01
Frühjahr
2022

NEWS
RESIST – Forschen für die Schwächsten

RESIST

Halbzeit-Bilanz

LOB FÜR RESIST: DIE MEISTEN PROJEKTE SIND QUALITATIV SEHR HOCHWERTIG UND WELTWEIT EINMALIG



Es ist Halbzeit bei RESIST – die Hälfte der ersten Förderperiode ist schon rum – und somit Zeit für eine Zwischenbilanz in Form einer internen Evaluierung der laufenden RESIST-Forschungsprojekte. Sie dient dazu, die strategische Ausrichtung von RESIST zu schärfen und sich auf die externe Evaluierung durch die DFG im Jahr 2025 vorzubereiten.

Für diese Evaluierung verfassten die RESIST-Forscherinnen und -Forscher zunächst Berichte über ihre jeweiligen Projekte, die sie zusammen mit einer allgemeinen Darstellung des Exzellenzclusters dem international besetzten Gutachtergremium in einem Berichtsband zur Verfügung stellten. Während eines sich anschließenden online-Treffens am 31. Januar und 1. Februar 2022 präsentierten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern ihre Arbeiten dann noch einmal in einzelnen Vorträgen dem aus rund 20 Personen bestehenden Gremium – Mitgliedern des wissenschaftlichen Beirats, des Vorstands, Vertreterinnen und Vertreter der Forschungseinheiten A bis D sowie dem RESIST-Sprecher. Während des Treffens stellten auch die sieben RESIST-Professorinnen und -Professoren ihre Forschungsaktivitäten vor.

Nach ausführlicher Analyse und Diskussion identifizierten die Gutachterinnen und Gutachter die Stärken und Schwächen der einzelnen Projekte und hielten diese auch schriftlich fest. Dabei lobten die Mitglieder des wissenschaftlichen Beirats sowohl RESIST als Ganzes als auch die meisten der RESIST-Projekte, denen sie eine sehr hohe Qualität und eine weltweite Einmaligkeit zuschrieben. Auf der Grundlage dieser Bewertung bewilligt der RESIST-Vorstand unter Berücksichtigung strategischer Aspekte die weitere Finanzierung der meisten Projekte bis zum Ende der ersten Förderperiode, die bis Ende 2025 geht, sowie die Aufnahme eines neuen Projektes, das sich um Hepatitis-D-Virusinfektionen dreht.

Wir

freuen uns sehr, Ihnen hiermit den neuen RESIST-Newsletter zu präsentieren. Gleich auf dieser Seite können Sie mehr über das Lob lesen, das RESIST zur Halbzeit der ersten Förderperiode bekommen hat.
Rund um die Forschung drehen sich die Artikel auf den Seiten 6 bis 8: Es geht beispielsweise um Ergebnisse von Arbeiten zu Hepatitis- und Zytomegalie-Viren, aber auch um *E. coli*-Bakterien und die „Zucht" gesunder Fresszellen. Auch das Thema SARS-CoV-2 beschäftigt viele RESIST-Forschende weiterhin sehr, sie werden dabei zum Teil im Rahmen von COFONI gefördert. Erfahren Sie gern mehr darüber ab Seite 2.
Das erste Semester des Masterstudiengangs Biomedizinische Datenwissenschaft ist erfolgreich verlaufen (Seite 9). Und erstmals findet nun auch ein Austausch im Rahmen von HAGIS statt sowie ein Symposium in Glasgow (Seite 10).
Leider mussten wir von Prof. Schmidt Abschied nehmen, da er im Januar gestorben ist. Einen Nachruf können Sie auf Seite 4 lesen.
RESIST wird immer mehr nach außen sichtbar – unter anderem durch die Teilnahme von RESIST-Forschenden an der Patientenuni der MHH (Seite 11). RESIST beteiligt sich aber beispielsweise auch an einer App der DFG und an einem Speeddating – schauen Sie doch mal auf Seite 12. Wir wünschen Ihnen viel Spaß beim Lesen.

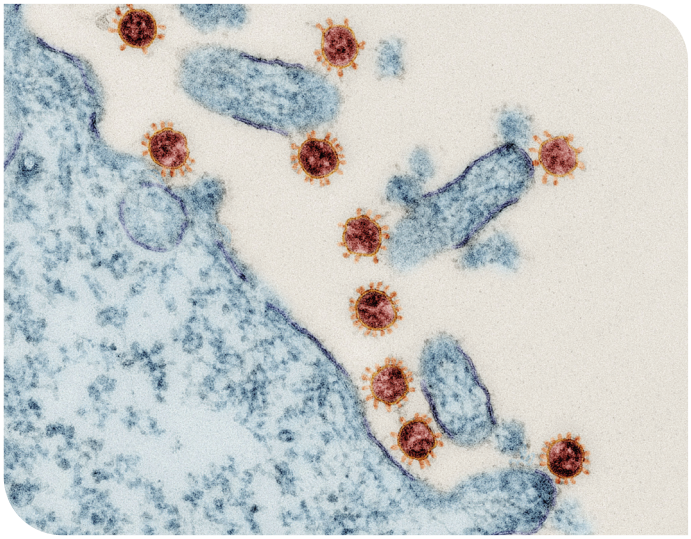
Ihr RESIST-Sprecherteam

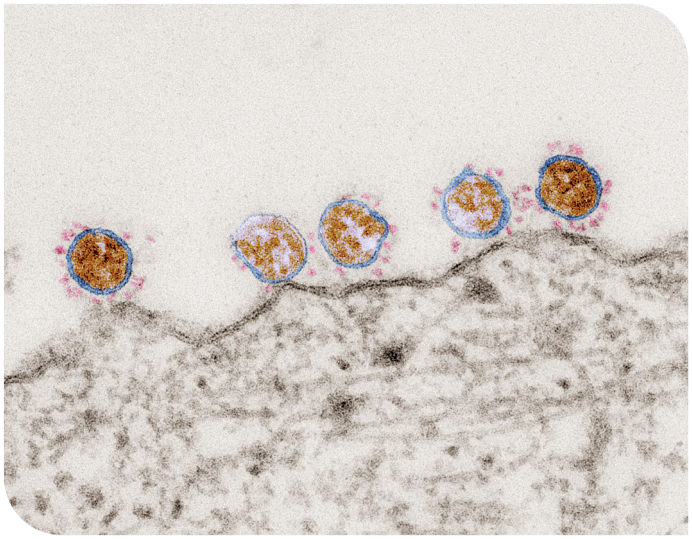


Das RESIST-Sprecherteam Prof. Schulz (Mitte) und sein Stellvertreter Prof. Förster (links) sowie seine Stellvertreterin Prof. Hansen (rechts).

Forschung rund um COVID-19

DAS NETZWERK COFONI FÜHRT WISSENSCHAFTLICHE KERNKOMPETENZEN ZUSAMMEN





SARS-Coronavirus-2-Partikel auf der Oberfläche einer Zelle (elektronenmikroskopische Aufnahme, Ultradünnschnitt)

Was wirkt gegen SARS-CoV-2? Wer erkrankt trotz Impfung? Welche Rolle spielen die Gene bei der Immunantwort? Es drehen sich weiterhin zahlreiche Fragen rund um das Thema Corona. Um sie beantworten zu können, fördert das „COVID-19-Forschungsnetzwerk Niedersachsen" (COFONI) 13 Projekte mit insgesamt rund sechs Millionen Euro. Sechs dieser Projekte leiten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die auch in RESIST forschen beziehungsweise mit RESIST assoziiert sind. Die Projekte werden mit je bis zu 500.000 Euro unterstützt und konnten in der Zeit von Februar bis April 2022 starten:

Die Besten testen

SARS-CoV-2-Infektionen mit Antikörpern hemmen zu können – das ist das Ziel des Projekts „Aktivität humaner breit neutralisierender Antikörper in einem SARS-CoV-2 Primatenmodell", das Prof. Schulz leitet und dessen Mit-Antragsteller auch RESIST-Forscher Prof. Krey ist.

Dabei geht es dem Forschenden darum, dass die Antikörper möglichst alle SARS-CoV-2-Varianten neutralisieren können – und möglichst auch nahe verwandte tierische Coronaviren, welche menschliche Zellen infizieren und deshalb möglicherweise künftig auch auf den Menschen übertragen werden und weitere Ausbrüche verursachen könnten.

Den Forscherinnen und Forschern ist es bereits gelungen, so genannte breit neutralisierende Antikörper zu entwickeln. Diese können das ursprüngliche SARS-CoV-2-Virus, alle bisher aufgetretenen Varianten und sogar auch verwandte Betacoronaviren – beispielsweise mit SARS-CoV-2 verwandte Viren von Schuppentieren und Fledermäusen – gezielt hemmen. Das Team konnte auch schon nachweisen, dass verschiedene dieser breit neutralisierenden Antikörper Hamster vor einer Infektion sowohl mit dem ursprünglichen als auch mit der Omicron-Variante von SARS-CoV-2 schützen können. „Nun wollen wir die besten dieser Antikörper in einem Modell für nichtmenschliche Primaten testen und neue Antikörper mit einem noch breiteren Neutralisierungspotenzial entwickeln", sagt Prof. Schulz. Das Projekt führen Prof. Schulz und Prof. Krey mit Prof. Pöhlmann (Deutsches Primatenzentrum, DPZ) durch.

Das Entkommen verhindern

Um hochpotente SARS-CoV-2 neutralisierende monoklonale Antikörper dreht sich auch das Projekt „Präklinische Entwicklung eines monoklonalen Antikörpers gegen SARS-CoV-2 (PREHUMAB)", das Prof. Kalinke koordiniert.

Seinem Team ist es bereits gelungen, aus Gedächtnis B-Zellen von genesenen COVID-19-Patientinnen und -Patienten hochpotente SARS-CoV-2 neutralisierende monoklonale Antikörper zu entwickeln. „Diese werden wir nun als so genannte multivalente bispezifische Reagenzien weiterentwickeln. Mit Hilfe dieser Reagenzien soll verhindert werden, dass Varianten des Virus entstehen, die der Immunabwehr entkommen können", sagt Prof. Kalinke.

Darüber hinaus wird das Team verschiedene Wege erproben, um solche Reagenzien im Lungenepithel zur Expression zu bringen. Neben Experimenten in Mäusen und Hamstern sind auch präklinische Untersuchungen in nichthumanen Primaten geplant. So werden die Voraussetzungen für eine klinische Phase I- Untersuchung in Probanden der vielversprechendsten Antikörper erfüllt. Das Projekt führt Prof. Kalinke zusammen mit Prof. Schambach (MHH) und Prof. Pöhlmann (DPZ) durch.

Neue Bindungsstellen gesucht
Ausweichvarianten des Virus sind auch das Thema des von Prof. Čičin-Šain koordinierten Projekts „Vorhersage von Immunevasions-Mutanten (PREMUS)". Das Coronavirus SARS-CoV-2 benötigt die Spike-Proteine auf seiner Oberfläche, um an spezifische Rezeptoren auf der Oberfläche menschlicher Zellen binden und so in die Zellen eindringen zu können. Die entsprechende Bindungsstelle des Spike-Proteins nennt sich Rezeptorbindungsdomäne (RBD). An die RBD können Antikörper des menschlichen Immunsystems binden und so dafür sorgen, dass die Viren nicht in die Zellen eindringen können.

„PREMUS zielt darauf ab, Mutationen in dieser Bindungsstelle des Spike-Proteins zu identifizieren, die verhindern können, dass die derzeit verfügbaren monoklonalen Antikörper etwas gegen die Viren ausrichten können", sagt Prof. Čičin-Šain. Das Forschungsteam plant, eine Bibliothek von Mutationen dieser RBDs anzulegen. Langfristiges Ziel ist es, Bindungsstellen des Virus für Antikörper zu identifizieren, welche aber nicht in der Lage sind, zu mutieren. So soll verhindert werden, dass die Viren mithilfe von Mutationen das Binden der Antikörper verhindern und somit dem Immunsystem entfliehen können. Antragssteller des Projekts sind Prof. Čičin-Šain, Prof. Dübel und Prof. Hust (TU Braunschweig) sowie Prof. Pöhlmann (DPZ).

Die Antwort des alternden Immunsystems
Um die Langzeitfolgen einer SARS-CoV-2-Infektion bei älteren Menschen dreht sich das von Prof. Hühn koordinierte Projekt „LISE – Langfristige Immunantwort älterer Individuen gegen SARS-CoV-2". Das Team prüft, wie stark die zelluläre und die humorale Immunantwort bei älteren Menschen nach einer SARS-CoV-2-Impfung ist, wie lange sie dauert und wie sie über die Zeit abnimmt. Zu den Antragstellern gehören auch Prof. Förster, Prof. Li, Prof. Illig, Prof. Pöhlmann (DPZ), Dr. Rösner und Prof. Werfel.

Die Forschenden untersuchen auch, ob es unterschiedliche Muster der Immunantwort gibt und welche molekularen Mechanismen diesen zugrunde liegen. „Wir widmen uns darüber hinaus dem Thema, inwieweit die Impfung Antikörper induziert hat, die in der Lage sind, aktuelle und zukünftige Varianten zu neutralisieren", sagt Prof. Hühn. Weitere Fragen sind: Korreliert die zelluläre Zusammensetzung des Immunsystems mit der Fähigkeit, nach der Impfung eine schützende Immunantwort aufzubauen? Welche vollständig geimpften Personen haben ein hohes Risiko für eine Infektion mit aktuellen und auch zukünftigen Virusvarianten? Für LISE stellt das Niedersächsische Ministerium für Wissenschaft und Kultur Sondermittel bereit, da es sich um ein Projekte zur Erforschung von Langzeitfolgen von COVID-19 handelt.

Das Team um Prof. Hühn wendet Multi-omics-Analysen an, integriert die SARS-CoV-2-spezifischen Daten mit bestehenden Multi-omics-Daten und berücksichtigt auch persönliche Risikofaktoren. Multi-omics ist ein Analyseansatz, bei dem die Datensätze mehrere "Ome" sind. Beispielsweise handelt es sich dabei um das Genom, alle materiellen Träger der vererbbaren Informationen einer Zelle, das Transkriptom, alle in einer Zelle vorhandenen Genabschriften, oder das Epigenom, alle chemischen Modifikationen der DNA und Histonproteine, die die Aktivität der Gene und damit die funktionellen Eigenschaften der Zelle zeitweilig festlegen.

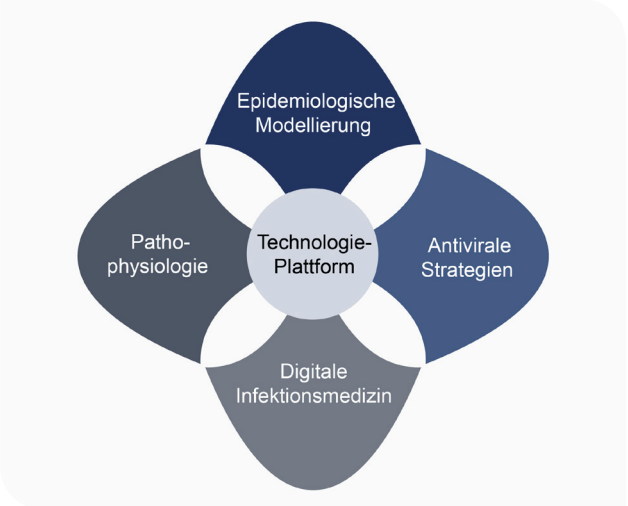
Prognose durch Multi-omics-Daten
Auch das von Prof. Yang Li koordinierte Projekt „Aufklärung der genetischen Regulierung der Immunantwort auf eine SARS-CoV-2-Infektion mit Hilfe von Einzelzell-omics-Ansätzen" nutzt Multi-omics-Analysen. Da das Ausmaß einer Erkrankung individuell sehr verschieden ist, geht Prof. Li der Frage nach, welche Rolle die genetische Regulierung bei der Reaktion des Immunsystems auf eine SARS-CoV-2-Infektion spielt. Mit-Antragsteller des Projekts ist Prof. Cornberg.

Das Team untersucht Mechanismen der Immunantwort und des Krankheitsverlaufs auf Einzelzellebene, unter anderem anhand des Genoms, des Transkriptoms und des Epigenoms von Patientinnen und Patienten. „Wir haben bereits in früheren Studien zeigen können, dass die menschliche Immunreaktion auf Infektionen unter anderem durch genetische Faktoren bestimmt wird und durch die Integration von Multi-omics-Daten vorhergesagt werden kann", sagt Prof. Li. „Deswegen gehen wir davon aus, dass wir mit Hilfe von „Omics-Daten" auch die molekularen Veränderungen bei den COVID-19-Patientinnen und -Patienten identifizieren und Reaktionen des Immunsystems auf SARS-CoV-2-Infektionen machen können." Die Ergebnisse sollen dazu beitragen, Vorhersagen über den Krankheitsverlauf machen und wirksame Therapien entwickeln zu können.

Das Ziel: Proteasen
Welche Rolle ein ganz bestimmtes Protein bei der SARS-CoV-2 Infektion spielt – das möchte Prof. Čičin-Šain herausfinden, in dem von ihm koordinierten Projekt PROTECT: „Die Rolle der TMPRSS2-Proteolyse bei der Ausbreitung von SARS-CoV-2 in Zellen des Respirationstrakts und in vivo". Antragssteller sind außer ihm Prof. Pöhlmann (DPZ), Prof. Ulrich (MHH) und Prof. Braun (Fraunhofer ITEM).

Mit seinem Team konzentriert er sich dabei auf die Transmembran-Serinprotease 2 (TMPRSS2). Dies ist ein Zelloberflächenprotein, welches im Atemtrakt vorkommt und an der Spaltung von Peptidbindungen bestimmter Proteine beteiligt ist. Hier ist die zentrale Frage: Welche Rolle spielt dieses Protein beim Eintritt des SARS-CoV-2-Virus in die Zelle sowie bei der Infektion?

Das Team nimmt an, dass diese zelluläre Protease ein molekulares Ziel sein könnte für therapeutische Strategien gegen die COVID-19-Erkrankung. „Dies ist besonders seit dem Auftreten der Omicron-Variante interessant, die in vitro gezeigt hat, dass die TMPRSS2-Protease weniger eindeutig benötigt wird", sagt Prof. Čičin-Šain. Die an diesem Projekt beteiligten Labor-Teams werden die SARS-CoV-2-Infektion sowohl in menschlichen Gewebekulturen als auch in Lungenschnitten und in Nager- und Primatenmodellen untersuchen.



COFONI: Die vier Schlüsselbereiche rund um die zentrale Technologieplattform.

RESIST trauert um **Prof. Schmidt**

PROF. DR. REINHOLD E. SCHMIDT IST AM 23. JANUAR 2022 IM ALTER VON 70 JAHREN VERSTORBEN



Prof. Dr. Reinhold E. Schmidt

Nach seiner Ausbildung zum Internisten und Rheumatologen in Bonn und in London (Royal Hammersmith) und seiner PostDoc-Zeit am Dana-Farber Cancer Institute an der Harvard-Universität in Boston wurde Reinhold Schmidt 1986 Oberarzt in der Abteilung Klinische Immunologie der MHH. Damals erforschte er die Rolle der NK-Zellen und Fc-Rezeptoren in der Immunabwehr und in der Pathophysiologie von Autoimmunerkrankungen. Von 1995 an leitete er die Abteilung Klinische Immunologie und von 2007 bis zu seiner Emeritierung im Jahr 2020 die Klinik für Immunologie und Rheumatologie. Mit großer Ausdauer hat er sich dafür eingesetzt, die klinische Immunologie als eigenständiges Fach in der Medizin zu etablieren. Mit Erfolg: Neben der Zusatzqualifikation Fachimmunologe DGfI gibt es seit Kurzem die Zusatzbezeichnung Immunologie für Fachärzte.

Reinhold Schmidt war ein Pionier und hat viele seiner Visionen Realität werden lassen, zum Beispiel die Gründung der Hannover Biomedical Research School (HBRS) als Institution, in der heute alle Graduiertenstudiengänge der MHH betreut werden und deren erster Dekan er seit 2003 war. Die Förderung junger Forscherinnen und Forscher war ihm wichtig. Er unterstützte forschende Medizinerinnen und Mediziner in der eigenen Klinik und er organisierte u.a. die Translational Immunology School (TIS), um Medizinerinnen und Mediziner mit Grundlagenforscherinnen und -forschern einander näher zu bringen. In seiner Klinik setzte er sich für die Erforschung primärer und sekundärer Immundefizienzen ein und intensivierte die Erforschung von Kollagenosen und Vaskulitiden.

Er war in zahlreichen Verbundprojekten der MHH beteiligt, zum Beispiel als Sprecher der KFO 250 „Molekulare und zelluläre Mechanismen der Autoimmunität" oder als Mitglied des Vorstands der Exzellenzcluster REBIRTH und RESIST. Reinhold Schmidt hat bei der Gründung von RESIST mitgewirkt und als Mitglied des Forschungsvorstandes und des Internen Beirates eine wichtige Rolle gespielt. Außerdem war er Co-Projektleiter des Forschungsprojekts A2, das die Ursachen der Infektanfälligkeit erforscht – insbesondere die Rolle der Gene sowie den Einfluss angeborener Immundefekte.

Sein Wirken wurde mit zahlreichen Preisen und Auszeichnungen geehrt. Er war Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates des Paul-Ehrlich-Institutes sowie der Forschungsinstitute des Bundesministeriums für Gesundheit, Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften – Leopoldina, Vorsitzender des IUIS Komitees für Klinische Immunologie (CIC), Präsident der Deutschen Gesellschaft für Immunologie sowie Präsident des Stiftungsrates des Deutschen Rheumaforschungszentrums Berlin.

Reinhold Schmidt war beruflich und im Privatleben voller unbändiger Ausdauer und Lebensfreude. Die von ihm organisierten Treffen und Kongresse wurden legendär, da sie einerseits wissenschaftlich herausragend waren, andererseits aber auch das menschliche Miteinander nie zu kurz kam. Zudem prägte ihn eine Begeisterung für den Ausdauersport jeder Art. Er lief auch nach seiner Emeritierung noch manchen der jüngeren Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern davon.

„Reinhold Schmidt wird uns in Erinnerung bleiben als eine äußerst tatkräftige und positiv denkende, facettenreiche und lebensfrohe Persönlichkeit, die Herausragendes für die Klinische Immunologie erreicht und Spuren in der MHH hinterlassen hat."

Prof. Dr. Torsten Witte

RESIST **im Rat**

CORONA-PANDEMIE: PROF. FALK UND PROF. MEYER-HERMANN SIND MITGLIEDER IM EXPERTENRAT



Beraten die Bundesregierung zu Corona: Prof. Meyer-Hermann und Prof. Falk (von links).

Zur effektiven Bekämpfung der Corona-Pandemie hat die Bundesregierung einen wissenschaftlichen Expertenrat aufgestellt, der sie auf Grundlage aktueller wissenschaftlicher Erkenntnisse zur COVID-19 Pandemie und deren Konsequenzen berät. In diesem mit 19 Wissenschaftlern und Wissenschaftlerinnen unterschiedlicher Disziplinen besetzten Gremium arbeiten auch Prof. Falk (MHH) und Prof. Meyer-Hermann (HZI) mit.

RESIST-Forscher Prof. Dr. Michael Meyer-Hermann ist Physiker und leitet die HZI-Abteilung „System-Immunologie" am Braunschweig Integrated Centre of Systems Biology (BRICS), einer gemeinsamen Forschungseinrichtung des HZI und der Technischen Universität Braunschweig.

Prof. Dr. Christine Falk, Mitglied des Internen Beirats von RESIST, ist Präsidentin der Deutschen Gesellschaft für Immunologie. Sie leitet das Institut für Transplantationsimmunologie der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH).

Der Rat informiert das Bundeskanzleramt auf der Basis aktueller wissenschaftlicher Erkenntnisse über infektionsbiologische, epidemiologische, gesundheitssystemische, psychosoziale und gesellschaftliche Entwicklungen. Er arbeitet ehrenamtlich und unabhängig, berät in regelmäßigem Turnus, der nach Bedarf angepasst wird, und erarbeitet Empfehlungen für die Pandemiebewältigung und zur Vorbeugung von weiteren Pandemien. Bisherige Stellungnahmen können Sie im Internet lesen unter Corona-Expertenrat der Bundesregierung.

Neue RESIST-Mitglieder

Wir freuen uns sehr, Prof. Dr. Anna K. H. Hirsch, Leiterin der Abteilung „Wirkstoffdesign und Optimierung" des Helmholtz-Instituts für Pharmazeutische Forschung Saarland (HIPS) in Saarbrücken, als neues RESIST-Mitglied begrüßen zu dürfen. Sie arbeitet nun im Leitungsteam des RESIST-Projekts D1 mit, dessen Ziel es ist, Stoffe zu finden, mit denen die Vermehrung und das Überdauern von Herpesviren im Körper gehemmt werden können.

Im Rahmen von RESIST konzentriert sich Prof. Hirsch insbesondere auf Wirkstoffe, die das sogenannte akzessorische DNA-Polymerase-Protein hemmen können. Es ist an der Vermehrung des Kaposi-Sarkom-assoziierten Herpesvirus beteiligt. „Dieses bisher wenig erforschte antivirale Zielmolekül birgt das Potenzial, neue therapeutische Optionen für Herpesvirus-Erkrankungen zu bieten", sagt sie.

Anna Hirsch studierte Naturwissenschaften mit Schwerpunkt Chemie an der University of Cambridge. Sie promovierte 2008 an der ETH Zürich und arbeitete anschließend am Institut de Science et d'Ingénierie Supramoléculaires in Straßburg, bevor sie 2010 eine Stelle am Stratingh Institute for Chemistry an der Universität Groningen antrat, wo sie 2015 zur Professorin ernannt wurde. Im Jahr 2017 wechselte sie an das Helmholtz-Institut für Pharmazeutische Forschung Saarland (HIPS).

Kontakt:
E-Mail: anna.hirsch@helmholtz-hips.de
Telefon: (0681) 98806-2100

Wir begrüßen auch Dr. Georgios Sogkas als neues Mitglied in RESIST. Der Rheumatologe der MHH-Klinik für Rheumatologie und Immunologie arbeitet nun in den Teams der RESIST-Projekte A2 und B2 mit. Das erste Projekt dreht sich um angeborene Immunschwächen und insbesondere um die Frage, wie die Diagnose verbessert werden kann, damit möglichst viele Betroffene frühzeitig erkannt werden können. Das zweite Projekt geht der Frage nach, inwiefern Darmbakterien rheumatologische Erkrankungen auslösen können.

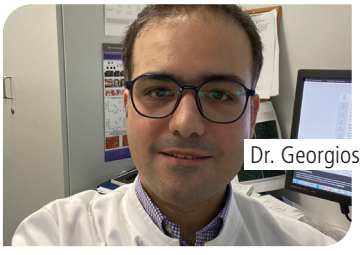
Dr. Sogkas konzentriert sich im Rahmen von RESIST darauf, bei Menschen mit angeborenen Immunschwächen gemeinsame Krankheitsmechanismen von Immundefizienz und Autoimmunität zu identifizieren. „Die Entdeckung monogener Störungen, die sowohl durch Autoimmunität als auch durch Anfälligkeit für Infektionen gekennzeichnet sind, hat neue Einblicke in die gemeinsamen pathophysiologischen Ursprünge von Immundefizienz und Immundysregulation ermöglicht", sagt er. Mit seiner Arbeit will er dazu beitragen, dass neue therapeutische Ansatzpunkte gefunden werden, um die Dysregulation des Immunsystems umzukehren. „Das Ziel ist, dass Patientinnen und Patienten mit Immundefizienz nicht zusätzlich mit Immunsuppressiv-wirkenden Medikamenten belastet werden", sagt er.

Dr. Sogkas hat an der Universität Thessalien, Griechenland, Medizin studiert und anschließend seinen Master in „Integrated Immunology" an der Universität Oxford, United Kingdom, absolviert. Seinen Doktorgrad erhielt er an der MHH-Klinik für Immunologie und Rheumatologie, wo er seitdem arbeitet.

Kontakt:
E-Mail: Sogkas.Georgios@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-3799



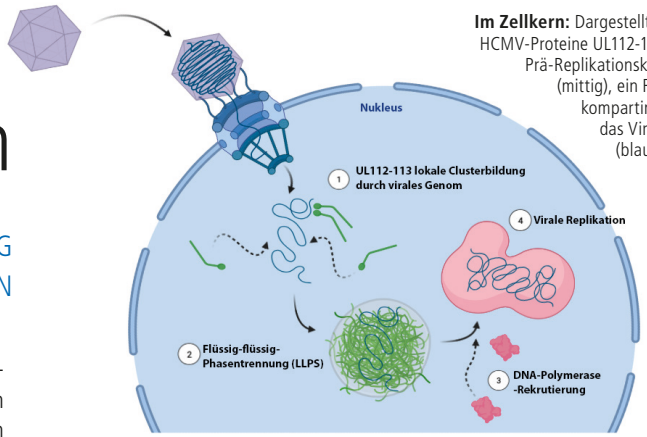
Prof. Dr. Anna K. H. Hirsch



Dr. Georgios Sogkas

Raum der Replikation

FORSCHUNGSTEAM KONNTE DIE VERMEHRUNG DES ZYTOMEGALOVIRUS WEITER AUFKLÄREN



Im Zellkern: Dargestellt sind die HCMV-Proteine UL112-113 (grün), ein Prä-Replikationskompartiment (mittig), ein Replikationskompartiment (rot) und das Viren-Genom (blau).

Das humane Zytomegalovirus (HCMV) ist eine der Hauptursachen für Krankheit und Sterblichkeit bei immungeschwächten Transplantationspatientinnen und -patienten und die häufigste Ursache für Infektionen bei Neugeborenen weltweit.

Bei einer HCMV-Infektion vermehrt das Virus sein DNA-Genom in spezialisierten Replikationskompartimenten im Kern der Wirtszelle. Diese membranlosen Organellen entstehen als runde Strukturen und nehmen mit der Zeit an Größe zu. Der genaue Mechanismus der Biogenese der Replikationskompartimente ist jedoch nach wie vor unbekannt.

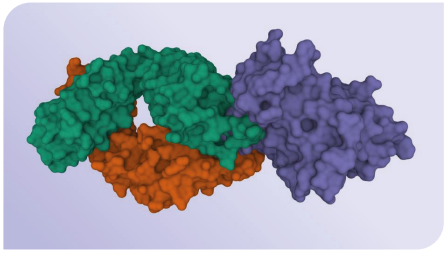
Ein Team unter der Leitung von Professor Dr. Wolfram Brune (HPI) und RESIST-Professor Dr. Jens Bosse (MHH, CSSB, HPI) konnte nun zeigen, dass die HCMV-Proteine UL112-113 eine Phasentrennung durchlaufen, wodurch die Ausbildung der Replikationskompartimente im Zellkern unterstützt wird. Die so gebildeten phasengetrennten Prä-Replikationskompartimente sind notwendig, um die virale DNA-Polymerase für die Genomreplikation der Viren zu rekrutieren. Die Ergebnisse wurden im Journal „Cell Reports" veröffentlicht. Das Wissenschaftlerteam, an dem auch RESIST-Forscher Prof. Grünewald beteiligt war, nutzte für seine Arbeit sogenannte Live-Cell Imaging- und Photo-Oligomerisierungs-Methoden.

Die Aufklärung dieser Replikationsabläufe trägt zum Erreichen des langfristigen Ziels bei, HCMV-Infektionen besser abwehren und therapieren zu können.

Der Text basiert auf einer Pressemitteilung von Dr. Franziska Ahnert-Michel, Presse- und Öffentlichkeitsarbeit des Heinrich-Pette-Institut – Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)

Antikörper charakterisiert

EIN WEITERER SCHRITT AUF DEM WEG ZUR ENTWICKLUNG EINES HEPATITIS-C-IMPFSTOFFES



In Form einer Kristallstruktur dargestellt: Die Bindung eines Antikörpers (rot und grün) an das HCV-Oberflächenprotein „E2" (violett).

RESIST-Forscher Prof. Pietschmann vom Twincore-Institut für Experimentelle Virologie hat im Jahr 2021 mit seinem Team ein Testsystem entwickelt, mit dem die Immunantwort gegen das große Spektrum der Hepatitis C-Viren (HCV) präzise gemessen werden kann. Mit Hilfe dieses Testsystems konnten nun im Rahmen einer Studie HCV-Antikörper isoliert werden, die außergewöhnlich viele Virusvarianten gleichzeitig angreifen – so genannte breit neutralisierende Antikörper. Sie konnten aus einer Gruppe von Patientinnen und Patienten isoliert werden, die als „Elite-Neutralisierer" außergewöhnlich viele Virusvarianten gleichzeitig angreifen können.

Diese Analyse der Antikörper zeigt auf, wo das Virus besonders empfindlich ist, was ein weiterer Schritt auf dem Weg zur Entwicklung eines Hepatitis-C-Impfstoffes ist. Die Studie, an der auch RESIST-Forscher Prof. Krey von der Universität Lübeck beteiligt war, leitete das Team von Prof. Dr. Florian Klein, Uniklinik Köln und Deutsches Zentrum für Infektionsforschung. Die Ergebnisse veröffentlichte die hoch angesehene Fachzeitschrift Immunity.

Das Wissenschaftlerteam untersuchte die Daten von 435 Hepatitis-C-Patientinnen und -Patienten. Bis zu fünf Prozent zeigten außergewöhnliche HCV-neutralisierende Aktivität. Aus dem Blut von vier dieser „Elite-Neutralisierer" isolierte das Team mehr als 300 Antikörper, darunter solche, die verschiedene Hepatitis-C-Viren besonders effizient unschädlich machen konnten. Mit Hilfe von Struktur- und Mutationsanalysen charakterisierten die Forschenden diese besonderen Antikörper und konnten beispielsweise erkennen, welche Aminosäuresequenzen Einfluss auf die Neutralisationsfähigkeit haben.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler planen nun als nächstes, die potentesten Antikörper im Tiermodell zu testen.

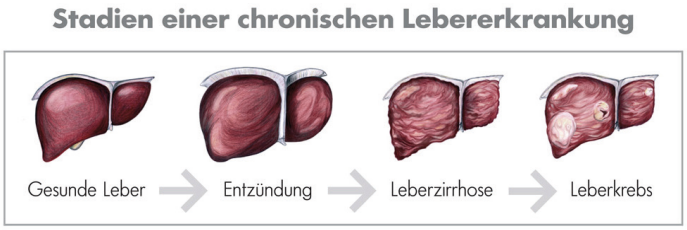
Eine Infektion mit dem Hepatitis-C-Virus führt trotz mittlerweile verbesserter Behandlungsmethoden weltweit immer noch zu etwa 400.000 Todesfällen pro Jahr. Die Entwicklung eines Impfstoffs ist dringend notwendig, scheitert aber bisher an der genetischen Vielfalt und hohen Mutationsrate des Virus.

Wer profitiert von einer **Immuntherapie**?

HEPATITIS B: BIOMARKER SOLLEN PROGNOSE ÜBER THERAPIEERFOLG ERMÖGLICHEN

Hepatitis B kann zu Leberzirrhose und Leberzellkrebs führen. Bisher können die meisten Therapien diese virale Infektion zwar unterdrücken, aber nicht heilen. Es gibt einige neuartige Immuntherapien, mit der eine tatsächliche Heilung erreicht werden kann, doch bisher ist noch unklar, welche Patientinnen und Patienten besonders von diesen neuen Therapien profitieren. Ein Forschungsteam unter der Leitung von Prof. Cornberg und PD Dr. Anke Kraft, in dem auch Prof. Li und Prof. Wedemeyer sowie weitere Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des CiiM, der MHH und des DZIF mitgearbeitet haben, hat nun einen Biomarker identifiziert, der Prognosen über den Therapieerfolg ermöglichen soll. Die Ergebnisse erschienen in der Fachzeitschrift Gut.

Das Team fand heraus, dass die für die Bekämpfung des Virus besonders wichtigen T-Zell-Antworten von Patientinnen und Patienten mit einer chronischen Hepatitis B-Virusinfektion nicht – wie bisher angenommen – mit dem Spiegel des Hepatitis B-Oberflächenproteinkomplex (HBsAg) im Blut assoziiert, sondern eher durch das Alter der Patientinnen und Patienten beeinflusst waren. „Jüngere Patientinnen und Patienten, die vermutlich noch nicht so lange chronisch mit dem Virus infiziert sind, zeigen eine stärkere T-Zell-Antwort auf das Virus", sagt Prof. Cornberg. „Da dies die Voraussetzung für eine erfolgreiche Immuntherapie gegen das Virus ist, sollten neue Immuntherapien vor allem in diesen Patientinnen und Patienten untersucht werden."



Hepatitis B kann zu Leberzirrhose und Leberzellkrebs führen. © Deutsche Leberstiftung

Zudem suchte das Team nach alternativen Biomarkern, um Therapieprognosen treffen zu können. Sie fanden heraus, dass die T-Zellen von Infizierten mit einem niedrigen Blutspiegel eines anderen Virusmarkers („Hepatitis B core-related Antigen", HBcrAg) eine bessere Immunfunktionen hatten.
Der Text basiert auf einem Artikel von Charlotte Wermser / HZI

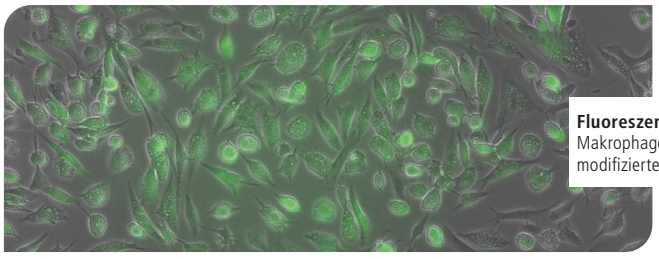
Mit Zellen **heilen**

MAKROPHAGEN KÖNNEN DIE ENTWICKLUNG ZELLBASIERTER THERAPIEN FÜR ZAHLREICHE KRANKHEITEN SOWIE TESTSYSTEME FÜR INFEKTIONSKRANKHEITEN ERMÖGLICHEN

Makrophagen sind sowohl für die Immunantwort als auch für die Gewebereparatur und die Beseitigung von Krebszellen wesentlich. Darüber hinaus wehren diese Fresszellen unseres Immunsystems Bakterien und Viren in der Lunge ab. Doch sie können geschwächt sein, beispielsweise aufgrund eines genetischen Defekts oder einer bereits durchlaufenden Infektion. Auch eine Vielzahl von Erkrankungen kann dazu führen, dass die Funktion dieser wichtigen Zellen beeinträchtigt ist. Diese kranken Zellen durch gesunde aus dem Labor zu ersetzen – das ist einer der neusten zelltherapeutischen Ansätze, die RESIST-Forscher Professor Dr. Nico Lachmann derzeit erforscht.

Dafür hat er nun mit seinem Team eine detaillierte Anleitung zur kontinuierlichen Massenproduktion von Makrophagen erstellt und in der Fachzeitschrift „Nature Protocols" veröffentlicht. Die Makrophagen werden dabei aus menschlichen Stammzellen gewonnen, die auf künstlicher Reprogrammierung von Körperzellen basieren. „Diese Strategie ist einfach und robust, kann in Suspensionskultur oder in Rührtank-Bioreaktoren durchgeführt werden und es können kontinuierlich pro Woche über mehrere Monate 20-50 Millionen funktionelle und hochreine Makrophagen hergestellt werden", sagt Prof. Lachmann.

Die Möglichkeit, voll standardisierte Makrophagen zu produzieren, erlaubt aber noch mehr: So können nun innovative Testsysteme entwickelt werden, um neuartige anti-bakterielle oder anti-virale Wirkstoffe zu entwickeln und auf ihre Sicherheit zu überprüfen. Auch potentielle Verunreinigungen von Medikamenten können mit den Zellen aufgespürt werden. „Die neue Technik ist ein wichtiger Beitrag für RESIST, um neue Wege in der Infektionsmedizin von morgen zu beschreiten."


Fluoreszenzbild:
Makrophagen aus genetisch modifizierten Stammzellen (iPSC).

Wie wird ein Darmkeim zum Krankheitserreger?

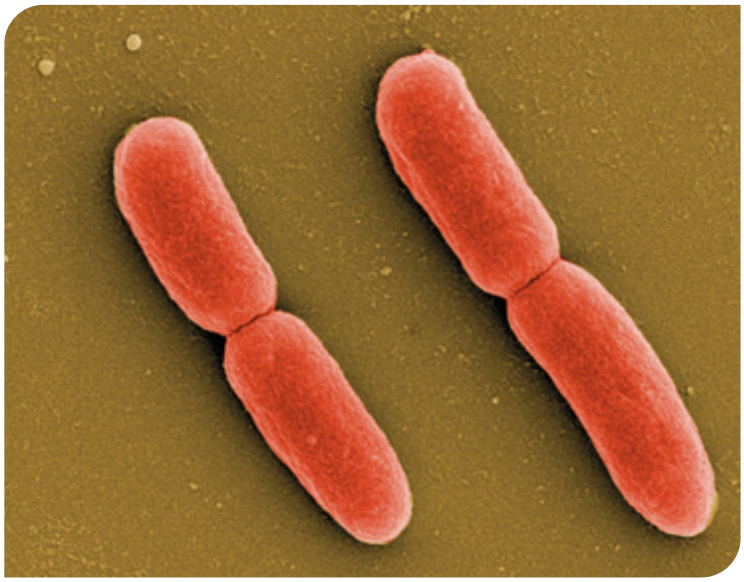
Prof. Grünewald **ist CSSB-Direktor**

Prof. Dr. Kay Grünewald, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) und Fachbereich Chemie der Universität Hamburg, ist seit Beginn des Jahres 2022 neuer wissenschaftlicher Direktor des Zentrums für Strukturelle Systembiologie (CSSB). Im CSSB werden modernste Technologien und Methoden eingesetzt, um zu untersuchen, wie Krankheitserreger Zellen infizieren. Prof. Grünewald leitet dort auch die Forschungsgruppe "Strukturelle Zellbiologie der Viren".

Prof. Grünewald ist Co-Leiter der RESIST-Projekte D1 und D2, deren Ziel es ist, Infektionen mit Herpesviren besser therapieren zu können. Darüber hinaus vertritt er im RESIST-Vorstand stellvertretend den Projektbereichs D, der sich um die Frage dreht, wie Viren es schaffen, sich im Körper einzunisten.



Prof. Grünewald



Escherichia coli: Elektronenmikroskopische Aufnahme dieser Bakterien

Ein Team von Forschenden um den RESIST-Professor Dr. Marco Galardini am TWINCORE hat gemeinsam mit Kolleginnen und Kollegen von der medizinischen Fakultät der Universität Paris untersucht, ob bestimmte Gene des Bakteriums im Zusammenhang mit der Schwere der verursachten Erkrankungen stehen. Ihre Ergebnisse veröffentlichen sie in der Fachzeitschrift PLOS Genetics.

E. coli ist Teil der menschlichen Darmflora. Als sogenannter Kommensale verursacht er dort normalerweise keinen Schaden. Doch er kann auch zum Krankheitserreger werden: Im Urogenitaltrakt verursacht er beispielsweise Blasenentzündungen und in der Blutbahn eine Blutvergiftung. Wie schwer eine solche Infektion verläuft, ließ sich bisher nicht anhand der genetischen Ausstattung des Keims vorhersagen.

Forschende vom TWINCORE in Hannover haben nun analysiert, ob bestimmte genetische Varianten von *E. coli* im Zusammenhang mit einem schweren Verlauf stehen. „Wir haben Bakterienproben aus zwei großen Patientenstudien sequenziert und mit dem Verlauf der Infektion korreliert", sagt Prof. Galardini, Leiter der RESIST-Forschungsgruppe Systembiologie Mikrobieller Gemeinschaften. Außerdem wurden Charakteristika wie Alter, Geschlecht oder bekannte Vorerkrankungen mit in die Analyse einbezogen. Gene, die die Schwere der Erkrankung bestimmen, konnte das Team nicht identifizieren. Allerdings machten sie eine andere, interessante Entdeckung: Eine bestimmte Genkassette stand in klarem Zusammenhang mit Infektionen, die im Harntrakt begonnen haben. Hieraus lässt sich eine Strategie zur Vermeidung von lebensbedrohlichen Erkrankungen ableiten. „Man könnte zukünftig die Erreger bei einer Blasenentzündung sequenzieren und dann entscheiden, ob die medikamentöse Behandlung vorsichtshalber angepasst werden sollte."

Dass die Forschenden keinen Zusammenhang zwischen dem Genom der Bakterien und dem Krankheitsverlauf nachweisen konnten, bedeutet nicht zwangsläufig, dass es keinen gibt. „Es könnte genauso gut sein, dass die Zahl der von uns untersuchten Proben zu klein war", sagt Prof. Galardini. „In einer Simulation zeigte sich, dass die zehnfache Anzahl von Proben nötig wäre, um die Verbindung mit höherer Sicherheit nachzuweisen oder auszuschließen." Deshalb bereitet er mit seinen französischen Kooperationspartnern eine umfangreichere Nachfolgestudie vor.

Textquelle: Jan Grabowski / Twincore

Breites Spektrum **in Aussicht**

BESTANDENE BEWÄHRUNGSPROBE: EIN SEMESTER BIOMEDIZINISCHE DATENWISSENSCHAFTEN IST VOLLBRACHT

Sehr gut. So hat Marie Mikuteit, Adrian Schulz und Julia Winkler das erste Semester des Masterstudiums Biomedizinische Datenwissenschaft gefallen – sowohl der Inhalt als auch die Art und Weise.

Gemeinsam mit ihren Mitstudierenden konnten sie sich in Themen wie beispielsweise ‚Einführung in die Datenwissenschaft', ‚Grundlagen der Informatik' sowie ‚Klinische Studien und Biobanking' vertiefen. „Das Studium ist gut strukturiert und mit vielen praxisnahen Beispielen versehen", berichtet Julia Winkler. Neu war für viele die Art des Studierens. Denn anstelle von Unterricht vor Ort, Laboralltag und Praktika auf Stationen – was aus vorherigen Medizin- oder naturwissenschaftlichen Studiengängen bekannt war – lernen nun alle zu selbst gewählten Zeiten, von zu Hause und online. „Mir gefällt das gut, denn so kann ich das Studium gut mit meiner Arbeit in der MHH koordinieren", sagt Marie Mikuteit. Für andere ist es praktisch, weil sie nicht in Hannover wohnen. Neu und beliebt ist auch die kleine Gruppe von 18 Personen, beispielsweise für Adrian Schulz: „Ich mag, dass sich alle kennen und Teamwork sehr gefördert wird."

Umgang auf Augenhöhe

Vor allem von den Dozierenden und Koordinierenden sind die Studierenden begeistert. Sie finden sie ebenso engagiert, respektvoll und kooperativ wie flexibel und entgegenkommend. „Man merkt, dass die Dozierenden Lust haben, uns etwas beizubringen. Sie finden es relevant, dass Leute so etwas studieren und pflegen mit uns einen Umgang auf Augenhöhe", erzählt Marie Mikuteit. „Man bekommt auf Fragen schnell eine Antwort und es ist ein echtes Miteinander", pflichtet Julia Winkler bei. Dass das Studium noch in den Kinderschuhen stecke, merke man an einzelnen Punkten – beispielsweise seien mal zu umfangreichen Aufgaben gestellt, nach Rückmeldung aber angepasst worden. „Sie haben ein echtes Interesse an unserer Meinung, unserem Feedback. Wir können diesen neuen Studiengang mitgestalten – und ich möchte da meiner Verantwortung auch gerecht werden", teilt Adrian Schulz mit. Die Corona-Einschränkungen hat man dem Studium kaum angemerkt, da die meisten Termine von vornherein online geplant waren. Wichtig war für alle, dass sie sich zum Studienbeginn während einer Präsenz-Woche kennenlernen konnten.

Auf die kommenden drei Semester freuen sich die Studierenden – ebenso wie auf die Zeit danach. Adrian Schulz ist gespannt auf die Themen Künstliche Intelligenz, Big Data und Biostatistik. Er kann sich vorstellen, später im Bereich der Datenwissenschaften zu arbeiten. Marie Mikuteit möchte später an einer Hochschule als Ärztin und Forscherin arbeiten, findet es aber auch wichtig, große Datensätze bewerten zu können, wenn man ausschließlich klinisch tätig ist. Und Julia Winkler hatte zu Beginn des Studiums eine Tätigkeit im Bereich der klinischen Studien im Sinn. Doch nun weiß sie: Das Spektrum an Kenntnissen, die sie mit diesem Studium erwirbt, ist viel breiter und bietet viel mehr Möglichkeiten als gedacht.

Bewerbungsstart für das kommende Wintersemester

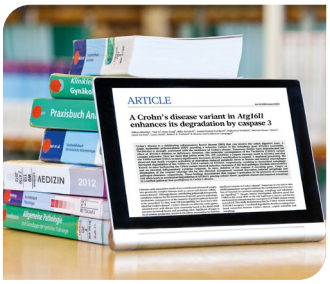
Ab dem 30. April 2022 können sich Interessierte für den Masterstudiengang Biomedizinische Datenwissenschaft bewerben, der im Rahmen des Exzellenzclusters RESIST unter maßgeblicher Beteiligung des Peter L. Reichertz Instituts für Medizinische Informatik der MHH und der TU Braunschweig entstanden ist. Die Bewerbungsfrist endet am 15. Juli 2022. Mehr Informationen sind auf der Homepage zu finden unter: www.mhh.de/master-biomeddat. Ansprechperson ist Dr. Melina Celik, Telefon: (0511) 532-5700, E-Mail: master.biomeddat@mh-hannover.de.



Im MHH-Gebäude J1:
Julia Winkler, Adrian Schulz und Marie Mikuteit (von links).

Publikationen: **Bitte RESIST angeben**

Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) fördert RESIST mit rund 32 Millionen Euro im Zeitraum 2019 bis 2025. Ohne diese Unterstützung wäre unsere wissenschaftliche Arbeit in RESIST nicht möglich. RESIST wird nicht zuletzt auch nach den veröffentlichten Arbeiten seitens der DFG bewertet. Deshalb muss bei den Forschungsergebnissen, die RESIST-Wissenschaftlerinnen und -Wissenschaftler in Fachzeitschriften veröffentlichen, die Deutsche Forschungsgemeinschaft sowie die Identifikationsnummer (ID) des Clusters in den Danksagungen genannt werden.
Folgender Wortlaut ist richtig:
„Gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) im Rahmen der Exzellenzstrategie Deutschlands – EXC 2155 RESIST – Projekt-ID 390874280."



Forschungsergenisse veröffentlichen:
Bitte achten Sie auf die Angabe der richtigen Projektnummer.

Auf nach **Glasgow**



An einer Werkbank:
Franziska Hüsers in einem Labor der MHH-Virologie.

DIE ERSTE STUDENTIN FORSCHT IM RAHMEN VON HAGIS / ERSTES HAGIS-SYMPOSIUM IM APRIL

HAGIS
Hannover-Glasgow Infection Strategy

Das HAGIS-Logo:
Es zeigt die Brücke über den Fluss Clyde in Glasgow und das Ernst-August-Denkmal.

Jetzt geht's los: Am 20. April 2022 reist die erste Doktorandin im Rahmen der „Hannover-Glasgow Infection Strategy" (HAGIS) für zwei Monate nach Glasgow. Franziska Hüsers aus der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Beate Sodeik des MHH-Instituts für Virologie wird dort im Team von Dr. Chris Boutell am „MRC-University of Glasgow Centre für Virusforschung" (CVR) eine Methode erlernen, die sie für ihre Doktorarbeit braucht.

Schottland kennt Franziska Hüsers bisher nur als Urlauberin, aber Erfahrungen im Ausland hat sie zuvor schon während eines viermonatigen Praktikums in London gesammelt. „Ich mag die internationale Atmosphäre, die ich auch aus unserem MHH-Team gut kenne und freue mich darauf, für eine Zeit dort zu wohnen, wo andere Urlaub machen", sagt sie. Ihre Arbeit dreht sich um das Herpes Simplex Virus und insbesondere um das Protein MxB der menschlichen Zelle. Ihre Aufgabe ist es, zu untersuchen, ob dieses Protein die Schutzkapseln (Kapside) von Herpesviren in Zellen zerlegen kann, und in welchen Zelltypen dieser Mechanismus aktiv ist.

Mit der neuen Methode, die sie nun lernt, kann das Genom der Herpesviren vor seinem Einbau in die Kapside spezifisch markiert und seine mögliche Freisetzung aus den Kapsiden in infizierten Zellen verfolgt werden. So soll geklärt werden, bei welchen Stadien im Infektionszyklus das Zellprotein MxB die Kapside angreift.

Franziska Hüsers wird schon vor Ort sein, wenn mehrere RESIST-Forscherinnen und -Forscher am 29. April nach Glasgow reisen, um sich mit dem CVR -Team zu einem gemeinsamen Symposium zu treffen.

HAGIS wurde im August 2021 von RESIST und vom CVR ins Leben gerufen. Ziel ist es, dauerhaft zusammen zu forschen, sich dabei zu ergänzen und so auf der einen Seite die Entwicklung neuer Therapien bei Infektionskrankheiten voranzutreiben und auf der anderen Seite Doktorandinnen und Doktoranden von den kombinierten Forschungsstärken der beiden Standorte profitieren lassen zu können. Das Niedersächsische Ministerium für Wissenschaft und Kultur fördert HAGIS finanziell. Ab 2023 soll nach derzeitiger Planung ein gemeinsamer DFG-Antrag für ein internationales Graduiertenkolleg gestellt werden.

RESIST-Seminare

DONNERSTAG-MITTAG IST RESIST-SEMINARZEIT

Spannende Themen, interessant präsentiert: Jeden Donnerstag (außer während der Schulferien) stellen ein bis zwei RESIST-Wissenschaftlerinnen oder -Wissenschaftler oder hochkarätige Forscherinnen und Forscher aus externen Institutionen in der Zeit von 13 bis 14 Uhr ihre RESIST-Projekte bei der Seminarreihe vor – für alle RESIST und SFB 900-Mitglieder sowie weitere Kolleginnen und Kollegen und natürlich interessierte Studierende. Im April erwarten wir am 21. den Vortrag für das Projekt A4 und am 28. den für das Projekt B1. Im Mai wird am 12. das Projekt B2 vorgestellt. Am 19. Mai referiert Dr. Helge Dorfmüller von der Universität Dundee, Schottland. An den Juni-Donnerstagen (9., 16., 23. und 30.) sind Vorstellungen der Projekte B3 bis B6 vorgesehen. Die Ankündigungen der Seminare mit den Seminartiteln finden Sie auf der Homepage www.RESIST-cluster.de. Wir wünschen allen interessante Donnerstags-Mittage.



Gesund-heitsbildung **für alle**

Patienten UNIVERSITÄT

Die Patientenuniversität der MHH vermittelt in der diesjährigen Frühjahrsreihe Neues und Wissenswertes zum Thema „Infektionen" – und das Team des Exzellenzclusters RESIST- ist aktiv mit dabei: Die RESIST-Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler berichten unter anderem über die Forschungsergebnisse, die sie im Rahmen von sogenannten Kohortenstudien gewinnen konnten. Dies sind Studien, in denen Daten, Blutproben oder Gewebespenden von Patientinnen und Patienten über einen längeren Zeitraum hinweg gesammelt werden. Solche Studien sind für die Beantwortung vieler wissenschaftlicher Fragen unentbehrlich. Die Forscherinnen und Forscher von RESIST nutzen rund ein Dutzend unterschiedliche Kohorten.

Die Informationen werden in Form von Videos vermittelt. Sie stehen ab Ende April auf der Homepage der Patientenuni unter dem Link https://www.patienten-universitaet.de für alle Interessierten zur Verfügung.

Neben den RESIST-Forschungsergebnissen wird es weitere Vorträge zum Thema Infektionen geben, unter anderem eine virtuelle Kurzbegehung der Sonderausstellung „Seuchen. Fluch der Vergangenheit – Bedrohung der Zukunft" des Roemer- und Pelizaeus-Museums Hildesheim sowie eine interessante Erläuterung durch den Kurator des Museums Oliver Gauert.

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. Thomas Schulz
Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
E-Mail: Schulz.Thomas@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4107

Redaktion
Bettina Bandel
E-Mail: Bandel.Bettina@mh-hannover.de
Telefon: (0511) 532-4046

Dr. Eugenia Gripp und Dr. Danica Bergmann
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_2022)
Karin Kaiser, MHH (1, 4, 5, 8,9)
Tobias Hoffmann, Carina Jahnke (Kolorierung), Robert Koch-Institut (RKI), 2020 (2)
Oliver Dietze (5)
Timm Weber (6)
Shifaa Abdin (7)
Deutsche Leberstiftung (7)
HZI / Rohde (8)
Bettina Bandel (9, 10, 12)
MHH (12)

Appetithappen

Die RESIST-Wissenschaftlerinnen und -Wissenschaftler hatten sich im vergangenen Jahr in Hannover, Braunschweig, Hamburg und Saarbrücken vor die Kamera gestellt, um über die Infektionsforschung zu berichten, für die sie „brennen"! Die so entstandenen 44 Videos zeigen, worum sich die Forschung in RESIST dreht und mit welchem Ziel sowie mit welcher Leidenschaft sie betrieben wird. Alle Videos sind per Mausklick auf unserer Homepage zu sehen unter RESIST-Forschende – RESIST (www.resist-cluster.de). Zusätzlich haben wir nun noch einen kleinen Appetithappen als Überraschung erstellt: Ein Video-Teaser, den Sie oben auf der Seite finden, viel Spaß dabei.



Die Startseite unseres Video-Teasers

Mensch Mikrobe

Was sind Mikroben? Wie entstehen Epidemien? Wie lassen sich Infektionskrankheiten kontrollieren? Eine faszinierende Tour durch die Welt der Mikroorganismen und Einblicke in das Wechselspiel zwischen Mensch und Mikrobe bietet die kostenlose interaktive Tablet-App „MenschMikrobe" der DFG.

Im Bereich „Forschen" stellen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler Projekte aus DFG-geförderter Forschung vor – mit dabei ist das von RESIST-Projekt D2, das sich um Herpesviren dreht.

Unter der Überschrift „Wie ein menschliches Abwehrprotein Herpesviren blockiert" erfahren die App-Nutzerinnen und Nutzer vom Team um Prof. Sodeik aus der MHH-Virologie Interessantes über Herpesviren und unser Immunsystem – insbesondere über das Protein MxB, dass eine wichtige Rolle bei der Abwehr von Herpesvirus-Infektionen spielt, da es die Proteinverpackung des viralen Genoms (das Kapsid) zerstören kann.



Die App MenschMikrobe:
Das Wechselspiel zwischen Mensch und Mikrobe kennenlernen.

Frühling

Wir wünschen Ihnen allen trotz der zahlreichen Probleme in der Welt einen farbenfrohen, lichtdurchfluteten und hoffnungsstarken Frühling.

Ihre Newsletter-Redaktion



Speeddating
mit der Wissenschaft

"Book a Scientist" – organisiert von der Leibniz-Gemeinschaft – ähnelt einem Speeddating: Interessierte können sich 25 Minuten lang mit einer Expertin oder einem Experten austauschen und alles fragen, was sie schon immer zu ihrem Lieblingsthema wissen wollten. Die jüngsten dieser Einzelgespräche fanden am 8. April online statt und auch Prof. Dr. Kay Grünewald vergab Gesprächstermine. Bei ihm konnte man unter der Überschrift „Viren eiskalt sichtbar machen" Fragen rund um Kryo-Elektronentomographie stellen – eine Technik, mit der er die Struktur und Dynamik zellulärer Infektionsprozesse analysiert. Der nächste "Book a Scientist"- Termin ist am 15. Juni. Dann können Interessierte erneut Expertinnen und Experten Fragen stellen. Mehr Informationen finden Sie unter www.leibniz-gemeinschaft.de/bookascientist.

RESIST – Über uns

Gefördert durch DFG Deutsche Forschungsgemeinschaft

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.