

Pette-Aktuell



Nachrichten aus dem
Heinrich-Pette-Institut
Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie



Editorial



Sehr geehrte
Freunde und Förderer
des Heinrich-Pette-Instituts,
liebe Kolleginnen und
Kollegen,

die Corona-Pandemie hält uns alle weiterhin in Atem. Auch am HPI wird das SARS-CoV-2-Virus weiter intensiv erforscht: So hat unsere HPI-Forschungsgruppe „Virus Genomik“, zusammen mit Forschenden des UKE und des HZI, den SARS-CoV-2-Ausbruch im Fleischerlegebetrieb Tönnies untersucht und das zugrundeliegende Infektionsgeschehen rekonstruiert. Die Ergebnisse sind nun im renommierten Journal „EMBO Molecular Medicine“ erschienen.

Neben dem SARS-CoV-2-Virus erforschen wir am Institut natürlich auch weitere für den Menschen relevante Viren. Eine aktuelle Studie aus der HPI-Abteilung „Strukturelle Zellbiologie der Viren“ gibt zum Beispiel eindrucksvolle neue Einblicke in den Zelleintritt von Herpesviren. Die Studienergebnisse wurden in der Zeitschrift „Science Advances“ veröffentlicht.

Auch sonst hat sich in den letzten Monaten wieder viel getan am HPI. Die wohl größte Entwicklung ist der Start der neuen HPI-Abteilung „Integrative Virologie“ unter der Leitung von Prof.

Maya Topf. Die Gruppe ist am CSSB in Hamburg-Bahrenfeld lokalisiert und Teil des Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT. Wir heißen Frau Prof. Topf und ihre Abteilung ganz herzlich im HPI willkommen!

Ebenfalls neu besetzt ist unser Gleichstellungsteam: Seit August kümmern sich Doktorandin Ronja Pogan und Katharina Kemps aus dem Einkauf zusammen um alle Gleichstellungsbelange am HPI. Vielen Dank für das Engagement!

Genauer zu den einzelnen Ereignissen finden Sie in dieser Ausgabe unseres Newsletters.

Ich wünsche Ihnen viel Vergnügen bei der Lektüre!

Prof. Thomas Dobner

Wissenschaftlicher Direktor des
Heinrich-Pette-Instituts

Pette-Aktuell ist der regelmäßige Newsletter des Heinrich-Pette-Instituts, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI).

Redaktion:
Dr. Franziska Ahnert-Michel
(V.i.S.d.P.)
Prof. Dr. Thomas Dobner

Mitarbeit:
Meline Brendel

Kontakt:
Heinrich-Pette-Institut
Martinistr. 52
20251 Hamburg
Tel. 040/48051-100 oder
040/48051-108

www.hpi-hamburg.de

twitter @HeinrichPette

Instagram @heinrichpette

Das HPI ist als Stiftung bürgerlichen Rechts eine gemeinnützige und selbstständige Forschungseinrichtung, die seit 1995 der Leibniz-Gemeinschaft angehört.

Das Institut wird anteilig durch das Bundesministerium für Gesundheit (BMG) und die gemeinsame Forschungsförderung der Länder, vertreten durch die Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung und Bezirke (BWFG) der Freien und Hansestadt Hamburg, finanziert.

Mitglied der

Aktuelles aus der Forschung

SARS-CoV-2-Ausbruch in deutschem Fleischzerlegebetrieb: Übertragungen erfolgten über weite Distanzen in klimatisiertem Arbeitsbereich

In einer gemeinsamen Studie des HPI, des Universitätsklinikums Hamburg-Eppendorf (UKE) und des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) wurden die Ursprünge des ersten SARS-CoV-2-Ausbruchs im Mai 2020 bei Tönnies in Rheda-Wiedenbrück, dem größten Fleischverarbeitungskomplex Deutschlands, untersucht. Die Studien-Ergebnisse sind nun im renommierten Journal „EMBO Molecular Medicine“ erschienen.

Die Ergebnisse rekonstruieren die initialen Übertragungsereignisse im Mai 2020 in einem Fleischzerlegebetrieb: Ausgehend von einem einzigen Mitarbeiter wurde das Virus auf mehrere Personen in einem Umkreis von mehr als acht Metern übertragen. Die hauptsächliche Übertragung fand im Zerlegebereich des Betriebes statt, in dem Luft fortwährend umgewälzt und auf zehn Grad Celsius gekühlt wird. Demgegenüber spielte die Unterbringung in Gemeinschaftsunterkünften während der untersuchten Phase des Ausbruchs keine wesentliche Rolle.

Zudem zeigt eine Auswertung der Virussequenzen, dass sich alle SARS-CoV-2-positiv getesteten Personen aus dem Infektionscluster im Mai 2020 einen Satz von acht Mutationen teilen, der zuvor noch nicht beobachtet worden war. Die gleiche Kombination von Mutationen konnte auch in Proben aus der Zeit zwischen dem anfänglichen Infektionscluster und dem nachfolgenden, sehr viel größeren Ausbruch im Juni 2020 in derselben Fleischverarbeitungsanlage nachgewiesen werden - eine Beobachtung, die auf ein fortlaufendes Ausbruchsgeschehen hindeutet.

„Unsere Ergebnisse weisen darauf hin, dass die Bedingungen im Zerlegebetrieb – also die niedrige Temperatur, eine niedrige Frischluftzufuhr und eine konstante Luftumwälzung durch die Klimaanlage in der Halle, zusammen mit anstrengender körperlicher Arbeit – die Aerosolübertragung von SARS-CoV-2-Partikeln über größere Entfernungen hinweg förderten. Es ist sehr wahrscheinlich, dass diese Faktoren generell eine entscheidende Rolle bei den weltweit auftretenden Ausbrüchen in Fleisch- oder Fischverarbeitungsbetrieben spielen. Unter diesen Bedingungen ist ein Abstand von 1,5 bis 3 Metern alleine ganz offenbar nicht ausreichend, um eine Übertragung zu verhindern“, erklärt Prof. Adam Grundhoff, Mitautor der Studie und Forschungsgruppenleiter am HPI.



„Unsere Studie beleuchtet SARS-CoV-2-Infektionen in einem Arbeitsbereich, in dem verschiedene Faktoren aufeinandertreffen, die eine Übertragung über relativ weite Distanzen ermöglichen. Es stellt sich nun die wichtige Frage, unter welchen Bedingungen Übertragungsereignisse über größere Entfernungen in anderen Lebensbereichen möglich sind“, so Melanie Brinkmann, Professorin an der Technischen Universität Braunschweig und Forschungsgruppenleiterin am HZI.

Publikation:

Günther T, Czech-Sioli M, Indenbirken D, Robitaille A, Tenhaken P, Exner M, Ottinger M, Fischer N, Grundhoff A, Brinkmann MM (2020). SARS-CoV-2 outbreak investigation in a German meat processing plant. EMBO Mol Med. 2020 Oct 4:e202013296.

Bild rechts: Prof. Adam Grundhoff ©HPI, Fotograf. Udo Thomas

Herpesviren: Neue Erkenntnisse zum Fusionsablauf beim Eintritt in die Wirtszelle

In einer Studie des HPI, des Centre for Structural Systems Biology (CSSB), der Universität Oxford, der Birkbeck University of London, dem Friedrich-Loeffler-Institut und dem Pasteur-Institut wurde mittels eines multimethodischen Ansatzes der Fusionsablauf von Herpesviren mit der Wirtszelle beim Zelleintritt genauer analysiert. Im Mittelpunkt der Untersuchungen stand dabei die Präfusionsstruktur des im Herpes-simplex-Virus 1 vorkommenden Glykoprotein B. Die Studien-Ergebnisse sind nun im renommierten Journal „Science Advances“ erschienen.

Herpesviren wie das Herpes-simplex-Virus 1 gehören zur Klasse der umhüllten Viren. Bei allen umhüllten Viren katalysieren während des Viruseintritts in die Wirtszelle spezialisierte Oberflächenproteine die Verschmelzung der viralen mit der zellulären Membran. Die Membranverschmelzung wird durch eine strukturelle Konformationsänderung dieser Proteine von einer metastabilen Prä- zu einer stabilen Postfusionsform erreicht.

Die Präfusionsform stellt ein attraktives Ziel für die Entwicklung von Medikamenten und Impfstoffen dar. Jedoch macht die Metastabilität die Proteine hochgradig instabil, so dass sie sich leicht in die Postfusionsform umfalten. Damit stellt die Identifizierung von Möglichkeiten zur Stabilisierung der Präfusionskonformation einen wichtigen Schritt bei der Impfstoffentwicklung dar.

Die nun erschienene Publikation konzentriert sich auf das Membranfusionsglykoprotein B des Herpes-simplex-Virus 1. In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von Prof. Maya Topf (zu dieser Zeit noch an der Birkbeck University) wurden konservierte Sequenzsignaturen identifiziert. Diese entscheidenden Daten erlaubten die Durchführung von Molecular Dynamics-Simulationen, die eine präzise Vorhersage für die Position zur Einführung einer Mutation ergaben. Experimente zur genaueren Charakterisierung in Zusammenarbeit mit den Gruppen von Prof. Thomas Mettenleiter (Friedrich-Loeffler-Institut) und Prof. Felix Rey (Pasteur-Institut), zeigten, dass diese Mutation das Protein strukturell und funktionell in seiner Präfusionsform stabilisiert. Mittels Elektronen Kryotomographie war

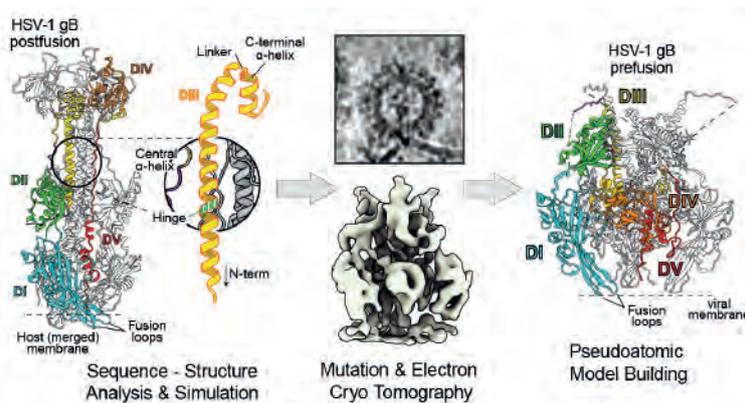
es damit möglich, die Struktur der Präfusionsform mit einer Auflösung im Sub-Nanometer-Bereich zu bestimmen.

Die Ergebnisse erlauben die eindeutige Bestimmung der Domänenanordnung und damit die wesentlichen strukturellen Veränderungen, die erforderlich sind, um die Membranfusionsreaktion voranzutreiben. Hinzu kommt eine bemerkenswerte Ähnlichkeit zu den bereits bekannten Konformationsänderungen des vesikulären Stomatitis-Virus-Glykoprotein G. „Obwohl beide Proteine aus evolutionär scheinbar nicht verwandten

Virusfamilien stammen, sind die Anordnung und Struktur ihrer einzelnen Domänen konserviert“, erklärt der Leiter der Studie Prof. Kay Grünewald.

Sowohl das Fusionsglykoprotein B als auch das Stomatitis-Glykoprotein G gehören beide zu den Membranfusionsproteinen der Klasse III. „In Kombination mit

unserer vergleichenden Sequenz-Struktur-Analyse deutet dies auf eine gemeinsame Domänenumlagerung in allen viralen Fusionsproteinen der Klasse III hin. Antikörper oder antivirale Medikamente, die diese Konformationsänderung beeinträchtigen, könnten einen klinisch relevanten Schutz liefern. Unsere Ergebnisse stellen damit einen ersten Schritt zur Entwicklung neuer Medikamente gegen humanpathogene Herpesviren dar“, fasst Erstautor Dr. Benjamin Vollmer die Ergebnisse zusammen.



Publikation:

Vollmer B, Pražák V, Vasishtan D, Jefferys EE, Hernandez-Duran A, Vallbracht M, Klupp BG, Mettenleiter TC, Backovic M, Rey FA, Topf M, Grünewald K (2020). The prefusion structure of herpes simplex virus glycoprotein B. *Sci Adv.* 2020 Sep 25;6(39):eabc1726

Bild: Graphical Abstract der Veröffentlichung

Forschungspolitik

Spitzenberufung mit dem UKE: Neue HPI-Abteilung „Integrative Virologie“

Die Neuberufung von Prof. Maya Topf auf eine W3-Professur ist integraler Bestandteil von InterACT (Integrative Analysis of pathogen-induced Compartments), einem 2019 in Hamburg etablierten Leibniz-WissenschaftsCampus mit dem übergeordneten Ziel, die Rolle von Kompartimenten im Infektionsverlauf besser zu verstehen. Ihre Gruppe ist räumlich am Centre for Structural Systems Virology (CSSB) in Hamburg-Bahrenfeld lokalisiert. Offizieller Starttermin der Abteilung war der 1. Oktober 2020.

Im Fokus der Forschung von Prof. Topf steht ein besseres Verständnis makromolekularer Komplexe, die im Laufe des viralen Infektionszyklus gebildet werden. Diese entstehen zum Beispiel beim Anheften des Virus an die Wirtszelle oder bei der Freisetzung des neu gebildeten Virus. Dafür entwickelt die Abteilung von Prof. Topf rechnergestützte Modellierungsansätze, die sowohl experimentelle Daten als auch bioinformatische Ansätze integrieren. Das langfristige Ziel ist es, antivirale Therapien zu entwerfen, die diese Schritte blockieren können, oder alternativ Viren für den Einsatz als zielgerichtete Trägersubstanzen umzugestalten.



"In den letzten Jahren hat die Verwendung integrativer, informationsgetriebener Ansätze zur Modellierung der Struktur makromolekularer Komplexe, wie sie von Viren in Zellen gebildet werden, an Popularität gewonnen. Für die Entwicklung neuer computergestützter Methoden, die es erlauben, verschiedene Arten von Daten zu integrieren, Strukturmodelle zu erstellen und weiter zu untersuchen besteht jedoch nach wie vor ein großer Bedarf", erklärt Prof. Topf und fügt hinzu: „Das wissenschaftliche Umfeld und die Infrastruktur des HPI und des InterACT WissenschaftsCampus sind ideal, um meine Forschung erfolgreich voranzutreiben.“

„Am CSSB bemühen wir uns, die molekularen Mechanismen von Krankheitserregern und deren Interaktion mit ihrem menschlichen Wirt zu verstehen. Prof. Topf's Schwerpunkt auf der Entwicklung von Ansätzen zur rechnergestützten Modellierung wird zu unserem Verständnis dieser Interaktionen sowohl auf funktionaler als auch auf Systemebene beitragen. Die gemeinsame Berufung von Prof. Topf durch zwei

Die gemeinsame Berufung von Prof. Topf durch zwei Partner des CSSB (HPI und UKE) stärkt Hamburgs Fokus auf die Bekämpfung von Infektionskrankheiten und wir freuen uns, sie an Bord zu haben", sagt Prof. Chris Meier, Wissenschaftlicher Direktor des CSSB, über den Start von Prof. Maya Topf und ihrer Gruppe.

„Frau Prof. Topf verfügt über langjährige Erfahrung in der Entwicklung und Anwendung von Berechnungsmethoden zur integrativen Strukturmodellierung, wobei ihr

besonderer Schwerpunkt auf der Nutzung von Daten aus der Kryoelektronenmikroskopie und Massenspektrometrie liegt. Angesichts der Tatsache, dass mehrere HPI-Gruppen solche Daten produzieren, wird ihre Expertise eine große Bereicherung sein, um neue funktionelle und fundamentale Einsichten in die Biologie humanpathogener Viren zu ermöglichen. Die Etablierung der neuen Abteilung „Integrative Virologie“ ist damit ein weiterer Meilenstein zur Stärkung der Infektionsforschung am HPI und der Region Hamburg“, freuen sich auch Prof. Thomas Dobner, Wissenschaftlicher Direktor des HPI, und UKE-Dekanin Prof. Blanche Schwappach-Pignataro.

Prof. Maya Topf

Prof. Maya Topf wurde 1973 geboren. Nach einem Bachelor und einem Master in Chemie an der Universität Tel Aviv promovierte sie bis 2002 im Fach Chemie an der University of Oxford. Von 2003 bis 2006 war sie als Postdoktorandin am Department of Biopharmaceutical Sciences an der University of California in San Francisco tätig. Seit 2006 war sie am Institute of Structural and Molecular Biology (ISMB, Birkbeck College and UCL) in London beschäftigt, zunächst als Career Development Fellow (2006-2012), dann als Lecturer (2012-2013) und Reader (2013-2016). Im März 2016 wurde sie zur Professorin für „Structural and Computational Biology“ am ISMB berufen.

Bild: Prof. Maya Topf ©Marta Mayer/DESY

Neues Gleichstellungsteam am HPI

Ronja Pogan wurde zur neuen Gleichstellungsbeauftragten am HPI gewählt. Sie übernimmt das Amt von Heike Hildebrandt.

Ronja Pogan promoviert in der Nachwuchsgruppe „Dynamik viraler Strukturen“ unter der Leitung von Dr. Charlotte Uetrecht. Als Gleichstellungsbeauftragte ist sie Ansprechpartnerin für alle HPI-Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter bei Fragen und Problemen in den Bereichen Vereinbarkeit von Familie und Beruf sowie Vertrauensangelegenheiten wie Diskriminierung, Mobbing oder sexueller Belästigung am Arbeitsplatz.

Katharina Kemps aus dem HPI-Einkauf übernimmt zudem als Elternzeitvertretung das Amt der stellvertretenden Gleichstellungsbeauftragten Julia Lockhauser-Bäumer.

Das HPI bedankt sich herzlich bei Heike Hildebrandt für ihr Engagement als Gleichstellungsbeauftragte in den letzten vier Jahren und freut sich auf die Zusammenarbeit mit dem neuen Gleichstellungsteam.



Bild: Das neue HPI-Gleichstellungsteam: Ronja Pogan (rechts) und Katharina Kemps (links)

Beginn einer DFG geförderten HPI Afrika Kooperation

Bei der Ausschreibung „German-African Cooperation Projects in Infectiology“ der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) wurde ein gemeinsamer deutsch-afrikanischer Antrag bewilligt, an welchem neben dem HPI Partner aus Südafrika, Kenia, Kamerun und Simbabwe beteiligt sind.

Ziel des gemeinsamen Forschungsanliegens ist es, neue Einsichten in die zugrundeliegenden Mechanismen der HIV-1-Pathogenese zu erlangen und Aussagen darüber treffen zu können, welche Virus-

und Wirtsfaktoren sich auf welche Weise auf den Verlauf einer HIV-1-Infektion auswirken. Untersucht werden dabei die metabolischen Konsequenzen der HIV-1-Infektion auf die virale Replikation und auf das Immunsystem sowie auf die Immunentwicklung von HIV-exponierten, aber nicht infizierten, Kindern.

Publikationen (Veröffentlichungszeitraum 1. Juni 2020 bis 31. Oktober 2020)

Bailey MH, Meyerson WU, Dursi LJ, Wang LB, Dong G, Liang WW, Weerasinghe A, Li S, Kelso S; MC3 Working Group; PCAWG novel somatic mutation calling methods working group, Saksena G, Ellrott K, Wendl MC, Wheeler DA, Getz G, Simpson JT, Gerstein MB, Ding L; PCAWG Consortium. Retrospective evaluation of whole exome and genome mutation calls in 746 cancer samples. *Nat Commun.* 2020 Sep 24;11(1):4748.

Bogdanow B, Schmidt M, Weisbach H, Gruska I, Vetter B, Imami K, Ostermann E, Brune W, Selbach M, Hagemeier C, Wiebusch L. Cross-regulation of viral kinases with cyclin A secures shutoff of host DNA synthesis. *Nat Commun.* 2020 Sep 24;11(1):4845.

Bunders MJ, Altfeld M. Implications of sex differences in immunity for SARS-CoV-2 pathogenesis and design of therapeutic intervention. *Immunity.* 2020 Sep 15;53(3):487-495.

Czech-Sioli M, Günther T, Therre M, Spohn M, Indenbirken D, Theiss J, Riethdorf S, Qi M, Alawi M, Wülbeck C, Fernandez-Cuesta I, Esmek F, Becker JC, Grundhoff A, Fischer N. High-resolution analysis of Merkel Cell Polyomavirus in Merkel Cell Carcinoma reveals distinct integration patterns and suggests NHEJ and MMBIR as underlying mechanisms. *PLoS Pathog.* 2020 Aug 24;16(8):e1008562.

Duri K, Gumbo FZ, Munjoma PT, Chandiwana P, Mhandire K, Ziruma A, Macpherson A, Rusakaniko S, Gomo E, Misselwitz B, Mazengera LR; UZ-CHS Birth Cohort Team. The University of Zimbabwe College of Health Sciences (UZ-CHS) BIRTH COHORT study: rationale, design and methods. *BMC Infect Dis.* 2020 Oct 2;20(1):725.

Elbasani E, Falasco F, Gramolelli S, Nurminen V, Günther T, Weltner J, Balboa D, Grundhoff A, Otonkoski T, Ojala PM. Kaposi's Sarcoma-Associated Herpesvirus Reactivation by Targeting of a dCas9-Based Transcription Activator to the ORF50 Promoter. *Viruses.* 2020 Aug 27;12(9):E952.



Frascaroli G, Rossini G, Maltoni V, Bartoletti M, Ortolani P, Gredmark-Russ S, Gelsomino F, Moroni A, Silenzi S, Castellani G, Sambri V, Mastroianni A, **Brune W**, Varani S. Genetic and Functional Characterization of Toll-Like Receptor Responses in Immunocompetent Patients With CMV Mononucleosis. *Front Cell Infect Microbiol.* 2020 Aug 7;10:386.

Günther T, Czech-Sioli M, **Indenbirken D**, **Robitaille A**, Tenhaken P, Exner M, Ottinger M, Fischer N, **Grundhoff A**, Brinkmann MM. SARS-CoV-2 outbreak investigation in a German meat processing plant. *EMBO Mol Med.* 2020 Oct 4:e202013296.

Highton AJ, Diercks BP, Möckl F, **Martus G**, Sauter J, Schmidt AH, **Bunders MJ**, **Körner C**, Guse AH, **Altfeld M**. High Metabolic Function and Resilience of NKG2A-Educated NK Cells. *Front Immunol.* 2020 Sep 30;11:59576.

Hofmann-Sieber H, Gonzalez G, **Spohn M**, **Dobner T**, Kajon AE. Genomic and phylogenetic analysis of two guinea pig adenovirus strains recovered from archival lung tissue. *Virus Res.* 2020 Aug;285:197965.

Kropp KA, López-Muñoz AD, Ritter B, Martín R, Rastrojo A, Srivatharajan S, Döhner K, Dhingra A, **Czechowicz JS**, **Nagel CH**, Sodeik B, Alcami A, Viejo-Borbolla A. Herpes Simplex Virus 2 Counteracts Neurite Outgrowth Repulsion during Infection in a Nerve Growth Factor-Dependent Manner. *J Virol.* 2020 Sep 29;94(20):e01370-20.

Li CH, Prokopec SD, Sun RX, Yousif F, Schmitz N; PCAWG Tumour Subtypes and Clinical Translation, Boutros PC; **PCAWG Consortium**. Sex differences in oncogenic mutational processes. *Nat Commun.* 2020 Aug 28;11(1):4330.

Malinowski M, Alawi M, Krohn I, Ruff S, **Indenbirken D**, **Alawi M**, Karrasch M, Lüschoew R, Streit WR, Timmermann G, Pommerening-Röse A. Deep amoA amplicon sequencing reveals community partitioning within ammonia-oxidizing bacteria in the environmentally dynamic estuary of the River Elbe. *Sci Rep.* 2020 Oct 13;10(1):17165.

Manzano M, **Günther T**, Ju H, Nicholas J, Barmettler E, **Grundhoff A**, Gottwein E. Kaposi's Sarcoma-Associated Herpesvirus Drives a Super-Enhancer-Mediated Survival Gene Expression Program in Primary Effusion Lymphoma. *mBio.* 2020 Aug 25;11(4):e01457-20.

Pfefferle S, **Guenther T**, Kobbe R, Czech-Sioli M, Noerz D, Santer R, Oh J, Kluge S, Oestereich L, Peldschus K, **Indenbirken D**, Huang J, **Grundhoff A**, Aepfelbacher M, Knobloch J, Luetgehetmann M, Fischer N. SARS-CoV-2 variant tracing within the first COVID-19 clusters in Northern Germany. *Clin Microbiol Infect.* 2020 Sep 29;S1198-743X(20)30587-5.

Pich D, Mrozek-Gorska P, Bouvet M, Sugimoto A, Akidil E, **Grundhoff A**, Hamperl S, Ling PD, Hammerschmidt W. First Days in the Life of Naive Human B Lymphocytes Infected with Epstein-Barr Virus. *mBio.* 2019 Sep 17;10(5):e01723-19.

Puhach O, **Ostermann E**, Krisp C, **Frascaroli G**, Schlüter H, Brinkmann M, **Brune W**. Murine cytomegaloviruses m139 targets DDX3 to curtail interferon production and promote viral replication. *PLoS Pathog.* 2020 Oct 8;16(10):e1008546.

Quemin ERJ, Machala EA, **Vollmer B**, Pražák V, Vasishtan D, **Rosch R**, Grange M, **Franken LE**, Baker LA, **Grünewald K**. Cellular Electron Cryo-Tomography to Study Virus-Host Interactions. *Annu Rev Virol.* 2020 Sep 29;7(1):239-262.

Schulz EC, Henderson SR, Illarionov B, Crosskey T, Southall SM, **Krichel B**, **Utrecht C**, Fischer M, Wilmanns M. The crystal structure of mycobacterial epoxide hydrolase A. *Sci Rep.* 2020 Oct 6;10(1):16539.

Sellau J, Groneberg M, Fehling H, Thye T, Hoenow S, Marggraf C, Weskamm M, Hansen C, **Stanelle-Bertram S**, Kuehl S, Noll J, Wolf V, Metwally NG, **Hagen SH**, Dorn C, Wernecke J, Ittrich H, Tannich E, Jacobs T, Bruchhaus I, **Altfeld M**, Lotter H. Androgens predispose males to monocyte-mediated immunopathology by inducing the expression of leukocyte recruitment factor CXCL1. *Nat Commun.* 2020 Jul 10;11(1):3459.

Spieck E, Sass K, Keuter S, Hirschmann S, **Spohn M**, **Indenbirken D**, Kop LFM, Lückner S, Giaveno A. Defining Culture Conditions for the Hidden Nitrite-Oxidizing Bacterium *Nitrospira*. *Front Microbiol.* 2020 Jul 10;11:1522.

Vollmer B, Pražák V, Vasishtan D, Jefferys EE, Hernandez-Duran A, Vallbracht M, Klupp BG, Mettenleiter TC, Backovic M, Rey FA, Topf M, **Grünewald K**. The prefusion structure of herpes simplex virus glycoprotein B. *Sci Adv.* 2020 Sep 25;6(39):eabc1726.

von Wenserski L, Schultheiß C, Bolz S, Schliffke S, Simnica D, Willscher E, Gerull H, Wolters-Eisfeld G, Riecken K, Fehse B, **Altfeld M**, Nollau P, Binder M. SLAMF receptors negatively regulate B cell receptor signaling in chronic lymphocytic leukemia via recruitment of prohibitin-2. *Leukemia.* 2020 Aug 21.

Voß H, Wurlitzer M, Smit DJ, Ewald F, Alawi M, **Spohn M**, **Indenbirken D**, Omidi M, David K, Juhl H, Simon R, Sauter G, Fischer L, Izbicki JR, Molloy MP, Nashan B, Schlüter H, Jücker M. Differential regulation of extracellular matrix proteins in three recurrent liver metastases of a single patient with colorectal cancer. *Clin Exp Metastasis.* 2020 Oct 24.

Wolff G, Limpens RWAL, Zevenhoven-Dobbe JC, **Laugks U**, Zheng S, de Jong AWM, Koning RI, Agard DA, **Grünewald K**, Koster AJ, Snijder EJ, Bárcena M. A molecular pore spans the double membrane of the coronavirus replication organelle. *Science.* 2020 Aug 6:eabd3629.

Ziegler MC, Naidoo K, **Chapel A**, Nkotwana S, Mann J, Mncube Z, Ismael N, Goulder P, Ndung'u T, **Altfeld M**, Thobakgale CF. HIV-1 evades a gag mutation that abrogates KIR binding and disinhibits NK cells in infected individuals with KIR2DL2+/HLA-C*03:04+ genotype. *AIDS.* 2020 Oct 8.

Ziegler MC, Nelde A, Weber JK, Schreitmüller CM, **Martus G**, Huynh T, **Bunders MJ**, **Lunemann S**, Stevanovic S, Zhou R, **Altfeld M**. HIV-1-induced changes in HLA-C*03:04-presented peptide repertoires lead to reduced engagement of inhibitory NK cell receptors. *AIDS.* 2020 Oct 1;34(12):1713-1723.