pressemitteilung des HZI von Nicole Silbermann.



Borreliose:
Ein häufiges Symptom ist eine ringförmige Hautrötung.

Wie reagiert das Immunsystem bei Lyme-Borreliose?

GENETISCHE KARTE DER ZYTOKINREAKTIONEN ERSTELLT

Besonders in der warmen Jahreszeit von April bis Oktober kann es dazu kommen, dass man per Zeckenstich Borrelien übertragen bekommt. Keineswegs jede Infektion führt zur (Lyme-) Borreliose, doch wenn dem so ist, dann treten vielfältige Symptome auf. Sie ähneln meist denen einer Grippe, in seltenen Fällen können die Bakterien auch die Nerven befallen. Das angeborene Immunsystem des Körpers und die damit verbundenen Zytokine spielen eine wichtige Rolle dabei, wie der Körper auf die Krankheit reagiert und wie sich die Symptome entwickeln.

Ein Team um Prof. Li hat bei mehr als 1.000 Patientinnen und Patienten mit Lyme-Borreliose untersucht, wie sich die Produktion der Zytokine vor und nach einer Antibiotikabehandlung verändert. Die Forschenden veröffentlichten ihre Ergebnisse in der angesehenen *Fachzeitschrift Nature Communications*.

Die Forschenden fanden Folgendes heraus: Je mehr Antikörper der Körper als Reaktion auf die Infektion produzierte, desto weniger antientzündliche Reak-

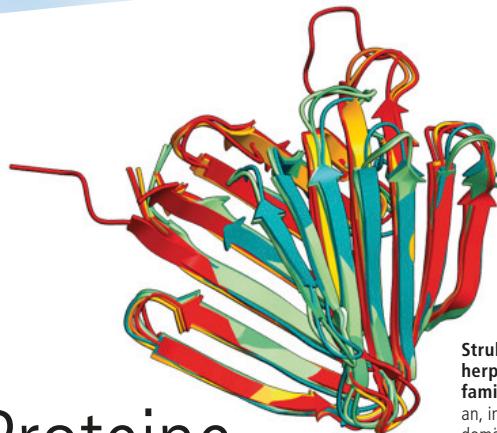
tionen des Zytokins Interleukin-10 kamen vor. Darüber hinaus stellte das Team bei Menschen mit fortgeschrittener Krankheit erhöhte Reaktionen des Zytokins Interleukin-1Ra fest. Das Team hat die Zytokinproduktion genomweit kartiert und 34 Genorte gefunden, die die Produktion der Zytokine beeinflussen; 31 dieser Genorte sind somit vollkommen neu entdeckt worden.

Die SI-Kohorte gesunder Erwachsener aus RESIST war für diese Studie von entscheidender Bedeutung, da sie dazu beitrug, die Ergebnisse

der Lyme-Patienten-Kohorte zu validieren. Anhand dieser zusätzlichen Kohorte konnte das Forschungsteam bestätigen, dass das rs5743618-A-Allel sowohl auf Transkript- als auch auf Proteinebene mit einer höheren Interleukin-10-Produktion verbunden war.

„Unsere Ergebnisse tragen dazu bei, besser zu verstehen, wie das Immunsystem bei Lyme-Borreliose reagiert. Die von uns erstellte genetische Karte könnte auch für andere Krankheiten nützlich sein, bei denen das Immunsystem beteiligt ist“, sagt Prof. Li.

Herpesviren: Vorhersage viraler Proteine



Struktur einer neuen herpessviralen Protein-familie: Die Farben zeigen an, inwiefern sich Struktur-domänen überlagern.

Die neun humanen Herpesviren können Krankheiten wie Lippenbläschen, Windpocken oder Pfeifersches Drüsenvirus auslösen. Die meisten Erwachsenen sind mit mehreren dieser Herpesviren infiziert.

Um neue Therapien gegen diese Viren entwickeln zu können, gilt es, zunächst die molekularen Wechselwirkungen zwischen den Krankheitserregern und den menschlichen Zellen zu verstehen. Grundlage dafür ist die Erforschung der Strukturen für jedes der 70 bis 180 viralen Proteine pro Herpesvirus.

Dies ist nun Prof. Bosse und seinem Team am CSSB gelungen: Sie haben die Strukturen aller neun Herpesvirus-Proteome vorhergesagt – insgesamt 844 einzelne Proteine – und in einer frei zugänglichen Datenbank [HerpesFolds.org](https://www.HerpesFolds.org) zur Verfügung gestellt. Eine Beschreibung der Datenbank und der damit gewonnenen Erkenntnisse veröffentlichte die [Fachzeitschrift Nature Communications](#).

„Wir stellen alle Strukturvorhersagen frei zur Verfügung und haben dafür ein einfach zu bedienendes Benutzerinterface entwickelt“, erklärt der Erstautor der Studie, Timothy Soh.

Die Datenbank gruppert diese Strukturvorhersagen in Gruppen strukturell ähnlicher Proteine. Damit konnten die Forscher auch potentielle Funktionen für bisher nicht charakterisierte virale Proteine beschreiben.

Die HerpesFolds.org Datenbank wird in der Herpesvirus-Forschungsgemeinschaft bereits weithin genutzt. Das Team von Prof. Bosse entwickelt nun bereits die nächste Datenbank für Proteinstrukturvorhersagen von Pockenviren unter Link: <https://www.poxfolds.org/>.

Bakterien-Eigenschaften besser vorhersagbar



Im TWINCORE: Die Wissenschaftlerinnen Judit Burgaya, Jenny Fiebig und Bamu F. Damaris (von links).

Jede Bakterienart besitzt nicht nur ein einziges Genom, sondern ein vielfältiges Ensemble von Genkombinationen. Das führt dazu, dass sich die Eigenschaften von Bakterien stetig verändern – beispielsweise, wie krank sie uns Menschen machen können oder wie resistent sie gegenüber Antibiotika sind. Diesem Thema widmet sich RESIST-Forscher Prof. Galardini. Er entwickelt Methoden, mit denen die Eigenschaften besser vorhergesagt werden können, die durch genetische Variationen entstehen. Nun hat er mit seinem Team eine Software entwickelt, die genomweite Assoziationsstudien (GWAS) erleichtert – Studien, mit denen der Frage nachgegangen wird, welches Gen für welche Eigenschaft verantwortlich ist. „Diese Software haben wir, Judit Burgaya, Bamu F. Damaris, Jenny Fiebig und ich als echte Teamleistung geschrieben“, sagt Prof. Galardini. Die Ergebnisse veröffentlichte die Fachzeitschrift [Microbial Genomics](#).

NEUE SOFTWARE microGWAS ERLEICHTERT ANALYSEN

„Unsere microGWAS integriert die modernsten Werkzeuge zur Durchführung bakterieller GWAS in einer einzigen, benutzerfreundlichen und reproduzierbaren Pipeline. Dadurch werden diese Analysen demokratisiert“, erläutert Prof. Galardini. Die Forschenden haben die microGWAS-Pipeline an einem bereits veröffentlichten Datensatz zur krankmachenden Wirkung der Bakterienart *Escherichia coli* getestet und dabei erfolgreich identifiziert, welche Varianten die Bakterien befähigen, Krankheiten auszulösen.

Marco Galardini hat eine vom Exzellenzcluster RESIST finanzierte Professur an der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) inne. Er leitet die Forschungsgruppe „Systembiologie Mikrobieller Gemeinschaften“ am Institut für Molekulare Bakteriologie des TWINCORE.

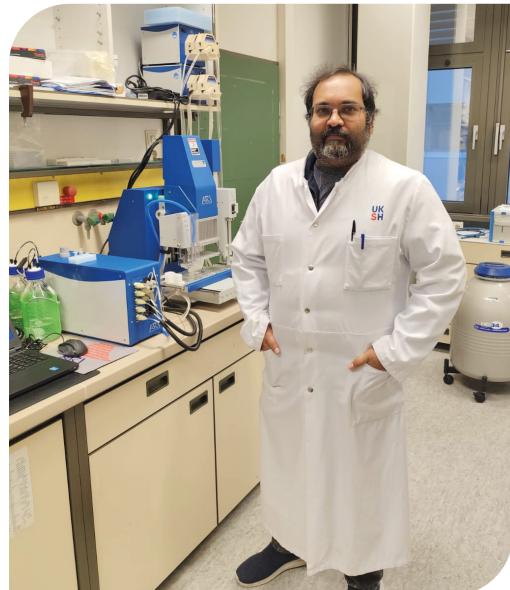
Die Software kann zusammen mit ihrer Dokumentation [hier](#) aufgerufen werden.

Hoffnung im Kampf gegen Hepatitis C

Weltweit sind etwa 58 Millionen Menschen chronisch mit Hepatitis-C-Viren infiziert, mit jährlich 290.000 Todesfällen durch Folgeerkrankungen wie Leberzirrhose und Leberkrebs. Obwohl moderne antivirale Medikamente hohe Heilungsraten erzielen, bleibt die globale Eliminierung von HCV ein schwer erreichbares Ziel. Denn es mangelt an der Früherkennung, Behandlungsmöglichkeiten und Impfstoffen.

Das Team um Prof. Krey an der Universität zu Lübeck hat nun zusammen mit internationalen Partnern einen wichtigen Durchbruch erzielt: Mithilfe sogenannter „epitopfokussierter Immunogene“ konnten erstmals breit neutralisierende Antikörper (bnAbs) in Labormodellen induziert werden. Die vielversprechenden Studienergebnisse veröffentlichte das renommierte *Fachjournal Science Advances*.

„Unsere Forschung legt den Grundstein für eine neue Generation von Impfstoffen. Wir konzentrieren uns darauf, die Herausforderungen der Virusvielfalt und der immunologischen Tarnung von HCV zu überwinden“, erklärt Prof. Krey. Das Team nutzte neuartige Strukturdesigns, um spezifische Bereiche der viralen Glykoproteine E1 und



Dr. Kumar Nagarathinam im Institut für Biochemie der Universität zu Lübeck.

E2 nachzubilden, sogenannte Neutralisationsepitope. Diese wurden auf synthetische Proteinträger übertragen und in Nanopartikel integriert, um eine möglichst effektive Immunantwort auszulösen. In der Studie konnte gezeigt werden, dass diese epitopfokussierten Immunogene insbesondere auch in Mausmodellen mit menschlichem Antikörperrepertoire eine starke Immunantwort auslösen. Die produzierten Antikörper waren in der Lage, mehrere genetisch unterschiedliche HCV-Stämme erfolgreich zu neutralisieren.

„Dieser Proof-of-Concept-Ansatz bringt uns nicht nur näher an einen konkreten Impfstoff gegen HCV, sondern könnte neue Standards in der Impfstoffentwicklung gegen dieses und andere medizinisch wichtige Viren setzen“, sagt Dr. Kumar Nagarathinam, Erstautor der Studie.

Der Text basiert auf einer Pressemitteilung der Uni Lübeck.

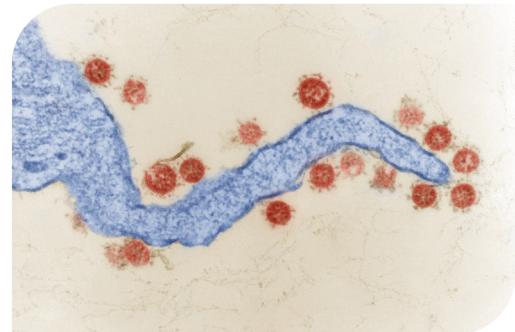
Zurück bringt voran

Viren können durch Mutationen neue Varianten bilden, die dann dem Immunsystem entkommen. Da ist die schnelle Anpassung von Impfstoffen gefragt. Prof. Cicin-Sain vom HZI und Prof. Behrens aus der MHH haben eine Methode namens „Reverse Mutational Scanning“ entwickelt, mit der Mutationen schnell und sicher aufgespürt werden können, die für Immunflucht verantwortlich sind. Sie veröffentlichten ihre Ergebnisse in der *Fachzeitschrift Nature Communications*.

„Mit der Impfstoffentwicklung laufen wir bisher der Verbreitung neuer Virusvarianten mit Immunflucht immer hinterher. Den großen Vorsprung, den die Viren haben, müssen wir auch mit Blick auf künftige Pandemien dringend

verkleinern“, sagt Prof. Cicin-Sain. Grundlage für die neu entwickelte Methode ist das bereits bekannte Verfahren „Mutational Scanning.“ Dabei wird ausgehend vom Ursprungsvirus untersucht, welche Auswirkungen jede einzelne Mutation einer neuen Virusvariante hat. Die Forschenden haben das Verfahren so abgewandelt, dass die neue Virusvariante die Basis ihrer Untersuchungen bildet. Sie nutzten die Methodik quasi rückwärts.

Das Team hat beispielhaft anhand von SARS-CoV-2-Virusvarianten untersucht, welche der 33 Mutationen für die Immunflucht verantwortlich sind, durch die sich die Virusvariante BA.2.86 von der ursprünglichen Variante BA.2 unterscheidet. Ausge-



SARS-Cooronaviren in Vero-Zellen (koloriert). Es handelt sich um einen Ultradünnsschnitt, per Transmissionselektronenmikroskopie sichtbar gemacht. Quelle: Robert-Koch-Institut

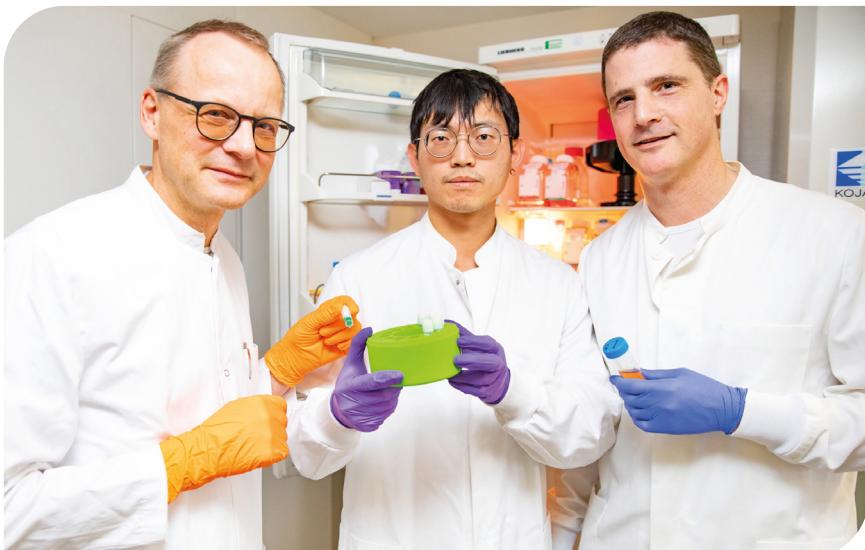
gangen sind sie von der neuen Virusvariante BA.2.86. „Wir haben Pseudoviren hergestellt, bei denen je eine der 33 verschiedenen Mutationen rückgängig gemacht wurde, und zwar in Richtung des Ursprungsvirus BA.2.“, erklärt Dr. Najat Bdeir, Erstautorin der Studie. Die Forschenden haben dann untersucht, wie gut die Immunzellen die jeweiligen Pseudoviren bekämpfen können. Dafür nutzten sie Immunzellen aus Blutseren einer Kohorte von 40 mehrfach geimpften Personen. Mit ihrer Methode konnten die für den Immun-Escape verantwortlichen Mutationen eindeutig identifiziert werden. Das Team hofft, dass mit dem neuen Verfahren künftig auch andere Viren und ihre Varianten auf Immunflucht-verantwortliche Mutationen hin untersucht werden können.

Der Text basiert auf einer Pressemitteilung des HZI von Nicole Silbermann.

Wenn das Immunsystem aus dem Ruder läuft

FORSCHENDE HABEN HERAUSGEFUNDEN, WIE DAS MEDIKAMENT BULEVIRTID DIE LEBERENTZÜNDUNG BEI HEPATITIS D-INFektIONEN LINDERT

Prof. Wedemeyer,
Po-Chun Chen
und Dr. Woller
(von links).



Hepatitis D-Viren (HDV) verursachen die schwerste Form der chronischen, virusbedingten Hepatitis-Erkrankungen. Der Wirkstoff Bulevirtid ist auf dem europäischen Markt die bislang einzige zugelassene Therapiemöglichkeit. Das Medikament heftet sich an

die Bindungsstelle, die den Andockpunkt für die Virushüllen an der Leberzelle blockiert. Da dieser nun besetzt ist, können die Viren nicht mehr in die Zelle gelangen. Gleichzeitig lindert Bulevirtid die Leberentzündung bereits früh während der Behandlung.

Forschende um Dr. Woller und Prof. Wedemeyer unter Mitwirkung von Prof. Cornberg haben nun untersucht, wie Bulevirtid das Immunsystem beeinflusst. Das Team hat einen Marker auf natürlichen Killerzellen (NK-Zellen) identifiziert, der von der entzündungshemmenden Wirksamkeit von Bulevirtid beeinflusst wird. Die Ergebnisse sind in der Fachzeitschrift „Hepatology“ veröffentlicht.

Das Forschungsteam hat das Immunsystem von 20 Erkrankten untersucht, die an chronischer Hepatitis D (CHD) leiden und mit Bulevirtid behandelt wurden. Sie analysierten die NK-Zellen hochauflösend vor und während der Bulevirtid-Therapie und fanden heraus, dass eine bestimmte CHD-Gruppe vor und während der Therapie deutliche Veränderungen bei einem für die Immunreaktion wichtigen Marker namens TIGIT auf der Oberfläche der NK-Zellen aufwies.

„Fehlt TIGIT oder ist es ausgeschaltet, läuft die eigentlich gewünschte Entzündungsreaktion des Immunsystems sozusagen aus dem Ruder“, erklärt Po-Chun Chen, Erstautor der Studie. Im Verlauf der Behandlung mit Bulevirtid stieg die Aktivierung von TIGIT deutlich an. Gleichzeitig sanken die Werte des Enzyms Alanin-Aminotransferase, einem Marker für Leberentzündung. „Das Fehlen der TIGIT-Aktivität auf bestimmten NK-Zellen ist offenbar ein Kennzeichen für eine Leberentzündung bei einer HDV-Infektion“, vermutet Dr. Woller. Eine Behandlung mit Bulevirtid schaltet die Bremse für die Entzündungsreaktionen möglicherweise wieder an und könnte somit der Auslöser sein, warum die Leberentzündung zurückgeht und sich die Leberenzyme während der Therapie schnell verbessern. „Die Aufklärung des Einflusses von Bulevirtid auf den TIGIT-Signalweg könnte helfen, neue Medikamente gegen Leberentzündungen zu entwickeln“, hofft der Biochemiker.

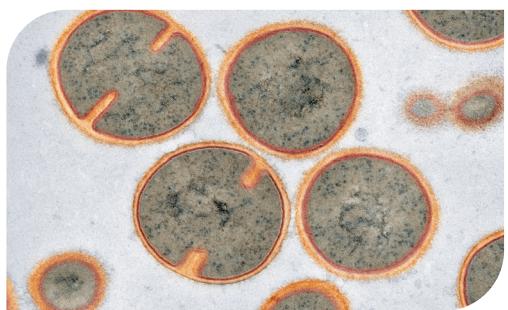
Der Text basiert auf einer Pressemitteilung der MHH von Kirsten Pötzke.

Bakterielle Infektion: Das Enzym CYLD beeinträchtigt Makrophagen

Bei bakteriellen Infektionen spielen Ubiquitine eine wichtige Rolle, weil sie wichtige Regulatoren der Immunantwort sind. Sind diese Proteine ein neuer Ansatz für Therapien? Dieser Frage geht Prof. Schlüter nach: Dazu untersucht er in seinem RESIST-Projekt B12 mit seinem Team die Strukturen und Funktionen der Deubiquitininasen – also der Enzyme, die Ubiquitine an Proteine anfügen oder sie von Proteinen abspalten. „Eine therapeutische Beeinflussung der Ubiquitinierung ermöglicht möglicherweise die Behandlung von Infektionen über Antibiotika hinaus“, sagt Prof. Schlüter. Therapeutika könnten die

Ubiquitinierung verändern und so die antibakterielle Immunantwort stärken.

Prof. Schlüters Team untersuchte in Kooperation mit Prof. Werfel und PD Dr. Rösner auch die Rolle von Ubiquitin bei Patientinnen und Patienten mit atopischer Dermatitis und einer *Staphylococcus aureus*-Infektion. Bei atopischer Dermatitis (AD) wird die Haut häufig von diesen Bakterien besiedelt, was zur Schwere der Erkrankung beiträgt. Die Forschenden fanden heraus, dass in den Fresszellen des Immunsystems der Patientinnen und Patienten vermehrt das deubiquitinie-



Staphylococcus aureus – Ultradünnschnitt im Transmissionselektronenmikroskop, koloriert.

rende Enzym CYLD gebildet wird. Dies beeinflusst die Makrophagen insoweit, als dass sie die Bakterien weniger gut unter ihre Kontrolle bringen können. Das Forscherteam veröffentlichte die Ergebnisse in der Fachzeitschrift *Frontiers in Immunology*.

Bioinformatics Summer School

Auch in diesem Jahr wird die Bioinformatics Summer School mit Prof. Thomas Otto von der Universität Glasgow stattfinden – geplant ist sie derzeit für den Zeitraum vom 4. bis 8. August 2025. Ein Einladung und aktuelle Informationen zu diesem Kurs erhalten Sie rechtzeitig per E-Mail.

RESIST-Symposium

Save the date: Das nächste RESIST-Symposium findet vom 25. bis 27. November 2025 im Medical Park Hannover statt. Externe und interne Sprecherinnen und Sprecher werden aktuelle Forschungen rund um das Thema Infektionsanfälligkeit vorstellen und weitere Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler werden Poster präsentieren. Aktuelle Informationen schicken wir per E-Mail und sind über die RESIST-Homepage www.resist-cluster.de einzusehen.



Zuhörerschaft des vergangenen Symposiums

Sommerfest

Auch dieses Jahr möchten wir wieder ein sommerliches Netzwerktreffen mit einem Verwöhnprogramm für Groß und Klein stattfinden lassen – und zwar am Nachmittag des 13. Juni, dies ist ein Freitag. Bitte schon mal im Kalender notieren, eine Einladung schicken wir noch per E-Mail.



Vorträge im Rahmen der Patientenuniversität

Im Rahmen der Patientenuniversität halten zwei RESIST-Mitglieder Vorträge: Am 1. Juli 2025 erläutert Prof. Witte den Einfluss von Darm-Bakterien auf rheumatische Erkrankungen und am 11. November 2025 erklärt Prof. Lachmann, wie mit Zell- und Gentherapien Atemwegserkrankungen behandelt werden können.



Die Vorlesungen beginnen um 18:00 Uhr im Hörsaal F der MHH, anschließend besteht die Möglichkeit, an Lernstationen noch mehr zu erfahren und das Wissen zu vertiefen. Die Veranstaltungen der Patientenuniversität sind kostenlos. Eine Anmeldung ist nicht erforderlich und es ist möglich, sich die Vorlesung online anzuschauen – der Link wird vorher auf der Homepage der Patientenuniversität bekannt gegeben. Dort ist auch im Nachhinein ein Mitschnitt pro Vorlesung zu finden. Mehr Informationen finden Sie hier: www.patienten-universitaet.de/

RESIST-Seminare

Die Präsentation neuester Forschungserkenntnisse und sogar noch einen Snack – das wird bei den RESIST-Seminaren geboten! Sie finden am ersten und dritten Donnerstag im Monat (außer während der Schulferien) im Hörsaal Q statt.

Ab 13 Uhr präsentieren RESIST-Forschende oder externe Wissenschaftlerinnen und -Wissenschaftler ihr hoch aktuelles Wissen und Können. Zögern Sie nicht! Kommen Sie als Mitglied von RESIST oder als Kollegin, Kollege, Studentin oder Student zu diesen spannenden Seminarterminen! Wer, wann, welche Forschung präsentiert – das erfahren Sie rechtzeitig per E-Mail oder über unserer RESIST-Homepage www.RESIST-cluster.de.



Es gibt sogar noch ein Extra-Angebot: Am 14. Mai werden – ausnahmsweise an einem Mittwoch um 12 Uhr – sowohl Prof. Donna Neumann als auch Prof. Robert Kaletja von der University of Wisconsin-Madison, USA, vor Ort sein und je einen Vortrag halten.

Bitte notieren Sie sich, dass das Seminar am 5. Juni, 16. Oktober und 4. Dezember bereits um 12 Uhr beginnt, da der Hörsaal um 13 Uhr nicht zur Verfügung steht. Sie können auch gerne noch eine Referentin oder einen Referenten vorschlagen. Schicken Sie einfach eine E-Mail an RESIST@mh-hannover.de.

Feierliche Ehre

FESTLICHER RAHMEN BEI DER ZEUGNISÜBERGABE FÜR STUDIERENDE DER BIOMEDIZINISCHEN DATENWISSENSCHAFT

Aus dem Masterstudiengang Biomedizinische Datenwissenschaft, der im Rahmen von RESIST entstanden ist, gingen nun zum zweiten Mal Absolventinnen und Absolventen hervor: 18 Studierende der ersten beiden Jahrgänge haben ihr Studium im Jahr 2024 erfolgreich beendet. 14 von ihnen feierten dies am 6. Februar gemeinsam mit Absolventinnen und Absolventen der beiden anderen biowissenschaftlichen MHH-Masterstudiengänge Biochemie und Biomedizin: Sie alle erhielten in einem festlichen musikalischen Rahmen ihre Zeugnisse im sehr gut besuchten Hörsaal F.

Prof. Marschollek, Sprecher des Masterstudiengangs Biomedizinische Datenwissenschaft, eröffnete die Feier und MHH-Studiendekan Prof. Just schloss sich mit einem Grußwort an. Den wissenschaftlichen Festvortrag mit dem Titel „System-Strukturbiologie von Infektionserregern mit Hilfe von KI“ hielt Prof. Bosse, Forscher im Centre for Structural Systems Biology (CSSB), Hamburg & MHH, und RESIST-Mitglied.

Den Preis für den „Besten Abschluss“ des Studiengangs Biomedizinische Datenwissenschaft erhielt PD Dr. Stephan Traidl und die Auszeichnung „Beste Masterarbeit“ bekam Jana Tauschke.

Rechnen, damit Transplantate länger funktionieren

„Ich habe mich während meines Bachelor Biochemie-Studiengangs besonders für Datenanalyse interessiert und mich deshalb für den Master-Studiengang entschieden“, sagt **Jana Tauschke**. Die 26-Jährige hat in ihrer Masterarbeit Genexpressionsdaten aus Biopsien transplantiert Nieren analysiert. So konnte sie zeigen, dass die Abstoßungsreaktionen auf molekularer Ebene deutlich heterogener sind als auf histologischer Ebene. „Die Betrachtung weiterer Subgruppen von Abstoßungsreaktionen könnte eine individualisierte Therapie ermöglichen und so möglicherweise die Langzeit-Funktion von Transplantaten verbessern“, erläutert Jana Tauschke. Nun promoviert sie am Peter L. Reichertz Institut für Medizinische Informatik in der Arbeitsgruppe „Klinische Datenwissenschaften“. Jana Tauschke hat auf der e:Med Konferenz im November 2024 in Hamburg einen Posterpreis für die Darstellung ihrer Masterarbeit bekommen.

Der Studiengang hat ihr sehr gut gefallen, besonders die Interdisziplinarität. „Es treffen Studierende

Die Zeugnisse überreichten die Sprecher der Masterstudiengänge – wobei Prof. Marschollek dabei von Prof. Depledge unterstützt wurde, der seit dem Sommer 2024 als Nachfolger von Prof. Schulz auch für das Programm des Masterstudiengangs verantwortlich ist.

Den Preis für besonders engagierte Lehrende in diesem Studiengang wurde in diesem Jahr an drei Module verliehen: „Statistical Machine Learning – KI und Datenanalyse“ vom Team um Dr. Dominik Wolff, „Einführung in die Datenanalyse“ von der Gruppe um Prof. Dr. Helena Zacharias sowie „Digitale Bildanalyse“ vom Team um Dr. Klaus Hendrik Wolf.

Bei einem anschließenden Sektempfang vor dem Hörsaal konnten alle Absolventinnen und Absolventen diese Feierstunde im Kreise aller Anwesenden fröhlich ausklingen lassen.



Die Absolventinnen und Absolventen im Hörsaal F: Jana Tauschke und PD Dr. Stephan Traidl stehen vorne in der Mitte und Prof. Marschollek und Prof. Depledge oben.

Mehr Informationen über den Studiengang Biomedizinische Datenwissenschaft finden Sie hier: www.mhh.de/master-biomeddat.

Kontakt: Anna Selich, Telefon: 0511 532-5700
master.biomeddat@mh-hannover.de

zusammen, die entweder einen biowissenschaftlichen oder einen medizinischen Hintergrund haben. Das ist sehr bereichernd – nicht nur inhaltlich, sondern auch als „Soft Skill“ für den späteren Arbeitsalltag“, sagt sie. Sie möchte auch die vielen spannenden Themen, von Statistik über Datenmanagement bis hin zu Machine Learning, und, dass das Curriculum für die Biowissenschaftlerinnen und -wissenschaftler noch ergänzt wird durch Module im Bereich Humangenetik, Immunologie und Bildgebung. „Dieser Mix macht das Studium sehr spannend“, sagt Jana Tauschke. Gewünscht hätte sie sich noch mehr praktische Übungen und eventuell auch weitere Praktika. Nach ihren Erfahrungen im ersten Jahrgang des Studiengangs wäre es zudem gut, das Vorwissen der Studierenden noch besser einzuschätzen, Online- und Präsenzmaterial besser abzustimmen und Redundanz zwischen den Modulen zu vermeiden.

Welche Faktoren verursachen Anfälligkeit für Infektionen?

Der Mediziner **PD Dr. Stephan Traidl** aus der Klinik für Dermatologie, Allergologie und Venerologie der MHH hat bereits mit dem Master-Studiengang begonnen, als er noch im von der DFG geförderten Clinician Scientist Programm PRACTIS tätig war. In seiner Masterarbeit untersuchte er Hautproben von Patientinnen und Patienten mit atopi-

scher Dermatitis (Neurodermitis), die schwere Herpesinfektionen (Eczema herpeticatum, EH) hatten. Ihn interessierten insbesondere die Daten des Transkriptoms. Sein Ziel war es, Faktoren zu finden, aufgrund derer die Menschen besonders anfällig sind für eine Herpesinfektion. „Wir haben signifikante Unterschiede in der Genexpression festgestellt, die auf eine erhöhte Virusanfälligkeit in der Haut von EH-Betroffenen hinweisen. Dupilumab, ein IL-4R Antikörper, der zur Behandlung der atopischen Dermatitis eingesetzt wird, konnte die antivirale Abwehr nur teilweise normalisieren“, erläutert der 31-Jährige.

„Im Masterstudium haben mir insbesondere die thematischen Schwerpunkte gut gefallen, die von den Grundlagen wie Datenanalyse bis zur Omics und Künstlichen Intelligenz (KI) gingen“, sagt er. Die Dozierenden hätten sich wirklich viel Mühe gegeben, diesen noch jungen Studiengang bestmöglich zu gestalten. „Auch der Austausch mit den Kommilitoninnen und Kommilitonen war immer sehr gut und hat nicht nur das Studium an sich bereichert, sondern auch die Forschungsprojekte“ ergänzt er. Er empfiehlt, den Bereich der KI weiter auszubauen und auch deren Anwendung über die Grenzen der MHH hinaus zu thematisieren, zum Beispiel in der biomedizinischen Industrie.

TREFFEN DES FRAUENNETZWERKS

„Women in RESIST“ (WiR)

Ein reges Kennenlernen und diskutieren – das charakterisierte das zweite Treffen des Frauennetzwerks „Women in RESIST“ (WiR) am 13. März im Restaurant Brunnenhof. Es ähnelte einem "Speed-Dating": Die 16 Wissenschaftlerinnen, die sich zum Abendessen versammelt haben, wechselten bei jedem Gang die Tische und die Gruppenzusammensetzung, so dass sie sich zu vier verschiedenen Themen immer mit anderen Frauen austauschen konnten. Dabei ging es beispielsweise um die Angebote des MHH-Büros für Chancengleichheit, die Organisation und Inhalte der nächsten WiR-Netzwerkentreffen, herausforderndere Situationen des Berufs- und Familienalltags und um die Karriere. Am Ende stellten die Wissenschaftlerinnen ihre Ergebnisse der Diskussionen kurz vor. Beispielsweise regten sie an, dass das Netzwerkentreffen wie bisher aus Frauen verschiedener Karrierestufen bestehen soll und dass beim nächsten Termin Wissenschaft-



lerinnen eingeladen werden können, die über ihren Weg berichten, wie sie als Mutter erfolgreich Karriere gemacht haben. Auch die Themen Familien-LOM, Anspruch auf einen Platz in einer der Betriebs-Kindertagesstätten, Hausaufgaben-Hilfe für die Kinder sowie die

Unterstützung für Wissenschaftlerinnen mittlerer Karrierestufen waren Themen. Es war ein lebendiger und angenehmer Abend des Austauschs und der Vernetzung bei gutem Essen und Getränken.

Karriere und Kind vereinbaren

Eine wissenschaftliche Karriere weiter zu verfolgen und gleichzeitig schwanger zu sein, ein Kind zu bekommen und es zu betreuen – das ist sehr schwierig. In RESIST tätige oder mit RESIST assoziierte Doktorandinnen und Postdoktorandinnen sowie Junior-Gruppenleiterinnen können sich dabei unterstützen lassen, indem sie die Mitfinanzierung einer technischen Assistenz beziehungsweise einer wissenschaftlichen Hilfskraft für bis zu zwölf Monate beantragen, dafür gibt es die Programme „Maternity Leave“ und „Re-Entry“.

Dr. Carina Jacobsen, Dr. Nora Schmidt, Dr. Ximena Leon Lara und Dr. Tao Yang waren im Programm „Re-Entry“ erfolgreich: Sie werden nun während ihres Wiedereintritts nach der Elternzeit entlastet. Dr. Rebecca Pospich wird im Programm „Maternity Leave“ während ihrer Elternzeit unterstützt.

Ausgezeichnet

Dr. Ximena León Lara hat im Januar den mit 1.000 Euro dotierten „Infection Biology PhD Preis“ für ihre Promotion mit dem Titel "Postnatal maturation traits and functionality of γδ T cells in children from malaria-endemic areas and in preterm neonates with sepsis" erhalten. Der Preis wird von RESIST unterstützt.



Impressum

Herausgeber

Exzellenzcluster RESIST
Institut für Virologie
Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
Carl-Neuberg-Straße 1, 30625 Hannover
E-Mail: RESIST@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4107
Internet: www.RESIST-cluster.de

Chefredaktion

Professor Dr. Reinhold Förster
Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
E-Mail: foerster.reinhold@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4107

Redaktion

Bettina Bandel
E-Mail: Bandel.Bettina@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4046
Dr. Eugenia Gripp, Dr. Eugenia Faber,
Dr. Maike Hinrichs
E-Mail: RESIST@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4107

Gestaltung und Druck

Digitale Medien der
Medizinischen Hochschule Hannover (MHH)

Online-Ausgabe

Der RESIST-Newsletter ist auch im Internet zu finden unter www.RESIST-cluster.de

Fotos (Ausgabe 1_2025)

Bettina Bandel, MHH (2, 4, 6, 11, 12)
Karin Kaiser, MHH (2, 8)
Karin Kaiser/MHH/KI-generiert (5)
Nico Herzog (2, 3)
Markus Cornberg (1)
HZI/Stephan Dublasky (2)
Istock.com/Boy Wirat (3)
Istock.com/anakopa (5)
Dinesh Thiagaraj (7)
Robert-Koch-Institut (7)
P. Kaiser. Kolorierung: A. Schnartendorff/
RKI (8)
Svea Pietschmann (9)
Dr. Sabine Johann (11)
PD Dr. Ruth Olmer (12)



Die Schülerinnen und Schüler haben über Immunfluoreszenzfärbungen einzelne Zelltypen im Atemwegsepithel nachgewiesen.

UniStemDay 2025

Mit Stammzellen selbst experimentieren und mehr über die Infektionsforschung erfahren, Forschende kennen lernen und medizinisches Hintergrundwissen bekommen – dies alles konnten 30 Oberstufenschülerinnen und -schüler der Gymnasien Burgdorf, Lutherschule, Garbsen und der IGS Wunstorf beim diesjährigen UniStemDay am 14. März in der MHH erleben. Wie schon in den vergangenen Jahren haben Prof. Lachmann und PD Dr. Ruth Olmer diesen europaweit stattfindenden Bildungstag rund um die Stammzellforschung an der MHH organisiert. Der Tag wurde unter anderem vom DFG-geförderten Exzellenzcluster RESIST und vom Deutschen Zentrum für Lungenforschung (DZL) unterstützt.

Nach einer Einführung zum Thema Stammzellen beleuchteten Prof. Hoppe, PD Dr. Schukfeh und PD Dr. Zweigerdt Stammzellforschung im Zusammenhang mit Ethik, Kinderchirurgie und Herzkrankheiten. Anschließend konnten die jungen Gäste in fünf verschiedenen Laboren an der MHH zu den Themen Leber, Lunge, Gentherapie, Blut und Klinische Forschung eigene

Experimente rund um die Stammzellforschung durchführen. Ein besonders spannender Teil des Tages bestand für die Schülerinnen und Schüler darin, Forschende direkt Fragen stellen zu können – unter ihnen Medizinstudierende, Ärztinnen und Ärzte, Doktorandinnen und Doktoranden, Technische Angestellte sowie Professorinnen und Professoren.

„Für uns war der Tag insgesamt sehr interessant und informativ. Die Begeisterung, die die Professorinnen und Professoren, Ärztinnen und Ärzte für ihr jeweiliges Fachgebiet hatten, war spürbar und ziemlich ansteckend“, fassten die Gäste der Lutherschule zusammen. „Durch die verschiedenen Präsentationen aus unterschiedlichen Berufsfeldern haben wir einen tollen Einblick in die Stammzellenforschung gewonnen. Besonders fasziniert hat uns das eigenständige Experimentieren im Labor, das uns praktische Erfahrungen und ein besseres Verständnis der Thematik ermöglicht haben“, sagen Lavinia Lenze und Janne Frankfurth vom Gymnasium Burgdorf.

RESIST ist jetzt auf Bluesky

RESIST ist nicht mehr auf der Social-Media-Plattform 'X' vertreten, sondern auf der Social-Media-Plattform 'Bluesky'. Damit folgt RESIST vielen anderen wissenschaftlichen Communities wie beispielsweise der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG). Auf Bluesky präsentierten wir spannende Forschungsergebnisse, kündigten Veranstaltungen an, berichten über weitere Aktivitäten und bieten Möglichkeiten zur Zusammenarbeit an.

Wir freuen uns über alle bereits dort anwesenden Mitglieder unserer Gemeinschaft und laden alle anderen ein, sich uns auf dieser neuen Plattform anzuschließen und mit Ihnen in diesem aufregenden neuen Raum in Kontakt zu bleiben oder zu kommen! Folgen Sie uns auf Bluesky über diesen Link! <https://bsky.app/profile/resist-cluster.bsky.social>



RESIST – Über uns

Das Team des Exzellenzclusters RESIST (Resolving Infection Susceptibility) bietet exzellente Wissenschaft für Menschen, die besonders anfällig sind für Infektionen. Es setzt sich aus Forscherinnen und Forschern zusammen, die in der **Medizinischen Hochschule Hannover** (MHH) arbeiten sowie im **TWINCORE-Zentrum** für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung, **Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung** (HZI) Braunschweig, **Centre for Structural Systems Biology** (CSSB) Hamburg, **Centrum für Chronische Immundefizienz** (CCI) Freiburg und in der Stiftung **Tierärztliche Hochschule Hannover** (TiHo). Die Arbeit des Exzellenzclusters RESIST wird von der **Deutschen Forschungsgemeinschaft** (DFG) unterstützt.

Gefördert durch
DFG Deutsche
Forschungsgemeinschaft

