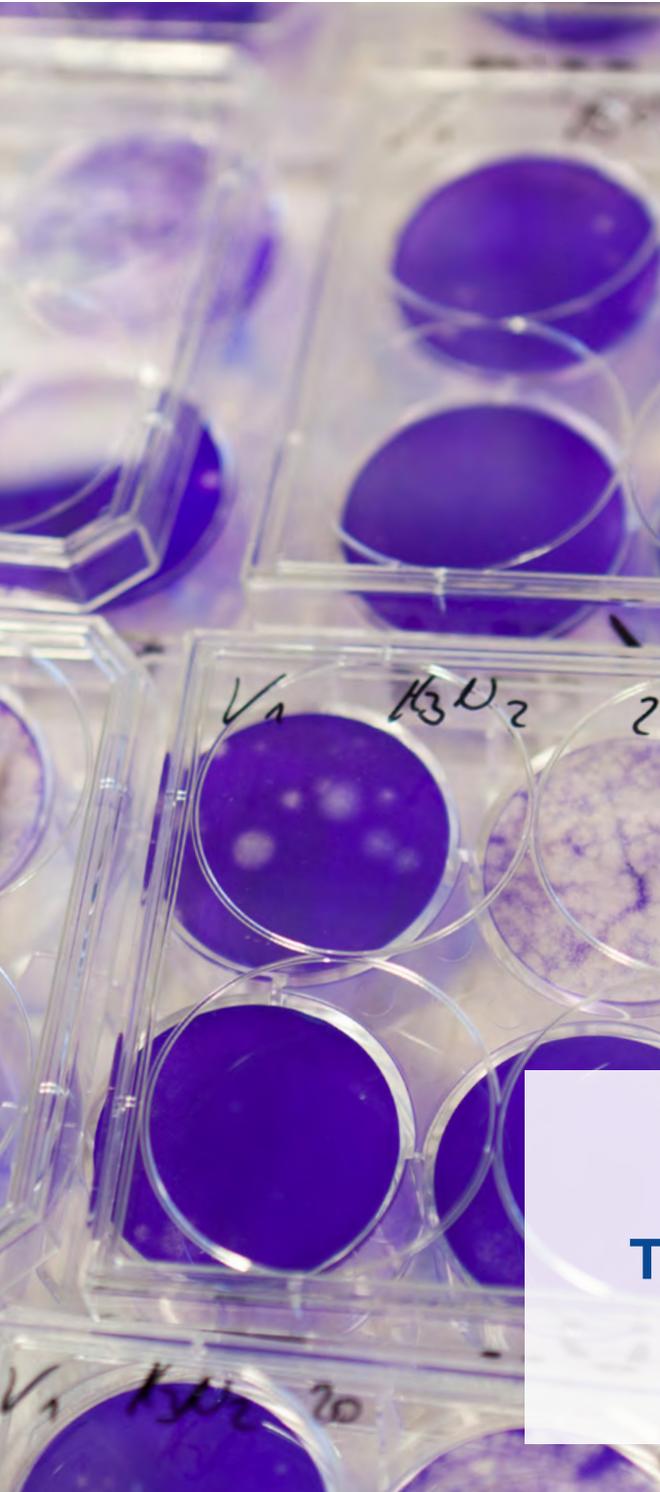


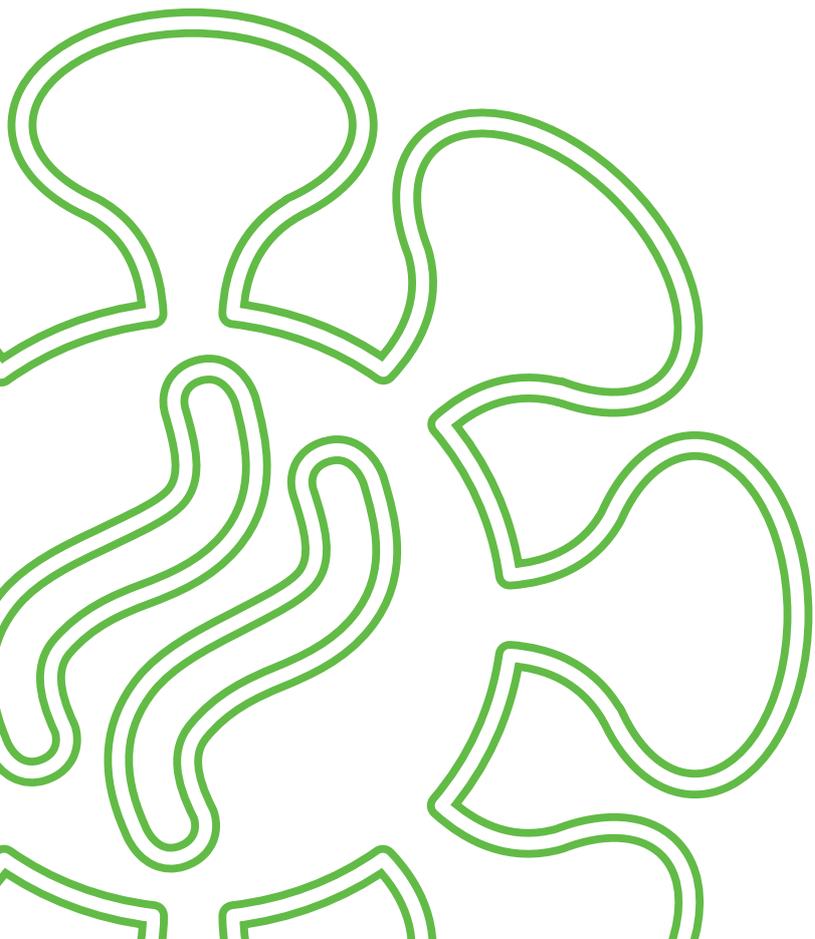


HPI



TÄTIGKEITSBERICHT 2021

Leibniz
Leibniz
Gemeinschaft



Inhaltsverzeichnis

Das HPI	4
Grußwort	5
Das HPI auf einen Blick	8
SARS-CoV-2 & das HPI	10
Zeitachse Highlights 2019-2020	14
Highlights der Forschung 2019	16
Highlights der Forschung 2020	18
Programmbereiche	20
Gruppenvorstellungen	24
Abteilungen	25
Forschungsgruppen	50
Nachwuchsgruppen	54
Assoziierte Gruppe	66
Technologieplattformen	70
Nachwuchsförderung	74
Gleichstellung	80
Verwaltung	84
Heinrich Pette & der Nationalsozialismus	90
Anhang	A
Organigramm	B
Budget 2019	C
Budget 2020	D
Publikationen	E
Danksagung	L
Impressum & Kontakt	M

Das HPI



Liebe Kolleginnen und Kollegen, sehr geehrte Freunde und Unterstützer des Leibniz-Instituts für Experimentelle Virologie (HPI),

ich freue mich, Ihnen unseren Tätigkeitsbericht für die Jahre 2019 und 2020 präsentieren zu können. Am HPI hat sich in dieser Zeitspanne viel getan:

Ereignisreiche zwei Jahre

Das Jahr 2019 war gefüllt mit einer Reihe ganz besonderer Institutereignisse: Als prominenter Gast besuchte uns nicht nur der renommierte HCV-Experte Prof. Dr. Ralf Bartenschlager für eine Ehrenvorlesung, auch der japanische Immunologe und Nobelpreisträger für Medizin Prof. Dr. Tasuku Honjo kam auf Einladung des HPI nach Hamburg.

Auf dem Hamburger Rathausplatz konnten große und kleine Besucherinnen und Besucher beim *Sommer des Wissens* Einblicke in unsere Virusforschung erhalten.

Ein schöner Erfolg war auch die Bewilligung des neuen Leibniz WissenschaftsCampus *InterACT*, in dem unter der Federführung des HPI die Rolle von Kompartimenten im Infektionsverlauf im Fokus steht.

2020 war selbstverständlich geprägt durch die Corona-Pandemie. Sehr schnell haben sich unsere Forschenden auf SARS-CoV-2 konzentriert und trotz aller Einschränkungen aufgrund von Vorsichts- und Hygienemaßnahmen neue Projekte eingeworben, die technischen Infrastrukturen ausgebaut und mit großem Einsatz ihren Beitrag zum besseren Verständnis und der Bekämpfung des Virus geleistet.

Das Jahr endete schließlich mit der Evaluierung des Instituts durch die Leibniz-Gemeinschaft im November 2020 – aufgrund der Pandemiesituation mit einem digitalen Ersatzverfahren. Wir sind sehr stolz, dass unsere Evaluierung mittlerweile äußerst positiv abgeschlossen worden ist und uns die erfolgreiche Erforschung humanpathogener Viren, eine dynamische Fortsetzung unserer Entwicklung sowie eine strategisch sinnvoll eingesetzte Neuausrichtung und Rekrutierung bescheinigt wurde.

Unsere Forschung wurde auch ausgezeichnet: So bekam im Jahr 2019 HPI-Abteilungsleiterin Prof. Gülşah Gabriel vom Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) den Preis für translationale Infektionsforschung und ihre Postdoktorandin Dr. Stephanie Stanelle-Bertram den Wissenschaftspreis *Klinische Forschung 2019* der GlaxoSmithKline Stiftung. 2020 erhielt HPI-Abteilungsleiter Prof. Dr. Marcus Altfeld einen ERC Advanced Grant, HPI-Gastwissenschaftlerin Dr. Angelique Hölzemer wurde mit dem Dr. Martini-Preis ausgezeichnet und Dr. Elena Muscolino mit dem DZIF-Doktorandenpreis der Deutschen Gesellschaft für Infektiologie e.V. Ich freue mich über so viel Anerkennung unserer Forschung und gratuliere allen noch einmal von Herzen.



Prof. Dr. Thomas Dobner
(Wissenschaftlicher Direktor des HPI)



„Das HPI erforscht humanpathogene Viren. Ziel unserer Forschung ist es, virusbedingte Erkrankungen zu verstehen und neue Therapieansätze zu entwickeln.“
Leitbild des Leibniz-Instituts für Experimentelle Virologie (HPI)

Das Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (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 (BWFGB) der Freien und Hansestadt Hamburg, finanziert. Ein nicht unerheblicher Anteil des Forschungsetats wird zudem im wettbewerblichen Verfahren eingeworben. Die Gelder stammen aus staatlichen Forschungsprogrammen, privaten Stiftungen und der Industrie.

Exzellente Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler

Mit Dr. Pietro Scaturro und Dr. Gabrielle Vieyres wurden exzellente Nachwuchsgruppenleitungen an das Institut rekrutiert: Dr. Pietro Scaturro konzentriert sich seit Mai 2020 mit seiner Nachwuchsgruppe *Systembiologie der Arboviren* auf die Molekularbiologie von Arboviren, mit einem speziellen Fokus auf Virus-Wirt-Interaktionen bei Flavivirusinfektionen. Dr. Gabrielle Vieyres erforscht seit Juni 2020 mit ihrer Nachwuchsgruppe *Zellbiologie der RNA-Viren* die Wechselwirkungen zwischen RNA-Viren und ihrer Wirtszelle.

Dass unser Institut kontinuierlich für den wissenschaftlichen Nachwuchs ein hervorragendes Sprungbrett ist, zeigt auch die Berufung von Prof. Dr. Jens B. Bosse auf eine RESIST-Professur der Medizinischen Hochschule Hannover.

Schön, dass er uns auch weiterhin mit seiner assoziierten Gruppe *Quantitative und Molekulare Virologie* verbunden bleibt. Ungemein stolz sind wir auch auf unsere Nachwuchsgruppenleiterin Dr. Charlotte Uetrecht, welche mittlerweile einen Ruf der Universität Siegen erhalten und angenommen hat.

Ganz besonders entscheidend für die zukünftige Ausrichtung des Instituts war auch die Spitzenberufung zusammen mit dem Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE) von Prof. Dr. Maya Topf, die mit ihrer HPI-Abteilung *Integrative Virologie* ein wesentlicher Bestandteil des Leibniz-WissenschaftsCampus *InterACT* sowie für den neuen HPI-Forschungsbereich *Viral Data Science* ist.



„In 2019 und 2020 konnten wir - trotz aller Corona-Maßnahmen - unsere Forschungsleistungen in den Programmbereichen weiter deutlich ausbauen. Hinzu kommt, dass in 2020 zwei neue Nachwuchsgruppen ihre Arbeiten zu aktuellen Themen in der Virusforschung am HPI aufgenommen haben. Besonders stolz bin ich auf die Tatsache, dass es uns gemeinsam mit dem UKE gelungen ist, mit Maya Topf eine herausragende Wissenschaftlerin auf die neue W3-Professur *Integrative Virologie* zu berufen. Ihre Rekrutierung ist ein Meilenstein für die Entwicklung des neuen Forschungsbereiches *Viral Data Science*, der in den kommenden Jahren am HPI etabliert werden wird.“

Prof. Dr. Thomas Dobner



Der HPI-Vorstand: Katja Linke (Administrative Direktorin), Prof. Dr. Thomas Dobner (Wissenschaftlicher Direktor) und Prof. Dr. Wolfram Brune (Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor) – Bild aus dem Jahr 2019

Mit Blick in die Zukunft

Doch nicht nur die Pandemie hat uns beschäftigt, auch ein anderes Thema hat uns seit einigen Jahren begleitet und schließlich zu neuen Überlegungen geführt: Seit dem Jahr 1964 trägt das Institut den Namen seines Gründers Prof. Dr. Heinrich Pette. Als Neurologe und Forscher auf dem Gebiet der spinalen Kinderlähmung und Multiplen Sklerose hat Heinrich Pette international eine herausragende Stellung. Sein politisches und wissenschaftliches Wirken mit Bezug zum Nationalsozialismus lag bisher allerdings teilweise im Dunkeln, weshalb wir diesen Aspekt durch zwei unabhängige Gutachten haben untersuchen lassen. Basierend auf den daraus erlangten Ergebnissen hat sich das HPI in vielen ausführlichen Diskussionen mit dem Umgang des Institutsnamens auseinandergesetzt und sich schließlich mit Blick auf eine zukunftsgerichtete und internationale Ausrichtung dazu entschlossen, den Namen ‚Heinrich Pette‘ zukünftig nicht mehr zu verwenden. Bis zur Findung eines neuen Namens präferieren wir deshalb im Mo-

ment die Bezeichnung Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (und die Kurzform HPI).

Trotz großer Herausforderungen blicken wir motiviert und voller Tatendrang in die Zukunft des Instituts. Die Pandemie hat einmal mehr gezeigt, wie relevant und unverzichtbar unsere Forschung ist. Ich bedanke mich bei allen Mitarbeitenden des HPI für ihren stetigen Einsatz und ihre Motivation. Es ist ein Privileg und eine Freude, Teil einer so wertvollen Institution zu sein.

Viel Vergnügen bei der Lektüre, die Ihnen einen kleinen Einblick in unser Institut geben soll.

Prof. Dr. Thomas Dobner

Wissenschaftlicher Direktor am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)

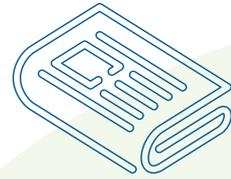


„Das HPI wird in den kommenden Jahren seine bestehenden Forschungsschwerpunkte thematisch und methodisch unter Einbindung integrativer Systemvirologie im Bereich Viral Data Science sowie die Erweiterung des vorhandenen Portfolios von neu auftretenden, zoonotischen Viren weiter stärken. Dabei bilden die Neu- und Umbaumaßnahmen der Forschungsinfrastrukturen - vor allem der BSL3-Labore-, der Ausbau des Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT und die Etablierung des neuen Forschungsfelds Viral Data Science sicherlich die größten Meilensteine der nächsten Jahre.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

Das HPI auf einen Blick

1.964



*2019: 233 / 2020: 1.731 Clippings,
(davon 1.560 zum Thema Corona)*

7·1·3·1

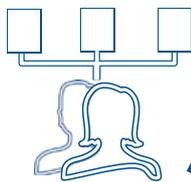


*7 Abteilungen, 1 Forschungsgruppe, 3 Nachwuchsgruppen,
1 Assoziierte Gruppe (Stand Ende 2020)*

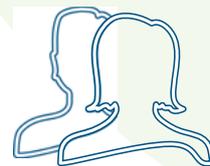
7·31



*7 Patentfamilien, 31 Patente
(Stand Ende 2020, Schutzrechtsbestand)*

 **3**

Neue Gruppen (Stand Ende 2020)



194

*Personen
Gesamtpersonal; davon 120 Frauen
(Stand Ende 2020)*

4 

Technologieplattformen



149

**Publikationen 2019: 68 / 2020: 81
(davon 8 zu SARS-CoV-2)**



39·20·56

**39 laufende Promotionsvorhaben (Ende 2020),
20 abgeschlossene Promotionen
(2019: 7 plus 1 med. Dissertation /
2020: 9 plus 3 medizinische Dissertationen, 1 Habilitation),
56 Postdoktoranden (Ende 2020)**



18

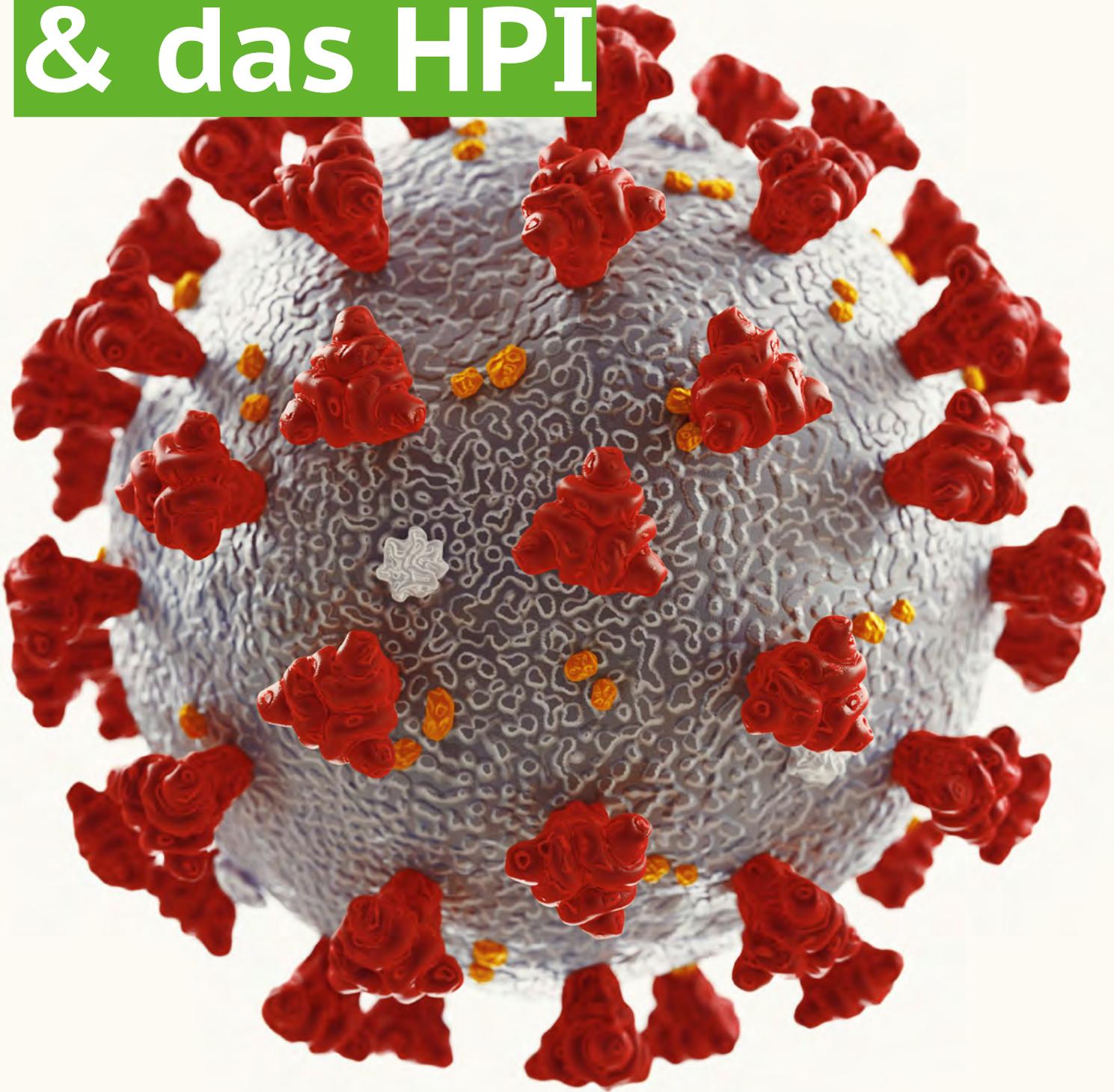
Babys (2019 & 2020)

23 

**Nationen
(mit Deutschland)**

SARS-CoV-2

& das HPI



Wie überall auf der Welt, war das Jahr 2020 auch am HPI geprägt von der SARS-CoV-2-Pandemie:

Direkt zu Beginn der Pandemie ist es dem HPI zusammen mit seinen LCI-Partnern BNITM und FZB gelungen, eine Förderung vom Bundesministerium für Gesundheit einzuwerben: Neben gemeinsamen Anstrengungen das Virus genauer zu charakterisieren und so dessen Ausbreitung und Eigenschaften besser zu verstehen, konnten damit an allen drei Instituten zueinander komplementäre Infrastrukturen ausgebaut werden. Das HPI brachte dabei insbesondere seine Expertise in der translationalen Forschung ein, um die Pathophysiologie von COVID-19 zu untersuchen. Infrastrukturen für die Diagnostik wurden ausgebaut und für die Entwicklung neuer Antiviralia und Therapiemaßnahmen gegen COVID-19 eingesetzt.

Neben der Etablierung einer durch die Hansestadt Hamburg geförderten und gemeinsam mit dem UKE betriebenen Surveillance Plattform (*HHSurv*) zur fortlaufenden Überwachung von SARS-CoV-2-Varianten in der Metropolregion Hamburg, hat das Institut die Hamburger Gesundheitsbehörden bei der Aufklärung von SARS-CoV-2-Ausbrüchen in Schulen, Kindertagesstätten, Altenheimen und Krankenhäusern unterstützt sowie zur molekularepidemiologischen Aufklärung des größten SARS-CoV-2-Ausbruches in der fleischverarbeitenden Industrie in Deutschland beigetragen (Günther et al., *EMBO Mol Med* 2020).

Daneben war das HPI im letzten Jahr an einer ganzen Reihe an Forschungserkenntnissen zur Pathophysiologie des SARS-CoV-2-Virus beteiligt:

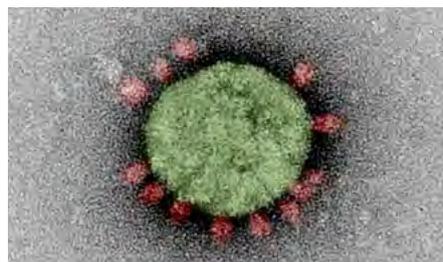
So wurde eine von SARS-CoV-2 für dessen Virusvermehrung benötigte Proteinstruktur identifiziert, die als Ausgangspunkt für die Entwicklung antiviraler Medikamente dienen kann. In einem weiteren Projekt standen zu-

dem der „Umbau“ und die Schäden durch das sich replizierende Coronavirus in der infizierten Zelle im Fokus der Forschung (beides in Zusammenarbeit mit der HPI-Abteilung *Strukturelle Zellbiologie der Viren*).

Der Replikations- und Transkriptionskomplex von Coronaviren wurde mittels eines massenspektrometrischen Ansatzes der HPI-Nachwuchsgruppe *Dynamik viraler Strukturen* näher charakterisiert. In Zusammenarbeit mit derselben Gruppe konnten zudem an der Röntgenlichtquelle PETRA III (DESY) mehrere Kandidaten für Wirkstoffe gegen das SARS-CoV-2 identifiziert werden.

Aber auch in Zukunft wird mit großem Einsatz an der Thematik weitergeforcht: Unter dem Projekttitel *PlasmaplusCorona* forscht das HPI unter der Leitung von Prof. Dr. Gülşah Gabriel (Abteilung *Virale Zoonosen – One Health*) zusammen mit dem INP in Greifswald sowie dem FZB in Borstel an einer technischen Lösung zur lokalen Behandlung des Virus-infizierten Atemtraktes.

Im Rahmen des Konsortiums *InfectControl* und ebenfalls unter der Leitung von Prof. Dr. Gülşah Gabriel ist das HPI zudem an einem im Januar 2021 gestarteten überregionalen Projekt beteiligt, das eine zielgerichtete Therapie gegen SARS-CoV-2 entwickeln will. Dabei wird das HPI zusätzlich die antiviralen Eigenschaften der neuen Wirkstoffe gegen SARS-CoV-2 in einem humanen Lungenmodell evaluieren.



„Was ich echt gut finde, ist, dass wir es wirklich hingekriegt haben, ohne einen massiven Corona-Ausbruch am Institut weiterzuarbeiten. Das hat gezeigt, dass die Hygienemaßnahmen, die wir implementiert haben und an die sich alle gehalten haben, wirklich dafür gesorgt haben, dass wir bisher relativ sicher durch die Pandemie gekommen sind.“

Prof. Dr. Marcus Altfeld

„Seit dem Ausbruch der COVID-19-Pandemie ist wohl jedem klar geworden, welche Bedeutung Viren für die Gesundheit von Mensch und Tier haben und dass wir nur mit intensiver Virusforschung diese Erreger schnell erkennen und bekämpfen können.“

Prof. Dr. Wolfram Brune

„Es hat einem schon gezeigt, wie zerbrechlich das alles ist. Was ganz positiv war, ist, dass ich viel weniger gereist bin und ich hoffe, dass es auch nach der Pandemie noch virtuelle Meetings gibt. Es hat oft keinen Sinn gemacht, für einen Tag und eine Nacht, halb um den Globus zu jetten. Auf der anderen Seite fehlt es einem schon, die Leute zu treffen.“

Prof. Dr. Marcus Altfeld

„Ich denke die Pandemie hat eindrücklich unterstrichen, dass das Berufsfeld Virusforschung hochrelevant ist. In einem solchen Feld den eigenen Forschungsinteressen nachgehen zu können, ist ohne Zweifel hochattraktiv.“

Prof. Dr. Adam Grundhoff

„Die größte Herausforderung der letzten Monate war die Corona-Pandemie, durch welche wir uns alternative Lösungen erarbeiten mussten, um beispielsweise die Vereinbarkeit von Familie und Beruf auch im Home-Office bzw. Home-Schooling sicherzustellen. Hierfür haben wir eine Kooperation mit voio geschlossen, sodass die Kinder zu Hause digital betreut werden können.“

HPI-Gleichstellungsteam

Was würden Sie Ihrem ‚vorpandemischen Ich‘ mit auf den Weg geben?



„Kauf Biontech-Aktien.“

Prof. Dr. Marcus Altfeld



„Ich verneige mich mit großer Dankbarkeit vor meinem kürzlich verstorbenen Mentor Herrn Professor Hans-Dieter Klenk*, dass er mich bereits vor 18 Jahren für die Forschung an pandemischen Viren begeistert hat.“

Prof. Dr. Gülşah Gabriel,

*Prof. Dr. Hans-Dieter Klenk (25.6.1938-1.6.2021)



„Genieße mehr alle Aspekte der Wissenschaft, insbesondere die, die den persönlichen wissenschaftlichen Austausch und lebhaftige Diskussionen mit anderen Forschenden und Kollegen beinhalten.“

Dr. Pietro Scaturro



„Nicht in jedes hingehaltene Mikrophon sprechen bzw. Antworten nur entlang der Felder eigener Expertise geben. Dem Fokus der eigenen Forschung treu bleiben und dabei trotzdem offen für kollaborative antipandemische Anstrengungen sein. Für die Gruppenmitglieder in der Pandemie ein verlässlicher Anker sein.“

Prof. Dr. Kay Grünewald



„Ein Zitat aus The Hitchhikers Guide to the Galaxy: ‘First of all: Don’t panic.’“

Prof. Dr. Jens B. Bosse



„Auch wenn noch kein pandemisches Potenzial erkennbar ist, ist Grundlagenforschung an humanpathogenen und zoonotischen Viren wesentlich für das globale Gesundheitswesen. Sie schafft Blaupausen, die rasch auf neue Viren aber auch auf bestehende Viruserkrankungen adaptiert werden können. Virusforschung ist daher stets hoch aktuell und leistet immer einen wichtigen Beitrag für das globale Gesundheitswesen.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

„Ich würde meinem ‚vorpandemischen Ich‘ sagen, dass wir für das Durchstehen der Pandemie langen Atem brauchen; wir aus den Erfahrungen, die wir in dieser Zeit gesammelt haben, aber auch profitieren können.“

Katja Linke, Administrative Direktorin

„Stimmt, Coronaviren sind (immer noch) interessant und wir wissen viel zu wenig über sie.“

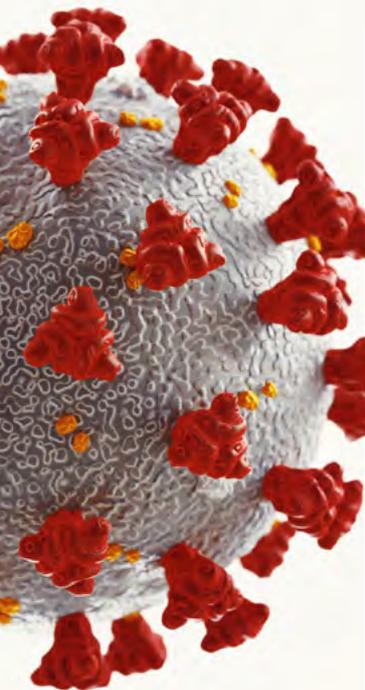
Dr. Charlotte Uetrecht

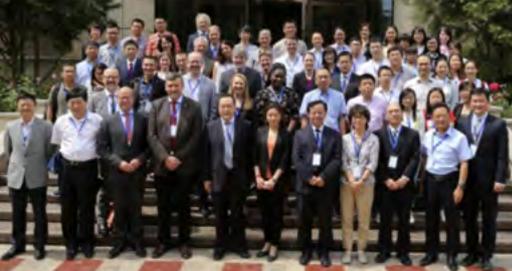
„Kauf Biontech-Aktien!!!“

Prof. Dr. Adam Grundhoff

„Unterschätze nicht, wie schnell und aggressiv sich dieses Virus über die Welt verbreitet, und wundere dich nicht, wie schnell es gelingen kann, hochwirksame Impfstoffe auf den Markt zu bringen.“

Prof. Dr. Wolfram Brune





Highlights

2019

24.-25.1. LCI Symposium *Sex Differences in Infection & Immunity*

7.3. HPI-Ehrentag (Doktorandenpreis Dr. Johannes Heidemann, Postdoktorandenpreis Dr. Sebastian Lunemann, Mobilitätsstipendien: Henning Jacobsen & Enrico Caragliano)

28.3. HPI Girls' und Boys' Day

26.3. Senat der Leibniz-Gemeinschaft bewilligt Leibniz WissenschaftsCampus *InterAct*

1.-2.4. HIV Experten-Workshop am HPI

6.5. *InterAct*-Auftrittreffen am HPI

20.-23.6. *Sommer des Wissens* auf dem Hamburger Rathausmarkt

4.7. HPI-Nachwuchswissenschaftlerin Dr. Stephanie Stanelle-Bertram von der GlaxoSmithKline Stiftung mit dem Wissenschaftspreis *Klinische Forschung 2019* ausgezeichnet

4.7. Aktueller Medizin-Nobelpreisträger Prof. Dr. Tasuku Honjo kommt auf Einladung des HPI nach Hamburg

5.9. HPI Career Day 2019

12.9. HCV-Experte Prof. Dr. Ralf Bartenschlager hält HPI-Ehrenvortrag

19.9. HPI Joint Scientific Retreat im Gastwerk Hotel Hamburg-Bahrenfeld

26.-27.9. HPI-Strategie-Retreat auf dem Ellernhof im Ort Dahlenburg

14.11. Profilkurs des Corvey-Gymnasiums besucht das HPI

21.11. Prof. Dr. Gülşah Gabriel vom Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) mit Preis für translationale Infektionsforschung ausgezeichnet

2020

Highlights

- 23.-24.1. LCI-Symposium *Future Strategies to Overcome Antimicrobial Resistance*
- 30.1. Landesforschungsförderung 2020 - HPI als Verbundpartner an sieben von 22 an Hamburgs Universitäten und Forschungseinrichtungen geförderten Projekten beteiligt
- 12.2. Dr. Angelique Hölzemer, HPI-Gastwissenschaftlerin in der Abteilung *Virus Immunologie*, mit Dr. Martini-Preis ausgezeichnet
- 19.2. Erstes wissenschaftliches Symposium des Leibniz WissenschaftsCampus *InterACT*
- 24.3. HPI vergibt HPI-Doktorandenpreis (Dr. Annika Niehrs), HPI-Postdoktoranden-Preis (Dr. Glória Martrus Zapater) & Mobilty Grants (Sigurður Rafn Þorkelsson, Tian Bai)
- 1.4. HPI-Abteilungsleiter Prof. Dr. Marcus Altfeld erhält ERC Advanced Grant
- 21.4. Bundesministerium für Gesundheit fördert das Leibniz Center Infection bei der Erforschung von COVID-19
- 30.4. Dr. Jens B. Bosse erhält RESIST-Professur
- 1.5. Neue Nachwuchsgruppe *Systembiologie der Arboviren* unter Leitung von Dr. Pietro Scaturro
- 29.5. IJMS Best Student Paper Award 2019 geht an HPI-Alumni Dr. Johannes Heidemann
- 1.6. Neue Nachwuchsgruppe *Zellbiologie der RNA-Viren* unter Leitung von Dr. Gabrielle Vieyres
- 16.6. Dr. Elena Muscolino erhält DZIF-Doktorandenpreis der DGI 2020
- 14.9. Beginn einer DFG-geförderten HPI Afrika Kooperation
- 1.10. Spitzenberufung mit dem UKE: Neue Abteilung *Integrative Virologie* unter Leitung von Prof. Dr. Maya Topf
- 30.11. HPI/CSSB-Abteilungsleiterin Prof. Dr. Maya Topf ist Organisatorin des *14. Community Wide Experiment on the Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction (CASP14)*



Highlights der Forschung 2019

Direkte Interaktion zwischen NK-Zellrezeptor und einer Reihe von HLA-Molekülen der Klasse II identifiziert

Bisher unbekannte Interaktion legt Rolle von HLA-Molekülen der Klasse II als Regulatoren der angeborenen Immunantwort nahe

Unter der Leitung von Prof. Dr. Marcus Altfeld hat ein Wissenschaftsteam aus der HPI-Abteilung Virus Immunologie die Bindung von NK-Zellrezeptoren an HLA-Moleküle der Klasse II untersucht. Die Ergebnisse sind im Juli 2019 im renommierten Journal *Nature Immunology* erschienen.

Natürliche Killerzellen (NK-Zellen) können virusinfizierte und gestresste Zellen mithilfe von aktivierenden und hemmenden Rezeptoren erkennen. Viele dieser Rezeptoren interagieren mit humanen Leukozyten-Antigenen (HLA) der Klasse I auf der Zelloberfläche. Obwohl frühe Studien auch auf einen funktionellen Einfluss von HLA-Molekülen der Klasse II auf die NK-Zellaktivität hingewiesen haben, konnten bisher keine NK-Zellrezeptoren identifiziert werden, die HLA-Moleküle der Klasse II spezifisch erkennen.

Forscherinnen und Forscher der HPI-Abteilung *Virus Immunologie* unter der Leitung von Prof. Dr. Marcus Altfeld sind dem genauer nachgegangen: Sie untersuchten, ob zwei große Familien von NK-Zellrezeptoren (Killerzell-Immunglobulin-ähnliche Rezeptoren und natürliche Zytotoxizitätsrezeptoren), Rezeptoren enthalten, die an HLAs der Klasse II binden.

Die 2019 in der renommierten Fachzeitschrift *Nature Immunology* erschienenen Ergebnisse weisen eine direkte Interaktion zwischen dem aktivierenden NK-Zellrezeptor NKp44 und einer Reihe von HLA-Molekülen der Klasse II nach. Darunter befindet sich auch das HLA-Molekül HLA-DP401, eines der am häufigsten bei weißen Europäern vorkommenden HLA-DP-Moleküle.

„Unsere Ergebnisse zeigen eine bisher unbekannte Interaktion zwischen einer Reihe von HLA-DP-Molekülen und dem

NK-Zellrezeptor NKp44. Das deutet auch auf einen Einfluss von HLA-Molekülen der Klasse II auf die Regulation der angeborenen Immunität hin“, erklärt Dr. Annika Niehrs, Erstautorin der Veröffentlichung und Postdoktorandin am HPI.

„Diese neu identifizierte Interaktion ermöglicht nun im weiteren Vorgehen die funktionelle Beurteilung der Folgen dieser Wechselwirkungen auf Krankheitsergebnisse, die mit HLA-DP-Genotypen und deren Expressionsstärke in Zusammenhang stehen. Dazu gehören zum Beispiel Infektionen mit dem Hepatitis-B-Virus und entzündliche Darmkrankungen“, ergänzt Prof. Dr. Marcus Altfeld.

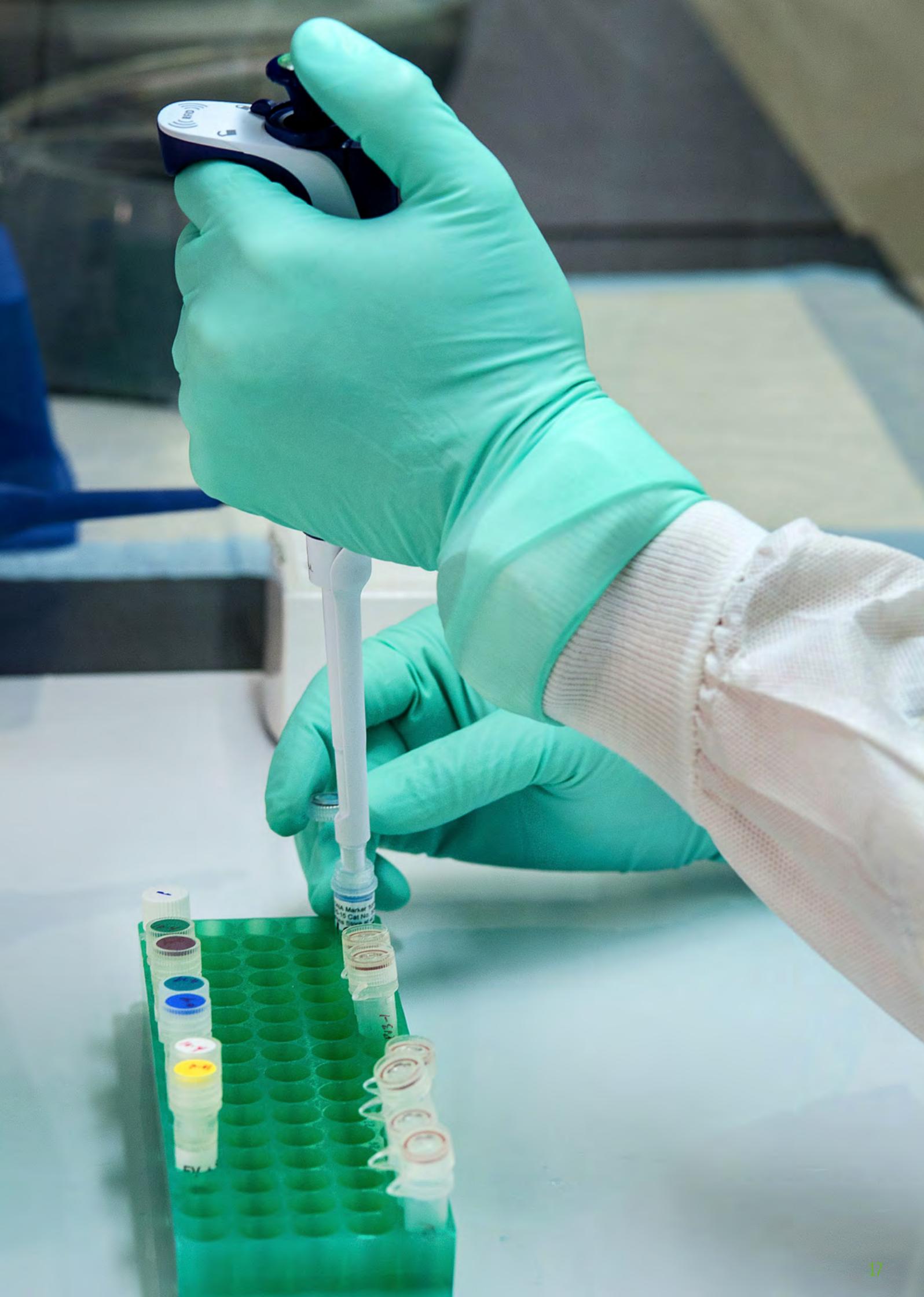
Diese vom HPI geleitete Studie wurde im Rahmen eines Projektes des DZIF (TTU 04.810) durchgeführt und durch den Federal Funds der Frederick National Laboratory for Cancer Research unterstützt.

Die Ergebnisse wurden in der Fachzeitschrift *Nature Immunology* veröffentlicht.



Publikation

Niehrs A, Garcia-Beltran WF, Norman PJ, Watson GM, Hölzemer A, Chapel A, Richert L, Pommerening-Röser A, Körner C, Ozawa M, Martus G, Rossjohn J, Lee JH, Berry R, Carrington M, Altfeld M. A subset of HLA-DP molecules serve as ligands for the natural cytotoxicity receptor NKp44. *Nat Immunol.* 2019 Sep;20(9):1129-1137.



Highlights der Forschung 2020

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

Studie zur Rückverfolgung der SARS-CoV-2-Cluster in Deutschlands größtem Fleischverarbeitungskomplex

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 im Oktober 2020 in dem renommierten Journal *EMBO Molecular Medicine* erschienen.

Die Ergebnisse rekonstruieren die initialen Übertragungseignisse 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 hauptsächlichste 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. Dr. Adam Grundhoff, Mitautor der Studie und Forschungsgruppenleiter am HPI.

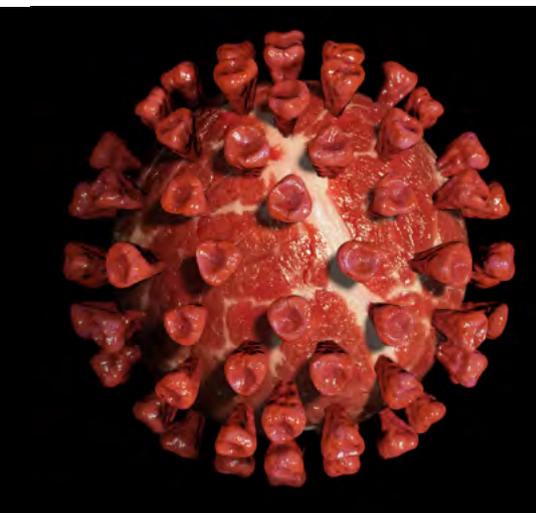
„Unsere Studie beleuchtet SARS-CoV-2-Infektionen in einem Arbeitsbereich, in dem verschiedene Faktoren aufeinandertreffen, die eine Übertragung über relativ weite Distanzen ermöglichen. Es stellt sich nun die wichtige Frage, unter welchen Bedingungen Übertragungseignisse über größere Entfernungen in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

Die Ergebnisse wurden in der Fachzeitschrift *EMBO Molecular Medicine* veröffentlicht.



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.



Immunantwort bei Influenza-Infektionen: „Immunsensor“ identifiziert

Importin- α 3 ist Schlüsselfaktor bei der Immunabwehr von Influenza-Infektionen

Unter Leitung von Prof. Dr. Gülşah Gabriel hat ein Wissenschaftsteam der HPI-Abteilung Virale Zoonosen - One Health Importin- α 3 als ein „immune sensing protein“ der Lunge identifiziert, das die Induktion einer Reihe von antiviralen Genexpressionen kontrolliert. Hochpathogene aviäre Influenzaviren dagegen inhibieren, durch die massive Ausschüttung von inflammatorischen Cytokinen, die Transkription des Importin- α 3 Gens in der Lunge. Diese Eigenschaft korreliert mit einer Pneumonie und einem schweren Infektionsverlauf. Die Studie ist im April 2020 im renommierten Journal *Cell Reports* erschienen.

Importin- α -Proteine gehören zu den wichtigsten Kerntransportfaktoren der Zelle, sind evolutionär hoch konserviert und haben die Aufgabe, Frachtproteine vom Zytoplasma zum Kern zu befördern. Störungen in diesen hochempfindlichen Regulationsprozessen können zu einem Ungleichgewicht von zellulären und nuklearen Proteinen führen und schließlich Krankheiten verursachen. Über die Expressionsprofile von Importin- α -Isoformen in den einzelnen Organen ist bisher jedoch nur wenig bekannt gewesen. Forschende der HPI-Abteilung *Virale Zoonosen - One Health*, unter der Leitung von Prof. Dr. Gülşah Gabriel, sind dem genauer nachgegangen: Mit Hilfe von primären humanen Lungenmodellen, genomweiten Transkriptionsanalysen und transgenen Mausmodellen untersuchten sie das anatomische Expressionsprofil der Importin- α -Isoformen in der Lunge von Säugetieren und dem Menschen sowie den Einfluss auf die durch das Influenzavirus ausgelöste Lungenentzündung.

Die im Jahr 2020 veröffentlichte Publikation gibt wichtige neue Einblicke in die dynamische Rolle des Proteins Importin- α 3 als „Immunsensor“ von Virusinfektionen in der Lunge: So wird gezeigt, dass Importin- α 3 die am häufigsten vorkommende Importin- α -Isoform in den Atemwegen von Säugetieren, inklusive denen des Menschen, ist. Importin- α 3 ist einer der wichtigsten Transporteure des Transkriptionsfaktors NF- κ B in den Zellkern, welcher für die Expression einer Vielzahl

von antiviralen Genen verantwortlich ist. Allerdings können hochpathogene aviäre Influenzaviren durch die Induktion eines Cytokinsturms die NF- κ B vermittelte Transkription des Importin- α 3 Gens inhibieren. Dadurch kommt es zu einem „bottleneck“ in der Verfügbarkeit des Importin- α 3 in der Lunge. Als Folge können wichtige antivirale NF- κ B vermittelte Genexpressionen nicht induziert werden und es kommt zu einer schweren Lungenentzündung im Tiermodell. Diese Daten werfen neues Licht auf die Pathomechanismen der oft tödlich verlaufenden aviären Influenza beim Menschen.

„Diese Ergebnisse könnten eine wichtige Basis für die Entwicklung neuer antiviraler Strategien gegen respiratorische Infektionen darstellen“, erklärt Prof. Dr. Gülşah Gabriel.

Die Ergebnisse wurden in der Fachzeitschrift *Cell Reports* veröffentlicht.



Publikation

Thiele S, Stanelle-Bertram S, Beck S, Kouassi NM, Zickler M, Müller M, Tuku B, Resa-Infante P, van Riel D, Alawi M, Günther T, Rother F, Hügel S, Reimering S, McHardy A, Grundhoff A, Brune W, Osterhaus A, Bader M, Hartmann E, Gabriel G. Cellular Importin- α 3 Expression Dynamics in the Lung Regulate Antiviral Response Pathways against Influenza A Virus Infection. *Cell Rep.* 2020 Apr 21;31(3):107549.

Programm- bereiche



Zwei Programmbereiche für eine angewandte Grundlagenforschung



„Die Verbindung der Programmbereiche mit übergeordneten Schwerpunktthemen schafft einen deutlichen Mehrwert für das Forschungsprofil des HPI, da die herausgehobene Expertise der HPI-Forschungseinheiten in gemeinsame, übergeordnete Fragestellungen gebündelt, die Programmbereiche stärker vernetzt und interne Kooperationen gefördert werden.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

Das Forschungsprofil des HPI wird durch die beiden aufeinander abgestimmten Programmbereiche (PB) *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* (PB1) und *Innovative Therapieansätze* (PB2) geprägt. Die zwei Bereiche stehen für den angewandten Aspekt der virologischen Grundlagenforschung am HPI. Multidisziplinär und mit Hilfe modernster Technologien und (Kleintier-)Infektionsmodelle sollen in den Programmbereichen grundlegende Virusspezies-übergreifende Mechanismen der Viruspathogenese identifiziert, in Therapieansätze überführt und in präklinischen Studien getestet werden.

Die Forschungsarbeiten im Programmbereich *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* (Leitung: Prof. Dr. Wolfram Brune) sind der experimentell-virologischen Grundlagenforschung gewidmet: Die bei der Virusvermehrung auftretenden Zell- und Organschädigungen äußern sich in Form von Krankheitssymptomen. Die zugrunde liegenden Mechanismen werden in diesem Programmbereich untersucht.

Im Programmbereich *Innovative Therapieansätze* (Leitung: Prof. Dr. Marcus Altfeld) steht die translativische Forschung im Mittelpunkt. Ziel ist es, neue Ansatzpunkte für die Entwicklung antiviraler Wirkstoffe und die Tumorthherapie zu identifizieren. Dabei wird die *in vitro* und *in vivo* Evaluierung neuer antiviraler Therapiekonzepte durch die Technologieplattformen Hochdurchsatz-Sequenzierung und Kleintiermodelle unterstützt.

Einen weiteren Baustein im Forschungsprofil des HPI stellen die vier übergeordneten Schwerpunktthemen (Over-

arching) *Determinanten des Wirtsspektrums, Immunkontrolle von Viren, Virale Latenz & Persistenz* sowie *Struktur und Dynamik viraler Morphogenese* dar.

Das Konzept der Schwerpunktthemen sieht vor, die breite virologische Expertise der HPI-Forschungseinheiten in gemeinsamen Fragestellungen zu bündeln und grundlegende, allgemeingültige Mechanismen der Virusvermehrung, Pathogenese und zellulären Virusabwehr Labor- und Virusspezies übergreifend zu erforschen.

Determinanten des Wirtsspektrums (Sprecherin & Sprecher: Prof. Dr. Gülşah Gabriel, Prof. Dr. Wolfram Brune)

Das erste übergeordnete Schwerpunktthema *Determinanten des Wirtsspektrums* fokussiert sich auf die gemeinsame Identifizierung und Charakterisierung von Determinanten des Wirtsspektrums verschiedener humanpathogener Viren (Influenzaviren, SARS- und MERS-Coronaviren, Arboviren, Hepatitis-C-Viren (HCV) und Cytomegaloviren (CMV), Zikaviren). Ziel ist es, ein besseres Verständnis zellulärer Restriktionsmechanismen und viraler Antagonisten während akuter und chronischer Infektionen in permissiven und nicht-permissiven Wirtszellen zu generieren. Hierbei werden die verschiedenen Stufen des Infektionszyklus von der Rezeptorerkennung bis zur Virusfreisetzung sowie die ausgelöste Immunantwort untersucht. Der Einsatz verschiedener Viren ermöglicht es, gemeinsame und differenzielle Mechanismen zu identifizieren, die das virale Wirtsspektrum definieren. Des Weiteren wird untersucht, welche Gegenmaßnahmen Vi-



„Die übergeordneten Schwerpunktthemen dienen zugleich als strategisches Steuerungsinstrument für zukünftige Entscheidungsprozesse, die von wesentlicher Bedeutung für das Forschungsprofil und die Leistungsfähigkeit des HPI sind. Sie repräsentieren darüber hinaus dynamische Handlungsstränge, die an neue Herausforderungen und Fragestellungen in der deutschen Gesundheits- und Infektionsforschung angepasst werden können. Hierdurch erreicht das HPI ein hohes Maß an Flexibilität, ohne dabei die Kontinuität seines Forschungsprofils zu vernachlässigen.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

ren unterschiedlicher Spezies im Verlauf der Evolution entwickelt haben, um intrazelluläre Wirtsbarrieren zu durchbrechen und sich somit an neue Wirte anzupassen. Mittels der am HPI vorhandenen Expertisen sowie der zur Verfügung stehenden Infrastruktur werden die grundlegenden Mechanismen und Faktoren hinsichtlich ihres Einflusses auf die Pathogenese in Infektionsmodellen in der Technologieplattform Kleintiermodelle detailliert untersucht.

Immunkontrolle von Viren

(Sprecher: Prof. Dr. Marcus Altfeld, Prof. Dr. Thomas Dobner)

Das Ziel des zweiten übergeordneten Schwerpunktthemas *Immunkontrolle von Viren* ist die Entwicklung immuntherapeutischer Ansätze, welche antivirale Immunantworten verstärken oder neu induzieren. Die gemeinsamen Forschungsarbeiten im Schwerpunktthema konzentrieren sich auf Untersuchungen zellulärer Faktoren der intrinsischen, angeborenen und adaptiven Immunität und nutzen verschiedene *in vitro*-Modellsysteme, einschließlich neu etablierter Organoidsysteme, sowie die am HPI entwickelten humanisierten Mausmodelle.

Zudem werden Proben von Patientenkohorten genutzt, um virusspezifische und Impfstoff-induzierte Immunantworten zu untersuchen. Die translationalen Studien innerhalb dieses Schwerpunktthemas erforschen verschiedene akute und persistierende virale Infektionen (humanes Adenovirus (HAdV), CMV, Humanes Immundefizienz-Virus-1 (HIV-1), BK-Virus (BKV), Influenza-Virus, HBV und SARS-CoV-2) mit dem Ziel, die Relevanz der Erkenntnisse aus den *in vitro*- und Tierversuchen in klinischen Studien zu validieren und langfristige Voraussetzungen zu schaffen, um an-

tivirale Therapiekonzepte in prä- und auch klinischen Studien am Standort zu testen.

Virale Latenz & Persistenz

(Sprecher: Prof. Dr. Joachim Hauber, Prof. Dr. Adam Grundhoff)

Das dritte übergeordnete Schwerpunktthema *Virale Latenz und Persistenz* widmet sich der Erforschung latent oder chronisch persistierender Viren (z.B. HIV-1, Herpes-Simplex-Viren (HSV), Kaposi-Sarkom-assoziiertes Herpesvirus (KSHV), Epstein-Barr-Virus (EBV), CMV, Merkelzell-Polyomavirus (MCPyV), BKV, oder HAdV). Bei der Bekämpfung dieser Infektionen stellt die Bildung viraler Persistenz- oder Latenzreservoirs eine besondere Herausforderung dar. Ziel ist es, mit Hilfe geeigneter Modellsysteme diejenigen molekularen Faktoren und Mechanismen zu identifizieren, welche für die Etablierung und Kontrolle latenter oder chronischer Infektionen verantwortlich sind, Pathogenitätsmechanismen solcher Infektionen zu untersuchen und neue Verfahren zur Eradikation viraler Reservoirs zu entwickeln. Neben virusspezifischen Faktoren werden im Rahmen des Schwerpunktthemas insbesondere prinzipiell bedeutsame Mechanismen der viralen Latenz und Persistenz untersucht, etwa in Hinblick auf die epigenetische Regulation viralen und zellulären Chromatins. Mit diesen Themen knüpft der Schwerpunkt sowohl in Bezug auf Mechanismen der Immunevasion während der Langzeitpersistenz, als auch hinsichtlich der viral induzierten Pathogenese im immundefizienten Wirt an das Forschungsprogramm des Schwerpunktthemas *Immunkontrolle von Viren* an.



Struktur und Dynamik viraler Morphogenese
(Sprecher & Sprecherin: Prof. Dr. Kay Grünewald, Dr. Charlotte Uetrecht)

Das vierte Schwerpunktthema *Struktur und Dynamik viraler Morphogenese* beschäftigt sich mit den strukturellen Veränderungen der Assemblierung und Disassemblierung viraler Partikel im zeitlichen Verlauf (Morphogenese). Der Fokus liegt dabei auf quantitativen Ansätzen und der Integration von Daten über einen weiten Bereich von räumlicher und zeitlicher Auflösung. Anhand verschiedener Virusmodelle (u.a. HAdV, HCV, sowie verschiedene Corona-, Herpes-, Noro- und Retroviren) sollen Spezifika der Wirtsinteraktion charakterisiert und spezieübergreifende Prinzipien abgeleitet werden. Darüber hinaus sollen die am HPI vorhandenen Expertisen und Infrastrukturen im Bereich eines breiten Spektrums mikroskopischer als auch massenspektrometrischer Methoden genutzt und weiter ausgebaut werden, beispielsweise im Bereich korrelativer Bildgebung oder bei der Nutzung neuartiger Strahlungsquellen (European XFEL). Dynamische Membranmodulationen, spezifische Lipidumgebungen von Membranproteinen oder der Einfluss von Glykosylierungsmustern sind weitere Entwicklungsfelder dieses Schwerpunktthemas. Eine besondere Stärke liegt dabei in der Kombination und Integration der komplementären Daten aus verschiedenen Techniken, wie etwa der Elektronenmikroskopie und Massenspektrometrie oder molekularem Modeling, die ein tieferes Verständnis der Zusammenhänge ermöglichen.



Programmbereich-Sprecher:

Prof. Dr. Wolfram Brune (PB 1 Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese)

Prof. Dr. Marcus Altfeld (PB 2 Innovative Therapieansätze)

Sprecherinnen und Sprecher der Schwerpunktthemen:

Determinanten des Wirtsspektrums

*Prof. Dr. Gülşah Gabriel/
Prof. Dr. Wolfram Brune*

Immunkontrolle von Viren

*Prof. Dr. Marcus Altfeld/
Prof. Dr. Thomas Dobner*

Virale Latenz & Persistenz

*Prof. Dr. Joachim Hauber/
Prof. Dr. Adam Grundhoff*

Struktur und Dynamik viraler Morphogenese

*Prof. Dr. Kay Grünewald/
Dr. Charlotte Uetrecht*



Gruppen- vorstellungen

Zwei Fragen an ... die HPI-Abteilungsleitungen

Am HPI gibt es insgesamt sieben Abteilungen. Sie werden von C4- oder W3-Professoren geleitet, die in gemeinsamen Berufungsverfahren mit der Medizinischen Fakultät (UKE) bzw. der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften (MIN-Fakultät) der Universität Hamburg oder der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo) berufen wurden.

Prof. Dr. Joachim Hauber leitet die Abteilung *Antivirale Strategien*, die basierend auf Ergebnissen der Grundlagenforschung neuartige Therapieverfahren zur Behandlung von Infektionen mit persistierenden Viren entwickelt, besonders mit dem AIDS-Erreger HIV. Neu hinzugekommen ist die Abteilung *Integrative Virologie* unter der Leitung von Prof. Dr. Maya Topf, welche einen integrierten systembiologischen Ansatz anwendet, um ein besseres Verständnis der im Laufe des viralen Infektionszyklus gebildeten makromolekularen Komplexe zu erhalten. Die Abteilung *Strukturelle Zellbiologie der Viren* unter Leitung von Prof. Dr. Kay Grünewald stellt die dynamischen Interaktionen von Viren mit ihren Wirtszellen in den Fokus ihrer Untersuchungen. Die Abteilung *Virale Transformation* wird von Prof. Dr. Thomas Dobner geleitet und befasst sich mit der Pathogenese von humanen Adenoviren. Prof. Dr. Gülşah Gabriel leitet die Abteilung *Virale Zoonosen – One Health*, welche die molekularen Mechanismen beim Übergang von Influenzaviren vom Tier auf den Menschen untersucht. Die Abteilung *Virus Immunologie* unter der Leitung von Prof. Marcus Altfeld konzentriert sich auf die Charakterisierung von Immunantworten auf humanpathogene Viren. Die Wechselwirkungen zwischen Herpesviren mit ihren Wirtszellen werden in der Abteilung *Virus-Wirt-Interaktion* von Prof. Dr. Wolfram Brune untersucht.

Auf welchen Erfolg Ihrer Abteilung in den letzten beiden Jahren sind Sie besonders stolz?

Thomas Dobner: Auf die Erfolge im Rahmen zweier gemeinsam betreuter Promotionsarbeiten mit Kay Grünewald und Marcus Altfeld sowie Madeleine Altfeld-Bunders. Dabei ist es dem Doktoranden Søren Pfitzner in ganz kurzer Zeit gelungen, ein neues Replikationskompartiment im Zellkern Adenovirus-infizierter Zellen zu identifizieren und unser Doktorand Johannes Jung hat erstmalig ein 3D-Organoid-Zellsystem für immunologische Fragestellungen zur protektiven Rolle von KIR3DS1+ NK-Zellen in Adenovirus-infizierten Zellen erfolgreich verwendet. Beide Arbeiten konnten in den hochrangigen Journalen *PLoS Pathogens* und *Science Immunology* publiziert werden.

Wolfram Brune: Mich freut ganz besonders, dass zwei Mitarbeiterinnen meiner Abteilung, Jiajia Tang und Elena Muscolino, ihre hervorragenden Ergebnisse in angesehenen Zeitschriften publizieren konnten und dafür jeweils einen Forschungspreis erhalten haben.

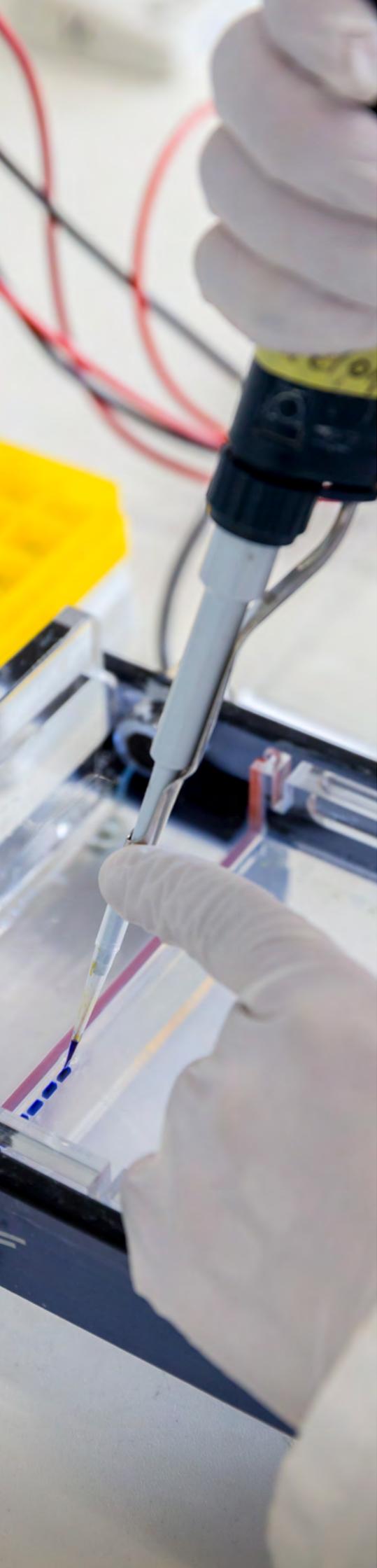
Marcus Altfeld: Mich macht es stolz, dass wir es geschafft haben, den Forschungsverbund zu geschlechtsspezifischen Unterschieden in der Immunologie hier in Hamburg zu etablieren – dass wir dafür die Landesforschungsförderung erhalten haben, ein Symposium innerhalb des LCI dazu organisiert hatten und jetzt schließlich eine DFG Forschungsgruppe (RU 5068) zwischen dem HPI, UKE und dem BNITM zu dem Thema haben.

Persönlich stolz bin ich auch auf meinen ERC Advanced Grant.

„Besonders gerne zurück denke ich an die hervorragende und fortwährend konstruktive Zusammenarbeit mit den Kolleginnen im Vorstandsreferat Dorothea Pieper und Frauke Adamla beim gemeinsamen Erstellen der extrem umfangreichen Unterlagen für die Evaluierung des HPI sowie ihre perfekte Organisation der Online-Evaluierung, die am 19. November 2020 stattgefunden hat.“
Prof. Dr. Thomas Dobner

„Viren reprogrammieren Zellen in ihrem Sinne. Die dem zu Grunde liegenden Prozesse sind vielfach noch unverstanden und ihre Erforschung erlaubt faszinierende neue Einblicke in die Organisation grundlegender zellulärer Prozesse und deren Manipulation durch Viren.“
Prof. Dr. Kay Grünewald

„Highlights der letzten zwei Jahre waren die erfolgreiche Einwerbung des Leibniz WissenschaftsCampus InterACT und die Diskussionen zur zukünftigen Erweiterung der Forschung am HPI um das neue Forschungsfeld ‚Viral Data Science‘ sowie die erfolgreiche Rekrutierung von Maya Topf.“
Prof. Dr. Kay Grünewald



Gülşah Gabriel: Besonders stolz bin ich auf die Entwicklung eines neuen Tiermodells zur Untersuchung der Konsequenzen einer Influenza A-Virusinfektion in der Schwangerschaft auf die Gesundheit der Nachkommen. Wir konnten zeigen, dass eine moderate mütterliche Influenza das Immunsystem der Nachkommen so verändert, dass diese im späteren Leben infektfälliger werden. Das Risiko für die spätere Infektanfälligkeit der Nachkommen ist besonders hoch, wenn die Influenza-Infektion in der frühen Schwangerschaft passiert. Also zu einem Zeitpunkt, wo es keine Impfeempfehlung gegen Influenza von der STIKO gibt. Diese Befunde haben wir in *Nature Communications* publiziert.

Kay Grünewald: Stolz macht mich unsere erstmalige Beschreibung der Struktur der Präfusions-Konformation des Glykoproteins B des Herpes simplex Virus 1 und damit die Schaffung einer Grundlage für neue antiherpesvirale Strategien und Interventionen.

Die SARS-CoV-2-Pandemie hatte im letzten Jahr einen großen Einfluss auf die Forschung am HPI. Welche Entwicklungen am Institut waren dabei aus Ihrer Sicht besonders nennenswert?

Kay Grünewald: Mir fallen da spontan zuerst die Beiträge der Gruppen von Adam Grundhoff bei der Virus-Sequenzierung, von Charlotte Uetrecht zum SARS-CoV-2 Proteom sowie von Gülşah Gabriel zu den Grundlagen der Geschlechterunterschiede beim SARS-CoV-2-Infektionsverlauf ein, aber natürlich auch unsere eigenen Beiträge zur Aufklärung der Struktur eines *missing links* im Replikationsprozess von Coronaviren in Form von molekularen Porenstrukturen in SARS-CoV-2-induzierten Doppelmembran-Vesikeln in infizierten Zellen.

Thomas Dobner: Die Arbeiten am HPI zu SARS-CoV-2 wurden bereits sehr früh

in der Pandemie durch eine Sonderfinanzierung unserer Zuwendungsgeber und später auch durch die Sozialbehörde der FHH unterstützt, so dass Infrastrukturen für die Diagnostik, die Entwicklung neuer Antiviralia und Therapiemaßnahmen gegen COVID-19 massiv ausgebaut werden konnten. Dadurch konnte das HPI im Rahmen der Surveillance Plattform *HHSurv*, in Kooperation mit dem UKE, rasch ein Frühwarnsystem etablieren, das die Verbreitung von SARS-CoV-2-Varianten in der Metropolregion erfasst. Außerdem konnten die am HPI etablierten Kleintiermodelle für Untersuchungen zur Pathophysiologie von SARS-CoV-2 erweitert und auch Forschungsgruppen-übergreifende Arbeiten zur Biologie des Coronavirus z.B. mit Hilfe von 3D-Organoiden durchgeführt werden.

Wolfram Brune: Ich finde es bemerkenswert, dass zahlreiche Arbeitsgruppen am Institut ihre spezifische Expertise für die Coronavirus-Forschung einbringen konnten.

Gülşah Gabriel: Wir haben *lessons learned* aus der Influenzaforschung direkt auf die Erforschung des SARS-CoV-2 translatiert und konnten in kürzester Zeit ein Tiermodell etablieren, welches die Klinik abbildet. Im Verbund mit mehreren Leibniz-Instituten (FZB, INP, DWI, HKI) haben wir uns der Erforschung neuer antiviraler Therapien gewidmet. Dadurch entstanden zwei Leibniz-Verbünde, welche durch das BMBF gefördert werden.

Marcus Altfeld: Was sehr geholfen hat, war gleich ganz am Anfang die gemeinsame Einwerbung von Forschungsmitteln über das BMG. Damit waren wir als HPI-Gruppen wirklich in die SARS-CoV-2-Forschung involviert und konnten dann darauf aufbauend eigene Anträge schreiben. Das war wichtig, weil man so sehen konnte, dass wir viel komplementäres Wissen am HPI haben, welches man zusammenbringen konnte: Von S3-Tiermodellen bis hin zur Bildung, Immunologie und Organoiden ...



„Die Einrichtung einer neuen Arbeitsgruppe ist immer ein besonderes Ereignis. In den letzten zwei Jahren konnte das HPI zwei neue Nachwuchsgruppen und eine Abteilung besetzen.“

Prof. Dr. Wolfram Brune

Abteilung Antivirale Strategien

Gruppenleitung Prof. Dr. Joachim Hauber



CV Prof. Dr. Joachim Hauber

Seit 2002	Professor (C4) und Leiter der Abteilung <i>Antivirale Strategien</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg
1996-2002	Extraordinarius (C3-Professor) am Institut für Klinische und Molekulare Virologie der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg
1993	Habilitation in Virologie, Medizinische Fakultät der Universität Wien, Österreich
1988-1996	Head of Molecular Biology, Abteilung Antiretrovirale Therapie, Sandoz/Novartis Forschungsinstitut, Wien, Österreich
1987-1988	Postdoktorand am Howard Hughes Medical Institute, Duke University Medical Center, Durham NC, USA
1986-1987	Postdoktorand in der Abteilung Molecular Genetics, Hoffmann-La Roche Inc., Nutley NJ, USA
1986	Promotion am Institut für Physiologische Chemie, Physikalische Biochemie und Zellbiologie der Ludwig-Maximilians-Universität München

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Abteilung *Antivirale Strategien* erforscht im Rahmen des Programmbereichs *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* das humane Immundefizienzvirus (HIV) und, in einem geringeren Umfang, Herpes Simplex-Viren (HSV). Projektschwerpunkte bilden Untersuchungen zur Etablierung und Regulation latenter Virusinfektionen. Basierend auf den erhaltenen Ergebnissen werden im Programmbereich *Innovative Therapieansätze* neuartige antivirale Therapien entwickelt. Ein besonderes Entwicklungsziel repräsentiert dabei die nicht-klinische und klinische Entwicklung neuartiger kurativer Strategien zur Virus-Eradizierung. Die Forschung der Abteilung verbindet virologische Grundlagenforschung mit eindeutig translatorischen Forschungs- und Entwicklungsansätzen.

Synopsis of the scientific working field:

The research department *Antiviral Strategies* is investigating the biology of human immunodeficiency viruses (HIV) and Herpes simplex viruses (HSV). In

particular, major research efforts focus on the mechanisms involved in the establishment and regulation of viral latency. Furthermore, novel curative strategies for the eradication of latent viruses are developed. The research group combines basic research efforts with clearly translational approaches.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Beginn einer *first-in-human* Phase Ib/IIa Gentherapie-Studie zur Eradizierung von HIV (HIVCure).
- Gründung des Start-ups PROVIREX, das sich auf die Entwicklung neuartiger Genome-Editing-Therapien konzentriert.



Ausblick:

Durchführung und Abschluss einer ersten klinischen Phase Ib/IIa Studie zur Entfernung von HIV aus Patienten durch Genom-Editierung (Brec1-Rekombinase). Dadurch klinische Implementierung eines neuartigen kurativen Therapieverfahrens basierend auf einer potenziellen Schlüsseltechnologie.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- Chemnitz J, Pieper D, Stich L, Schumacher U, Balabanov S, Spohn M, Grundhoff A, Steinkasserer A, Hauber J, Zinser E. The acidic protein rich in leucines *Anp32b* is an immunomodulator of inflammation in mice. *Sci Rep.* 2019, 9:4853.
- Hamann MV, Ehmele P, Verdikt R, Bialek-Waldmann JK, Viridi S, Günther T, Van Lint C, Grundhoff A, Hauber J, Lange UC. Transcriptional Behavior of the HIV-1 Promotor in Context of the BACH2 Prominent Proviral Integration gene. *Virus Res.* 2021, 293: 198260.
- Kropp KA, López-Muñoz AD, Ritter B, Martín R, Rastrojo A, Srivaratharajan 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, 94:e01370-20.



Mitarbeitende:

Abteilungsleiter: Prof. Dr. Joachim Hauber

Teamassistentz: Dipl.-Biol. Ute Neumann

AG-Leitung: Dr. Dr. Ulrike Lange (Genomik Retroviraler Infektionen)

Wissenschaftler*innen: Daan Baeten (Student), Dr. Julia Bialek, Dr. Niklas Beschorner, Dr. Jan Chemnitz (MBA), Dr. Julia Czechowicz, Dr. Gábor Artúr Dunay, Dr. Ilona Hauber, Denise Mennerich (Studentin), Dr. Maike Voges

Promovierende: Philipp Ehmele (Gast), Paul Künzle

Technische Assistentz: Bettina Abel, Jasmin Schneider, Britta Weseloh

Abteilung Integrative Virologie

Gruppenleitung Prof. Dr. Maya Topf



CV Prof. Dr. Maya Topf

Seit 2020	Leiterin der Abteilung <i>Integrative Virologie</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg (Teil des Leibniz-WissenschaftsCampus <i>InterACT</i> , lokalisiert am Centre for Structural Systems Biology, CSSB) Professorin (W3) am Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE)
2016	Professorin für Structural and Computational Biology am Institute of Structural and Molecular Biology (ISMB, Birkbeck College and UCL) in London, UK
2013-2016	Reader am Institute of Structural and Molecular Biology am ISMB, London, UK
2012-2013	Lecturer am Institute of Structural and Molecular Biology am ISMB, London, UK
2006-2012	Career Development Fellow am Institute of Structural and Molecular Biology am ISMB, London, UK
2003-2006	Postdoktorandin am Department of Biopharmaceutical Sciences an der University of California in San Francisco, USA
2002	Promotion im Fach Chemie an der University of Oxford, UK



Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Anheftung von Viren an die Zelle, ihr Zelleintritt, ihr Entpacken (Uncoating), die Biosynthese, Assemblierung und die Freisetzung - alle diese Schritte im Infektionszyklus erfordern die Bildung von Protein-Protein-Interaktionen zwischen den viralen Proteinen selbst sowie zwischen viralen und Wirtsproteinen. Daher ist es von großem biomedizinischem Interesse, die Struktur der Komplexe zu verstehen, die durch diese Interaktionen gebildet werden. Ziel ist es dabei, antivirale Therapien zu entwickeln, welche die Bildung dieser Komplexe blockieren können, oder alternativ Viren für den Einsatz als zielgerichtete Trägersysteme umzugestalten. In den letzten Jahren hat die Verwendung von integrativen, informationsgetriebenen Ansätzen zur Modellierung von Strukturen von Komplexen, wie sie z.B. von Viren in Zellen gebildet werden, an Popularität gewonnen.

Die Abteilung *Integrative Virology* wendet einen integrierten systembiologischen Ansatz an, der rechnergestützte und experimentelle Methoden kombiniert, die speziell darauf ausgerichtet sind, ein umfassendes Bild von Virusinfektionen zu erhalten; mit besonderem Schwerpunkt auf KryoEM, massenspektrometriebasierter Proteomik sowie Bioinformatik.

Synopsis of the scientific working field:

The attachment of viruses to the cell, their entry, uncoating, biosynthesis, assembly, and release, all involve the formation of protein-protein interactions between the viral proteins themselves and between viral and host proteins. Thus, it is of great biomedical in-

terest to understand the structure of complexes formed by these interactions, with the aim of designing antiviral therapies that can block them, or alternatively re-engineer viruses for use as targeted delivery vehicles. In recent years, the use of integrative, information-driven approaches for modeling structures of complexes such as those formed by viruses in cells has been increasing in popularity.

The research department of *Integrative Virology* applies an integrated systems biology approach that combines computational and experimental methods specifically designed to achieve a comprehensive picture of viral infections, with specific focus on cryoEM, mass spectrometry-based proteomics and bioinformatics.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Januar 2020: Eingeladene Teilnehmerin des *wwPDB single-particle EM data-management-Workshops*, EMBL-EBI (Hinxton, 23.-24. Januar 2020)
- 2019: Beiratsmitglied des Collaborative Computational Project for Biomolecular Simulation (CCPBioSim)
- 2018-jetzt: Co-Organisatorin von CASP (Critical Assessment of Protein Structure Prediction, <http://predictioncenter.org>)



Ausblick:

- Entwicklung weiterer Methoden und Verbesserungen bei der KryoEM-Modellvalidierung.
- Kombination von KryoEM und Medikamentenentwicklung.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- *Hernández Durán A, Greco TM, Vollmer B, Cristea IM, Grünewald K, Topf M. Protein interactions and consensus clustering analysis uncover insights into herpesvirus virion structure and function relationships. PLoS Biol. 2019 Jun 14;17(6):e3000316.*
- *Kryshchak A, Malhotra S, Monastyrskyy B, Cragolini T, Joseph AP, Chiu W, Topf M. Cryo-electron microscopy targets in CASP13: Overview and evaluation of results. Proteins. 2019 Dec;87(12):1128-1140. (Cover)*
- *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.*

Mitarbeitende:

Abteilungsleiterin: Prof. Dr. Maya Topf

Teamassistentz: Dr. Laetitia Adler-Ohde

Wissenschaftler*innen: Dr. Joseph Beton, Dr. Tristan Cragolini (UK Gruppe), Dr. Manaz Kaleel, Dr. Mauro Maiorca (UK Gruppe), Dr. Karen Manalastas-Cantos (Gast), Dr. Guendalina Marini (UK Gruppe), Thomas Mulvaney (Masterstudent, UK Gruppe)

Promovierende: Rebecca Brooker (UK Gruppe), Eric Escriva (UK Gruppe), Sophie Knott (UK Gruppe), Aaron Sweeney (UK Gruppe), Marina Gerges

Masterstudent: Thomas Mulvaney (Masterstudent, UK Gruppe)

Abteilung Strukturelle Zellbiologie der Viren

Gruppenleitung Prof. Dr. Kay Grünewald



CV Prof. Dr. Kay Grünewald

Seit 2019	Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor des Centre for Structural Systems Biology (CSSB)
Seit 2018	Visiting Professor, University of Oxford, UK
Seit 2015	Professor (W3) und Leiter der Abteilung <i>Strukturelle Zellbiologie der Viren</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg
2013-2017	Professor of Structural Cell Biology, University of Oxford, UK
2010-2017	Wellcome Trust Senior Research Fellow
2009-2017	Senior Group Leader, Division of Structural Biology, University of Oxford, UK
2004-2009	Emmy-Noether-Nachwuchsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für Biochemie, Martinsried
2002-2003	Postdoktorand am NIH, Laboratory of Structural Biology Research, Bethesda, USA
2001	Postdoktorand an der Friedrich-Schiller-Universität Jena und am Max-Planck-Institut für Biochemie, Martinsried



„Was unser Thema besonders spannend macht: Die Aufklärung des Zusammenspiels von Struktur und Dynamik im makromolekularen Bereich bei wesentlichen zellulären Infektionsprozessen mittels bildgebender Verfahren und komplementärer Techniken.“

Prof. Dr. Kay Grünewald



Preise/Auszeichnungen:

- Dr. Benjamin Vollmer wurde 2020 für seine Publikation „The pre-fusion structure of Herpes simplex virus glycoprotein B“ in *Science Advances* für die beste Erstautorenpublikation der HPI-Postdoktoranden ausgezeichnet.
- Sigurður Rafn Þorkelsson hat 2020 das HPI-Mobilitätsstipendium für den Besuch des Labors von Maya Topf am Institut für Struktur- und Molekularbiologie in London, UK bekommen, um molekulare Modellbildung und strukturelle Bioinformatik zu erlernen.
- Dr. Josie Ferreira hat ein hoch-kompetitives Human Frontiers in Science Programme (HFSP) Postdoctoral Fellowship eingeworben.
- Dr. Emmanuelle Quemin hat ein Humboldt-Forschungsstipendium für Postdoktoranden erfolgreich eingeworben.

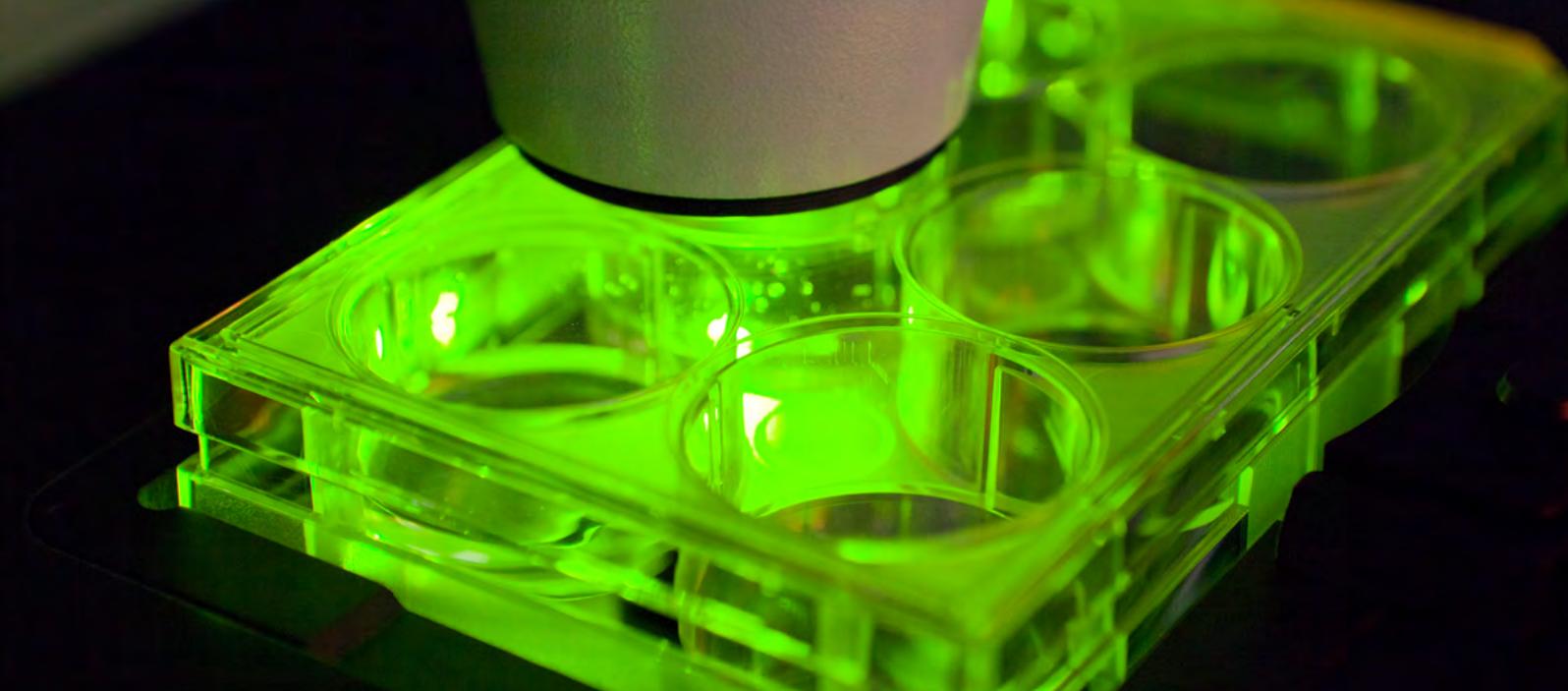
Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Zellen bilden die kleinsten autonomen Einheiten des Lebens. Supramolekulare Komplexe führen alle wesentlichen zellulären Funktionen und Prozesse aus und stellen gleichzeitig die grundlegenden Strukturelemente der Zellen dar. Diese streng regulierte strukturelle und funktionelle Organisation einer Zelle wird derzeit nur rudimentär verstanden. Viren und deren Interaktionen mit der Wirtszelle stellen ein attraktives Modellsystem zur Analyse von makromolekularen Interaktionen dar. Die Aufklärung der dynamischen Virus-Wirt-Interaktionen und der zugrundeliegenden Mechanismen sind elementar für das Verständnis der Komplexität von viralen Infektionen. Das Verständnis der Gesamtheit eines viralen „Lebenszyklus“ erfordert methodische Ansätze, die es erlauben, diese verschiedenen transienten Strukturen und Zustände in ihrer natürlichen Umgebung zu studieren. Die Abteilung verwendet dazu die Kryo-Elektronentomographie (KryoET) in Kombination mit anderen Techniken, um ausgewählte Aspekte dieses hochgeordneten Netzwerkes zu untersuchen und Proteinkomplexe *in situ* zu analysieren. Die Probenvorbereitung durch schnelles Einfrieren, unter Ausbildung amorphen Eises, sorgt für einen ausgezeichneten Strukturverlust bis hin zum atomaren Detail.

Synopsis of the scientific working field:

Cells constitute the smallest autonomous units of life. Supramolecular complexes carry out essentially all functions and processes and form the cell's structural elements. The tightly regulated structural and functional organization of a cell at this level is currently only rudimentary understood. Viruses and their interactions with host cells provide attractive model systems for studying macromolecular interactions. Unraveling the mechanisms underlying the dynamic interactions of viruses with their host cells at this level is crucial to understand the complexity of a viral infection. A comprehensive analysis of the cellular organization and its dynamic changes in the course of the viral 'life cycle' requires tools that allow for studying these complexes in their native environment. The research department applies electron cryo microscopy in combination with other complementary techniques to approach selected aspects of this highly ordered network analyzing protein complexes *in situ*. Sample preparation by fast vitrification, i.e. embedding in amorphous ice, ensures excellent preservation of structure, down to the atomic level.





Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- 2019: Labore sowie KryoEM- und ALFM-Facilities am CSSB mit S2 Genehmigung voll arbeitsfähig, gemeinsamer Group Retreat, erfolgreiche SAB Evaluierung
- 2019/20: Erfolgreiche Einwerbungen: Leibniz WissenschaftsCampus InterACT (6,6 Mio €), DFG FOR 2419 *Plasticity versus Stability*, Analytische 3D Elektronenmikroskopie (120 T €), Beteiligung an 3 Landesforschungsförderungs-Projekten, Hamburg-X Centre for Computational Data Science (CDCS)
- 2020: Dr. Jens Bosse als W1-Professor innerhalb des DFG-Exzellenzclusters RESIST an der Medizinischen Hoch-

schule Hannover (verortet im CSSB) berufen, Group Retreat, gute Zusammenarbeit in der Pandemie



Ausblick:

Die molekularen Mechanismen, die zu Membranmodulationen im Verlauf der zellulären Infektion von Herpes- und Adenoviren führen, stehen weiter im Mittelpunkt. Die Abteilung arbeitet am Verständnis des Zusammenspiels verschiedener viraler Glykoproteine und deren Konformationsänderungen bei der Membranfusion im Verlauf des Zelleintritts von Herpesviren. Auch die Assemblierung großer DNA-Viren ist ein aktuelles Arbeitsthema. Entlang der biologischen Fragestellungen werden auch neuartige methodische Ansätze entwickelt (z.B. Labelling mit DNA-Origami-Nanostrukturen).



Besonders nennenswerte Publikationen:

- Moser F, Pražák V, Mordhorst V, Andrade DM, Baker LA, Hagen C, Grünewald K, Kaufmann R. *Cryo-SOFI enabling low-dose super-resolution correlative light and electron cryo-microscopy*. *PNAS* 2019 Mar 12;116(11):4804-4809.
- 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.
- 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 Sep 11;369(6509):1395-1398.

Mitarbeitende:

Abteilungsleiter: Prof. Dr. Kay Grünewald

Teamassistentz: Débora Lage

Wissenschaftler*innen: Dr. Lindsay Baker (Gast), Dr. Susan Black (Gast), Dr. Robert Bücker (Gast), M. Res. Cornelia Cazey (Gast), Dr. Dennis Eggert (Gast), Andrea Impagnatiello (Gast), Dr. Josie Ferreira, Dr. Linda E. Franken, Dr. Christoph Hagen, Dr. Jan Hellert, Dr. Ulrike Laugks, Tim Laugks (Gast), Dr. Wolfgang Lugmayr (Gast), Dr. Emily Machala (Gast), Dr. Vojtech Prazak (Gast), Dr. Emmanuelle Quemin, Dr. Carolin Seuring (Gast), Dr. Emma Silvester (Gast), Dr. Benjamin Vollmer, Dr. Daven Vasishtan (Gast)

Promovierende: M. Sc. Yuhao Han, M. Phil. Sören Pfitzner, M. Sc. René Rosch (Gast), M. Sc. Karin Ruban (Gast), M. Sc. Sigurður Rafn Porkelsson, M. Sc. Tim Benecke (Gast), M. Sc. Kirsty Sawtell (Gast), Kilian Stockhausen (Gast)

Studierende/Praktikanten: B. Sc. Henriette Ebel (Gast), Clara Feldmann (Gast), Leon Blankenhorn (Gast), Lisa Borstelmann, Viktoryia Samorodova (Gast), Hanna Debus (Gast)

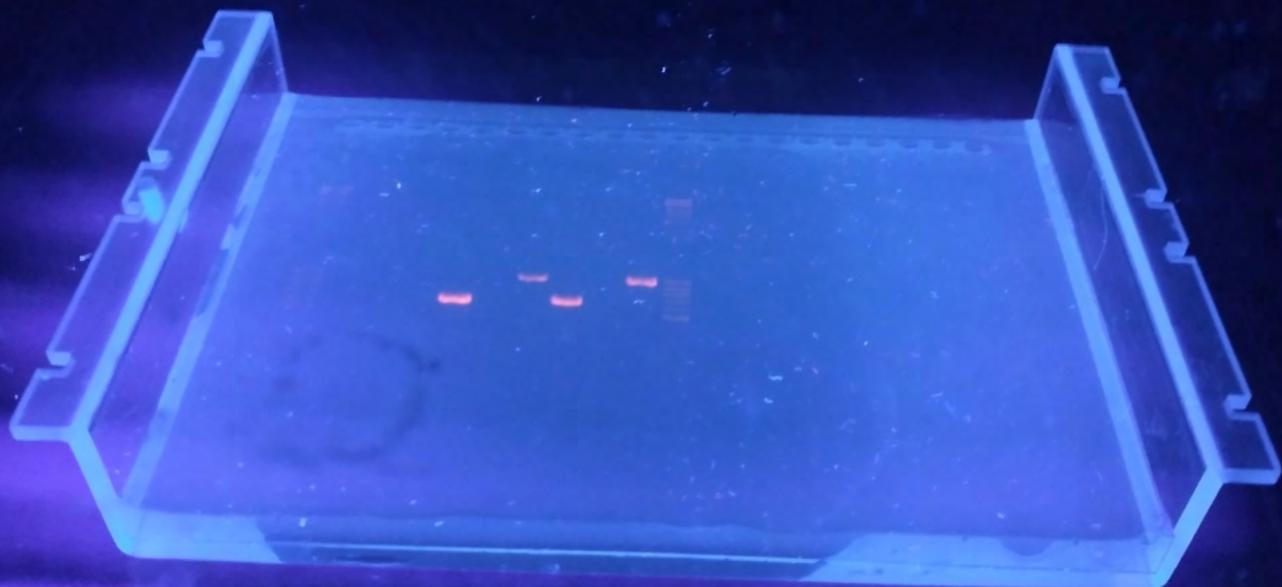
Image Processing Specialist: Dr. Marcel Schie

**Leiter Technologieplattform
Lichtmikroskopie:** Dr. Roland Thünauer (bis April 2020 Dr. Jens Bosse)

**Leiter Technologieplattform
Elektronenmikroskopie:** Dr. Rudolph Reimer

**Wissenschaftliche
Projekt-Koordinatorin:** Dr. Frederike Ahr

Technische Assistenz: Gundula Pilnitz-Stolze, Julia Sandberg (Gast), Carola Schneider



Abteilung Virale Transformation

Gruppenleitung: Prof. Dr. Thomas Dobner



CV Prof. Dr. Thomas Dobner

Seit 2009	Wissenschaftlicher Direktor des Leibniz-Instituts für Experimentelle Virologie (HPI)
Seit 2006	Professor (W3) und Leiter der Abteilung <i>Virale Transformation</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg
2002	Habilitation, Medizinische Mikrobiologie, Universität Regensburg
1996-2006	Arbeitsgruppenleiter, Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Universität Regensburg
1993-1995	Postdoktorand, Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Universität Regensburg
1991-1993	Postdoktorand, Department of Molecular Biology, Princeton University, USA
1990	Promotion (Dr. rer. nat.) Universität München (LMU)



„Adenoviren eignen sich hervorragend als Werkzeug zur Aufklärung grundlegender Prozesse der Virusvermehrung und -pathogenese. Viele dieser daraus gewonnenen Erkenntnisse sind direkt in ihre Anwendung als Vektoren in der Gentherapie und, hoch aktuell, als vektorbasierte Impfstoffe (AstraZeneca, Johnson & Johnson und Sputnik V) gegen SARS-CoV-2 geflossen.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Abteilung *Virale Transformation* befasst sich mit verschiedenen Aspekten der Biologie humaner Adenoviren, insbesondere mit grundlegenden Fragestellungen zur Steuerung des produktiven und latenten Lebenszyklus sowie der Adenovirus-vermittelten Zelltransformation. Das gemeinsame Ziel dieser Arbeiten ist es, allgemeingültige und übergeordnete Strategien viraler Replikation, Persistenz und Onkogenese zu identifizieren und auf molekularer Ebene zu verstehen. Analoge, in diesem Bereich liegende Forschungskonzepte, nehmen gegenwärtig weltweit eine zentrale Stellung ein, da sie die Grundlage für neue Ansätze in der Tumorthherapie und in der Entwicklung antiviraler Wirkstoffe schaffen. Dementsprechend bewegen sich die Forschungsprojekte der Abteilung zu einem großen Teil im Programmbereich *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* sowie in den übergeordneten Schwerpunktthemen *Virale Latenz und Persistenz* sowie *Struktur und Dynamik viraler Morphogenese*, während die zunehmend translatorischen Forschungsarbeiten im zweiten Programmbereich *Innovative Therapieansätze* angesiedelt sind.

Synopsis of the scientific working field:

The research department *Virale Transformation* addresses various aspects of human adenovirus biology, in particular fundamental questions concerning the control of the productive and latent life cycle and adenovirus-mediated cell transformation. The common goal of this work is to identify generalized and higher-level strategies of viral replication, persistence, and oncogenesis and to understand them at the molecular level. Analogous research concepts in this area currently occupy a central position

worldwide, as they provide the basis for new approaches in tumor therapy and in the development of antiviral agents. Accordingly, the research projects of the department are located in the program area *Molecular Mechanisms of Viral Pathogenesis* as well as in the overarching focus areas *Virale Latenz und Persistenz* and *Struktur und Dynamik viraler Morphogenese*, while the increasingly translational research work is located in the second program area *Innovative Antiviral Therapies*.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Identifizierung und Charakterisierung eines neuen Replikationskompartiments im Zellkern Adenovirus-infizierter Zellen.
- Identifizierung und Isolierung eines neuen Adenovirus aus Meerschweinchen (GPA_{AdV}).



Ausblick:

Auf der Grundlage der in den vergangenen Jahren erzielten Ergebnisse werden die Forschungsarbeiten in drei Schwerpunktbereichen fortgesetzt. Dazu zählen i) die Entwicklung niedermolekularer Inhibitoren humaner Adenoviren, ii) die Untersuchungen zur epigenetischen Regulation der zellulären und viralen Transkriptionskontrolle und iii) die Regulation viraler Replikationszentren (RCs), später Kernkompartimente und Egress-Komplexe. Weiterhin werden Infektionsmodelle aufgebaut, die sowohl Untersuchungen zur Etablierung viraler Persistenz als auch Analysen zur Wirksamkeit antiviraler Wirkstoffe in humanisierten Mäusen und anderen Kleintiermodellen (Meerschweinchen) ermöglichen.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- *Dhingra A, Hage E, Ganzenmueller T, Böttcher S, Hofmann J, Hamprecht K, Obermeier P, Rath B, Hausmann F, Dobner T, Heim A. Molecular Evolution of Human Adenovirus (HAdV) Species C. Sci Rep. 2019 Jan 31;9(1):1039.*
- *Pfützner S, Hofmann-Sieber H, Bosse JB, Franken LE, Grünewald K, Dobner T. Fluorescent Protein Tagging of Adenoviral Proteins pV and pIX Reveals ‚Late Virion Accumulation Compartment‘. PLoS Pathog. 2020 Jun 25;16(6):e1008588.*
- *Stubbe M, Mai J, Paulus C, Stubbe HC, Berscheminski J, Karimi M, Hofmann S, Weber E, Hadian K, Hay R, Groitl P, Nevels M, Dobner T, Schreiner S. Viral DNA Binding Protein SUMOylation Promotes PML Nuclear Body Localization Next to Viral Replication Centers. mBio. 2020 Mar 17;11(2):e00049-20.*

Mitarbeitende:

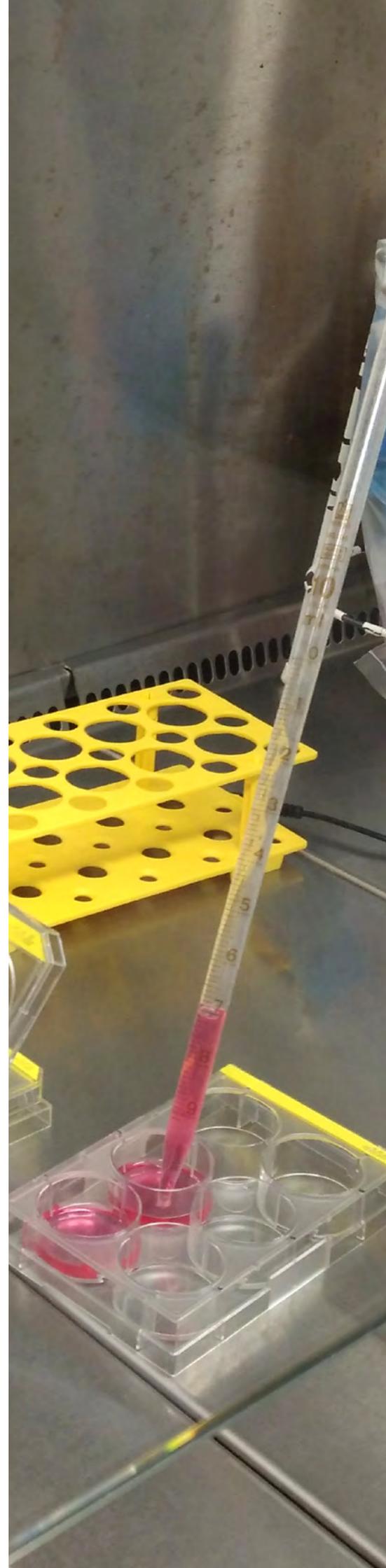
Abteilungsleiter: Prof. Dr. Thomas Dobner

Teamassistenz: Edda Renz

Wissenschaftler*innen: Dr. Luca Bertzbach, Dr. Wilhelm Ching, Dr. med. Bernd Hartz, Dr. Paloma Hildalgo, Dr. Wing Hang Ip

Promovierende: M. Sc. Johannes Jung, M. Sc. Søren Pfützner, M. Sc. Laura Seddar, M. Sc. Konstantin von Stromberg

Technische Assistenz: Gabriele Dobner, Tina Meyer, M. Sc. Britta Wilkens



Abteilung Virale Zoonosen – One Health

Gruppenleitung: Prof. Dr. Gülşah Gabriel



„Was unser Forschungsthema spannend macht: Immer wiederkehrende Epidemien und Pandemien.“

Prof. Dr. Gülşah Gabriel



CV Prof. Dr. Gülşah Gabriel

2019	DZIF-Preis für Translationale Infektionsforschung
Seit 2018	Professur (W3) für Virale Zoonosen an der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover und Abteilungsleiterin <i>Virale Zoonosen – One Health</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg
2018	<i>Leibniz – Beste Köpfe</i> -Preis
Seit 2014	Vize-Präsidentin der European Scientific Working Group on Influenza
2014-2018	Professur (W2) für Virologie an der Universität zu Lübeck und Forschungsgruppenleiterin <i>Virale Zoonosen und Adaptation</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg
2012	Habilitation und <i>Venia Legendi</i> in Virologie, Universität zu Lübeck
2012	Robert-Koch Förderpreis der Stadt Clausthal Zellerfeld
2009-2013	Gewähltes Mitglied des Board of Directors of the European Scientific Working Group on Influenza
2009-2013	Forschungsgruppenleiterin am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg (Emmy-Noether-Programm, gefördert durch die DFG)
2009	Young Scientist Award for the Best Body of Work in Influenza Research of the European Scientific Working Group on Influenza
2007-2009	Postdoktorandin an der Sir William Dunn School of Pathology, University of Oxford, UK
2006-2007	Postdoktorandin am Institut für Virologie, Philipps-Universität Marburg
2003-2006	Doktor der Biologie (Virologie) am Institut für Virologie, Philipps-Universität Marburg



Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Influenza A-Viren besitzen ein sehr breites Wirtsspektrum, das vor allem Vögel, aber auch Menschen und andere Säuger, wie z.B. Schweine, Seehunde und Pferde, umfasst. Gelegentlich können Influenzaviren sämtliche Wirtsbarrieren durchbrechen, auf den Menschen übergehen und dort zu Krankheiten unterschiedlichen Ausmaßes führen. Ziel der Abteilung *Virale Zoonosen – One Health* ist es, virale und zelluläre Determinanten zu identifizieren und zu charakterisieren, die zum Speziesübergang sowie zur erhöhten Pathogenität und Transmission von Influenzaviren im Säuger beitragen. Diese Studien bilden eine wichtige Blaupause für weitere Untersuchungen der Interspezies-Transmission und Pathogenese von anderen zoonotischen Viren.

Synopsis of the scientific working field:

Influenza A viruses are able to infect a broad range of species, such as wild birds, poultry, and many mammalian species including humans. Occasionally, influenza viruses may cross species barriers and transmit to humans, leading to a variety of diseases. The aim of the group's studies is to identify and characterize viral and cellular factors, which mediate interspecies transmission as well as enhanced pathogenesis and further transmission between mammalian hosts. These studies provide a blueprint for our understanding of interspecies transmission and pathogenesis of many other zoonotic viruses.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Etablierung eines neuen Tiermodells für das Studium der Hochrisikogruppe der Schwangeren.
- Etablierung eines neuen Tiermodells für das Studium der Hochrisikogruppe der Asthmatiker.



Ausblick:

Untersucht werden die verschiedenen Aspekte der Erkrankung, die durch Influenzaviren verursacht werden. Durch die vergleichenden Analysen sollen gemeinsame Nenner der sehr komplexen viralen Pathogenese gefunden werden. Diese könnten langfristig ein Target für eine breitere Therapieform darstellen.

In den letzten Jahren wurde das Repertoire der Abteilung auf andere respiratorische Viren erweitert. Ziel ist es, zu untersuchen, ob sich das Wissen der Influenzaforschung auf andere respiratorische Viren übertragen lässt. Damit soll das Verständnis hinsichtlich der molekularen Mechanismen der Interspezies-Transmission und der Pathogenese für diese Viren für zukünftige Therapieentwicklungen genutzt werden.



Preise/Auszeichnungen:

- 2019 DZIF Preis für Translationale Infektionsforschung



Besonders nennenswerte Publikationen:

- Thiele S, Stanelle-Bertram S, Beck S, Kouassi NM, Zickler M, Müller M, Tuku B, Resa-Infante P, van Riel D, Alawi M, Günther T, Rother F, Hügel S, Reimering S, McHardy A, Grundhoff A, Brune W, Osterhaus A, Bader M, Hartmann E, Gabriel G. Cellular Importin- $\alpha 3$ Expression Dynamics in the Lung Regulate Antiviral Response Pathways against Influenza A Virus Infection. *Cell Rep.* 2020 Apr 21;31(3):107549.

Mitarbeitende:

Abteilungsleiterin: Prof. Dr. Gülşah Gabriel

Teamassistentz: Irina Föllmer, Christine Block

Wissenschaftler*innen: Dr. Sebastian Beck, Annika Beyer (Studentin), David Feldmann (Student), Dr. Henning Jacobsen, Vanessa Krupp-Buzimkic (Tierärztin), M. Sc. Nancy Mounogou Kouassi, Dr. Ann Christin Parplys, Dr. Vinícius Pinho dos Reis, Dr. Stephanie Stanelle-Bertram, Dr. Nilgün Tekin-Bubenheim

Promovierende: M. Sc. Ulrich Aufderhorst, M. Sc. Tian Bai, Martin Müller, M. Sc. Berfin Schaumburg, Lucas Scholl, Fabian David Stoll, M. Sc. Martin Zickler, Thomas Zahn

Technische Assistentz: Annette Gries, Hanna Jania, Paulina Kowalski, Anna Lüttjohann, Dipl. Bio. Ing. Ursula Müller, Zacharias Müller



Abteilung Virus Immunologie

Gruppenleitung: Prof. Dr. Marcus Altfeld



„Wir untersuchen das Wechselspiel zwischen dem Immunsystem und Viren. Was mich daran fasziniert, ist, dass dieses Wechselspiel schon seit Jahrmillionen läuft und damit ein wichtiger Aspekt dafür ist, wie die Evolution uns geschaffen hat.“

Prof. Dr. Marcus Altfeld



CV Prof. Dr. Marcus Altfeld

Seit 2017	Leiter des Instituts für Immunologie am Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE)
Seit 2013	Leiter der Abteilung <i>Virus Immunologie</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)
2012-2016	Professor of Medicine, Harvard University
2009-2014	Director, Innate Immunity Program, Ragon Institute at MGH, MIT and Harvard
2009-2013	Associate Member, Broad Institute of MIT and Harvard
2008-2013	Director, Pathogenesis Program, Center for AIDS Research, Harvard University
2003-2006	Assistant Professor, Harvard Medical School, Boston, USA
1999-2001	Postdoktorand, Partners AIDS Research Center, Massachusetts General Hospital and Harvard
1997-1999	Assistenzarzt, Medizinische Fakultät, Universitätskliniken Bonn
1998	Promotion (Dr. med.) in der Klinik I für Innere Medizin der Universität Köln





Preise/Auszeichnungen:

- 2020: ERC Advanced Grant

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Abteilung *Virus Immunologie* konzentriert sich auf die Charakterisierung von protektiven Immunantworten gegen humanpathogene Viren und untersucht im Rahmen des Programmbereichs *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* die Mechanismen, durch welche diese Viren vom Immunsystem erkannt werden und versuchen, der antiviralen Immunität auszuweichen. Ziel ist es, jene angeborenen und adaptiven Immunantworten zu identifizieren, welche entweder mit einem Schutz vor Neuinfektionen, der Heilung von etablierten Infektionen oder mit günstigeren Krankheitsverläufen bei chronisch persistierenden Infektionen assoziiert sind. Diese neuen Erkenntnisse werden es ermöglichen, innovative Impfungsstrategien und immuntherapeutische Interventionen zu entwickeln (Programmbereich *Innovative Therapieansätze*).

Synopsis of the scientific working field:

The research department *Viral Immunology* focuses on the characterization of protective immune responses against human pathogenic viruses. Within the framework of the program area *Molecular Mechanisms of Viral Pathogenesis*, the research department characterizes the pathways by which the immune system recognizes viral infections, and the

mechanisms that viruses have developed to evade antiviral immunity. The overall goal is to identify those innate and adaptive immune responses that are associated with either protection against viral infections, the cure of established infections, or more favorable disease outcomes in chronic persistent infections. New findings from these studies will enable innovative vaccination strategies and the development of immunotherapeutic interventions (program area *Innovative Targets and Strategies*).

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- ERC Advanced Grant
- DFG RU 5068 Sex differences in immunity



Ausblick:

Ein besonderer Forschungsschwerpunkt in der Abteilung *Virus Immunologie* wird in den nächsten Jahren die Untersuchung der molekularen Mechanismen sein, welche zu geschlechtsspezifischen Unterschieden in der Immunantwort gegen Viren führen. Ein weiterer Fokus wird auf der Untersuchung der Rezeptor/Liganden-Interaktionen liegen, welche die Erkennung von virusinfizierten Zellen durch NK-Zellen ermöglichen.





Besonders nennenswerte Publikationen:

- Hagen SH, Henseling F, Hennesen J, Savel H, Delahaye S, Richert L, Ziegler SM, Altfeld M. Heterogeneous Escape from X Chromosome Inactivation Results in Sex Differences in Type I IFN Responses at the Single Human pDC Level. *Cell Rep.* 2020 Dec 8;33(10):108485.
- Niehrs A, Garcia-Beltran WF, Norman PJ, Watson GM, Hölzemer A, Chapel A, Richert L, Pommerening-Röser A, Körner C, Ozawa M, Martrus G, Rossjohn J, Lee JH, Berry R, Carrington M, Altfeld M. A subset of HLA-DP molecules serve as ligands for the natural cytotoxicity receptor NKp44. *Nat Immunol.* 2019 Sep;20(9):1129-1137.

Mitarbeitende:

Abteilungsleiter: Prof. Dr. med. Marcus Altfeld

Teamassistentz: Anja Lindemann

AG-Leitungen: Dr. Dr. Madeleine Altfeld-Bunders (AG Immunontogenese), Dr. Christian Körner (AG Immunbiologie natürlicher Killerzellen), Dr. Angeliqe Hölzemer (AG Nicht-klassisches HLA-I in Inflammation und Infektion)

Wissenschaftler*innen: Dr. Annika Elise Ahrenstorf, Dr. Tanja Barkhausen, Dr. Martin Baumdick, Dr. Claudia Beisel, Dr. Sven Hendrik Hagen, Dr. Ana Jordán de Paiz, Dr. Vinita Joshi, Dr. med. Tobias Koyro, Dr. Leonore Mensching-Johnson, Dr. Annika Niehrs, Dr. Mareike Ohms, Dr. Maria Pujantell Graell, Dr. Britta Zecher, Dr. Susanne Ziegler

Promovierende: B. Sc Bryan Barcelona, Maya Beiersdorfer, M. Sc. Sébastien Brias, M. Sc. Pia Fittje, Tristan Früh, Benjamin Grünhagel, Robin Habermann, M. Sc. Kerrie Hagemann, M. Sc. Ole Hinrichs, M. Sc. Julia Jäger, Niklas Jeromin, M. Sc. Johannes Jung, Nadja Kleist, Paul Vincent Kretschmer, Annabelle Lobermeyer, M. Sc. Nils Dominik Lonken, Luisa Müller, M. Sc. Jennifer Niersch, M. Sc. Benedetta Padoan, Kristina Russu, M. Sc. Deborah Sandfort, Melissa Stein, B. Sc. Rebecca-Jo Thiele, M. Sc. Timo Trenkner, B. Sc. Vivien Maria Yakup, M. Sc. Sarah Vollmers, Timo Waßenhoven, Jasmin Wesche, Lucy Wegner

Technische Assistentz: Dipl. Ing. Biotech. (FH) Arne Düsedau, Jana Hennesen, Heike Hildebrandt, Urte Matschl

Abteilung Virus-Wirt-Interaktion

Gruppenleitung: Prof. Dr. Wolfram Brune



„Herpesviren verfügen über die faszinierende Fähigkeit, sich lebenslang im menschlichen Körper einzunisten. Ich finde es äußerst spannend zu untersuchen, wie diese Viren zelluläre Funktionen ausnutzen und sich der Immunreaktion ihres Wirts entziehen.“

Prof. Dr. Wolfram Brune



CV Prof. Dr. Wolfram Brune

Seit 2015	Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)
Seit 2010	Leiter der Abteilung <i>Virus-Wirt-Interaktion</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)
2005-2010	Leiter des Fachgebiets Virale Infektionen, Robert Koch-Institut, Berlin
2005	Habilitation und Facharzt für Mikrobiologie, Virologie und Infektionsepidemiologie
2002-2005	Nachwuchsgruppenleiter (Emmy-Noether-Programm) am Rudolf-Virchow-Zentrum für Experimentelle Biomedizin, Universität Würzburg
2003	Postdoktorandenpreis der Robert-Koch-Stiftung
2000-2002	Visiting Research Fellow am Department of Molecular Biology, Princeton University, USA
1996-2000	Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Max-von-Pettenkofer-Institut, Ludwig-Maximilians-Universität München
1995	Promotion (Dr. med.), Universität Heidelberg



Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Abteilung *Virus-Wirt-Interaktion* beschäftigt sich mit der Interaktion von Herpesviren mit Wirtszellen. Ziel der Forschung ist es, die Mechanismen aufzudecken, mit denen Herpesviren Abwehrreaktionen der Wirtszelle (angeborene und intrinsische Immunität) beeinflussen. Ein weiterer Fokus liegt auf der molekularen Grundlage der Spezies-Spezifität bestimmter Herpesviren. Diese Arbeiten tragen zum Programmbereich *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* sowie den übergeordneten Schwerpunktthemen *Immunkontrolle von Viren* und *Determinanten des Wirtsspektrums* bei. Ein Verständnis der zugrunde liegenden Mechanismen soll neue Einblicke in die Abwehrmechanismen des Wirtes und Gegenmaßnahmen des Virus geben. Darüber hinaus können Schlüssel-moleküle der Virus-Wirt-Interaktionen als Angriffspunkte für neue antivirale Therapien dienen (Programmbereich *Innovative Therapieansätze*).

Synopsis of the scientific working field:

The research department *Virus-Host Interaction* investigates the interaction of herpes viruses with host cells. The aim is to uncover the mechanisms by which herpesviruses subvert host antiviral defenses (innate and intrinsic immunity). Another focus is on the molecular basis of the host species specificity of certain herpesviruses. This work contributes to the program area *Molecular Mechanisms of Viral Pathogenesis* as well as to the overarching topics *Immune Control of Viruses* and *Host Range Determinants*.

An understanding of the underlying mechanisms should provide new insights into host defense mechanisms and viral countermeasures. In addition, key molecules of virus-host interactions can serve as targets for new antiviral therapies (program area *Innovative Antiviral Therapies*).

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Publikation eines neuen Immunevasions-Mechanismus in *Nature Microbiology* (Muscolino et al., 2020) und DZIF-Doktorandenpreis für Elena Muscolino.
- Publikation zur Bedeutung von HCMV Glykoprotein-Varianten in *PNAS* (Tang et al., 2019) und Priscilla Schaffer Award für Jiajia Tang.
- Beteiligung an einem DARPA-geförderten internationalen Konsortium zur Entwicklung eines übertragbaren Vakzins.



Preise/Auszeichnungen:

- *Priscilla Schaffer Award*, verliehen beim *Int. Herpesvirus Workshop 2019* an Jiajia Tang
- *DZIF Doktorandenpreis der DGI 2020*, verliehen an Elena Muscolino



Ausblick:

Untersuchungen zur CMV-Pathogenese im Mausmodell werden einen wachsenden Anteil an den Forschungsaktivitäten der Abteilung einnehmen. Hierzu gehört auch ein kooperatives Projekt zur konnatalen CMV-Infektion, welches experimentelle Arbeiten im Mausmodell und die Analyse klinischer Proben umfasst. Zellkulturmodelle zur CMV-Infektion myeloider Zellen sollen ebenfalls vermehrt genutzt werden, um Aufschlüsse über die Infektion dieser Zelltypen und ihre Rolle bei der Infektion zu gewinnen.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- *Hinte F, van Anken E, Tirosh B, Brune W. Repression of viral gene expression and replication by the unfolded protein response effector XBP1u. Elife. 2020 Feb 17;9:e51804.*
- *Muscolino E, Schmitz R, Loroch S, Caragliano E, Schneider C, Rizzato M, Kim YH, Krause E, Juranić Lisnić V, Sickmann A, Reimer R, Ostermann E, Brune W. Herpesviruses induce aggregation and selective autophagy of host signalling proteins NEMO and RIPK1 as an immune-evasion mechanism. Nat Microbiol. 2020 Feb;5(2):331-342.*
- *Tang J, Frascaroli G, Lebbink RJ, Ostermann E, Brune W. Human cytomegalovirus glycoprotein B variants affect viral entry, cell fusion, and genome stability. PNAS. 2019 Sep 3;116(36):18021-18030.*

Mitarbeitende:

Abteilungsleiter: Prof. Dr. Wolfram Brune

Teamassistent: Martina Hintz

Wissenschaftler*innen: PD Dr. Giada Frascaroli, Dr. Elena Muscolino, Dr. Eléonore Ostermann, Dr. Olha Puhach, Dr. Felix Stahl

Promovierende: M. Sc. Enrico Caragliano, M. Sc. Giorgia Cimato, M. Sc. Yingqi Deng, M. Sc. Luís Fonseca Brito, M. Sc. Jan Knickmann, M. Sc. Laura-Marie Luoto, M. Sc. Irke Waßmann, M. Sc. Tianyu Zhang, M. Med. Xuan Zhou

Technische Assistenz: Michaela Bockelmann, Renke Brixel





Zwei Fragen an ... die HPI-Forschungsgruppe

Seit 2012 werden auf der Ebene der Forschungsgruppen W2-Professuren etabliert, die in gemeinsamen Berufungsverfahren mit der Medizinischen Fakultät der Universität Hamburg (UKE) und der Universität zu Lübeck berufen werden. Die Forschungsgruppe Virus Genomik unter Leitung von Prof. Dr. Adam Grundhoff richtet ihren Forschungsfokus auf die Untersuchung von DNA-Tumroviren.



„Die Highlights waren in beiden Jahren für mich die wissenschaftlichen Retreats der Gruppe, auch wenn diese pandemiebedingt nur virtuell stattfinden konnten. Es hat sehr viel Spaß gemacht zu sehen, mit welchem Einsatz und Enthusiasmus die Retreats von den Mitgliedern der Gruppe organisiert wurden. Ich hoffe, dass wir bald auch wieder den gemeinsamen wissenschaftlichen Retreat des gesamten HPIs haben werden.“

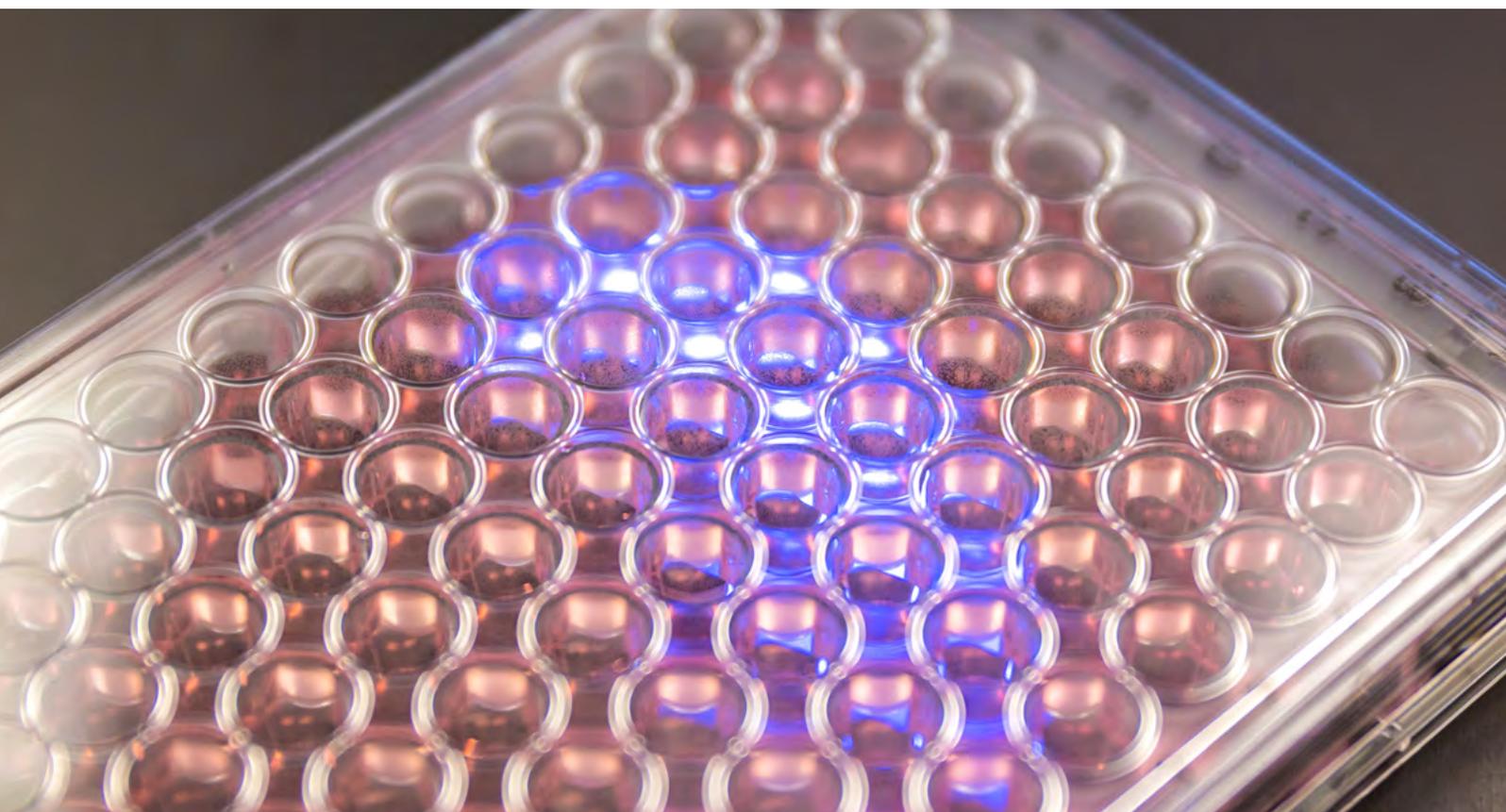
Prof. Dr. Adam Grundhoff

Auf welchen Erfolg Ihrer Abteilung in den letzten beiden Jahren sind Sie besonders stolz?

Adam Grundhoff: Da ist zum einen eine Reihe sehr schöner Publikationen zur Rolle epigenetischer Faktoren bei humanen Tumroviren zu nennen, andererseits aber auch unsere Beiträge zur molekularbiologischen Surveillance von SARS-CoV-2. Das wir als relativ kleine Gruppe wichtige Beiträge in zwei so unterschiedlichen Bereichen liefern konnten, macht mich besonders stolz.

Die SARS-CoV-2-Pandemie hatte im letzten Jahr einen großen Einfluss auf die Forschung am HPI. Welche Entwicklungen am Institut waren dabei aus Ihrer Sicht besonders nennenswert?

Adam Grundhoff: Ich denke man konnte hier sehr gut beobachten, wie flexibel das HPI ist: Obwohl nur wenige Gruppen zuvor schwerpunktmäßig mit respiratorischen Erregern gearbeitet haben, konnten doch viele in kurzer Zeit sehr wichtige Beiträge leisten. Neben der vorhandenen Expertise spielen da sicher das breite Methodenspektrum und die hervorragenden und flexibel einsetzbaren Infrastrukturen eine große Rolle.



Forschungsgruppe Virus Genomik

Gruppenleitung: Prof. Dr. Adam Grundhoff



„Unser Forschungsthema beschäftigt sich mit Fragestellungen der Genomik. Die Vielseitigkeit, mit der man Erkenntnisse aus diesem Bereich auch auf andere Forschungsfelder, z.B. aus der Zellbiologie und Tumorforschung, übertragen kann, macht das Thema aus meiner Sicht besonders spannend.“

Prof. Dr. Adam Grundhoff



CV Prof. Dr. Adam Grundhoff

- | | |
|-----------|---|
| Seit 2013 | Professor für Virus Genomik am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg |
| Seit 2011 | Leiter der Forschungsgruppe <i>Virus Genomik</i> und Leiter der Technologieplattform <i>Hochdurchsatz-Sequenzierung</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg |
| 2005-2011 | Unabhängiger Nachwuchsgruppenleiter am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg |
| 2004-2005 | Assistant Specialist der G.W. Hooper Foundation, Department of Microbiology, University of California, San Francisco, USA |
| 1999-2004 | HHMI Postdoctoral Research Fellow an der University of California in San Francisco, Howard Hughes Medical Institute, Labor von Prof. Donald E. Ganem |
| 1996-1999 | Promotionsarbeit (Dr. rer. nat) an den Universitätskliniken des Saarlandes, Homburg, Labor von Prof. Friedrich Grässer |

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Forschungsgruppe *Virus Genomik* erforscht tumorogene Herpes- und Polyomaviren. Ein besonderes Bestreben der Gruppe ist es, durch vergleichende Untersuchung genetischer, epigenetischer und post-transkriptioneller Regulationsmechanismen allgemeingültige Prinzipien der viralen Persistenz und Pathogenese abzuleiten. Dazu werden experimentelle Infektions- und Latenzmodelle in Verbindung mit systembiologischen Analysemethoden und selbst entwickelten bioinformatischen Lösungen eingesetzt.

Darüber hinaus nutzt die Gruppe zusammen mit der angeschlossenen Technologieplattform *Hochdurchsatz-Sequenzierung* ihre genomische Expertise, um gemeinsam mit klinischen Partnern verschiedene virale Erreger in primären Patientenproben zu untersuchen.

Synopsis of the scientific working field:

The research group *Virus Genomics* investigates tumorigenic herpes and polyomaviruses. A particular endeavor of the group is to derive generally applicable principles of viral persistence and pathogenesis by comparative investigation of genetic, epigenetic and post-transcriptional regulatory mechanisms. To this end, experimental infection and latency models are used in conjunction with systems biology analysis methods and custom-developed bioinformatics solutions.

Together with the affiliated technology platform *Next Generation Sequencing*, the group additionally uses its genomic expertise to investigate various viral pathogens in primary patient samples in collaboration with clinical partners.

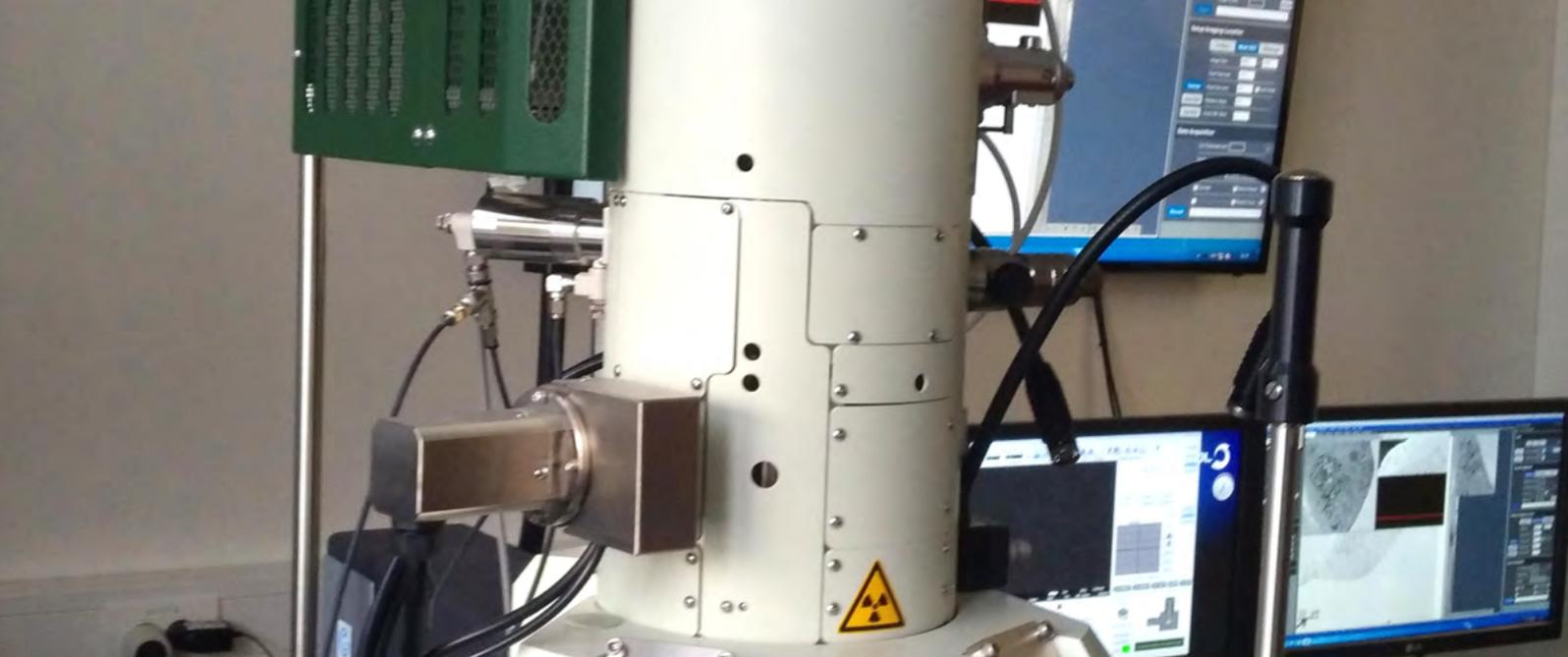
Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Fortführung zentraler Projekte des LFF-geförderten Forschungsverbundes Epilog (Sprecherin & Sprecher: Nicole Fischer und Adam Grundhoff) im Rahmen der DFG-Forschungsgruppe DEEP-DV (FOR 5200).
- Etablierung einer durch die Hansestadt Hamburg geförderten und gemeinsam mit dem UKE betriebenen Surveillance Plattform (*HHSurv*) zur fortlaufenden Überwachung von SARS-CoV-2-Varianten in der Metropolregion Hamburg.
- Unterstützung der Hamburger Gesundheitsbehörden bei der Aufklärung von SARS-CoV-2-Ausbrüchen in Schulen, Kindertagesstätten, Altenheimen und Krankenhäusern.
- Molekularepidemiologische Aufklärung des größten SARS-CoV-2-Ausbrüches in der fleischverarbeitenden Industrie in Deutschland (Günther et al., EMBO Mol Med 2020).
- Aufklärung der Rolle epigenetischer Faktoren während Latenzetablierung und Pathogenese KSHV-assoziiierter Tumore (Günther et al., Plos Path 2020; Manzano, Günther et al., mBio 2020).



Ausblick:

Die Erforschung epigenetischer und post-transkriptioneller Regulationsmechanismen mittels genomweiter Techniken wird auch in Zukunft einen wesentlichen Teil der Forschungsaktivitäten der Gruppe ausmachen. Dabei beabsichtigt die Gruppe, sich gemeinsam mit Kooperationspartnern verstärkt der vergleichenden Untersuchung viraler Erreger zu widmen, etwa innerhalb des Forschungsverbundes Deep-DV. Darüber hinaus bieten sich im Rahmen der geplanten Etablierung des Forschungsfeldes *Viral Data Science* am HPI hervorragende Möglichkeiten zur Beantwortung essentieller Forschungsfragen aus dem Bereich der Virus Genomik.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- 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.
*co-correspondence
- Günther T, Fröhlich J, Herrde C, Ohno S, Burkhardt L, Adler H, Grundhoff A. A comparative epigenome analysis of gammaherpesviruses suggests cis-acting sequence features as critical mediators of rapid polycomb recruitment. *PLoS Pathog.* 2019 Oct 31;15(10):e1007838.
- Manzano M[§], Günther T[§], Ju H, Nicholas J, Bartom ET, 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. [§]equal contribution *co-correspondence

Mitarbeitende:

Forschungsgruppenleiter: Prof. Dr. Adam Grundhoff

Wissenschaftler*innen: PD Dr. Nicole Fischer (Gast), Dr. Thomas Günther, Dr. Simon Weißmann

Bioinformatiker: Dr. Alexis Robitaille

Promovierende: Dipl.-Biol. Jacqueline Fröhlich, M. Sc. Heidi Meissner, M. Sc. Romina Vargas Ayala

Technische Assistenz: Marion Ziegler

Technologieplattform Hochdurchsatz-Sequenzierung:

Wissenschaftler*innen: Dr. Daniela Indenbirken

Bioinformatiker: Dr. Sanamjeet Virdi

Technische Assistenz: Christina Herrde, Kerstin Reumann

Zwei Fragen an ... die HPI-Nachwuchsgruppen

Das Forschungsspektrum des HPI wird durch drei unabhängige Nachwuchsgruppen ergänzt, in denen sich junge Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aktuellen Fragestellungen der Virologie widmen.

„Das internationale Umfeld, die Heterogenität der Forschungsthemen und Technologien und die exzellente zentrale Ausstattung machen das HPI besonders attraktiv... aber vor allem die wissenschaftliche Qualität der Forschungsgruppen!“
Dr. Pietro Scaturro

„Ich denke gern zurück an unseren Gruppenausflug und die Weihnachtsfeier in 2019, da es in 2020 leider wenig Möglichkeiten zu Teamveranstaltungen gab. Aber das holen wir hoffentlich bald nach.“
Dr. Charlotte Uetrecht

„In der Ära der Omics ist es auch spannend, präzises und relevantes Wissen aus öffentlich zugänglichen großen Datensätzen zu extrahieren, um unsere Hypothesen zu stützen.“
Dr. Gabrielle Vieyres

Dr. Charlotte Uetrecht nutzt als Leiterin der Nachwuchsgruppe *Dynamik viraler Strukturen* massenspektrometrische Methoden zur Untersuchung viraler Proteinkomplexe. Neu hinzugekommen ist die Nachwuchsgruppe *Systembiologie der Arboviren* unter der Leitung von Dr. Pietro Scaturro, die erforscht, wie pathogene Arboviren ihre Wirte manipulieren und für sich nutzbar machen. Ebenfalls neu ist die Nachwuchsgruppe *Zellbiologie der RNA-Viren* unter Leitung von Dr. Gabrielle Vieyres, welche die Wechselwirkungen zwischen RNA-Viren und ihrer Wirtszelle untersucht.

Was macht Ihr Forschungsthema besonders spannend?

Gabrielle Vieyres: Wir arbeiten an der Schnittstelle zwischen der Virologie und der Zellbiologie und wollen besser verstehen, wie Viren die Ressourcen ihres Wirts in Beschlag nehmen und schließlich Verwüstung anrichten können. Dazu können wir ein breites Spektrum an experimentellen Methoden anwenden, darunter auch bildgebende Verfahren, um das Zusammenspiel zwischen dem Erreger und seinem Wirt direkt zu visualisieren.

Charlotte Uetrecht: Die Interdisziplinarität sorgt für große Abwechslung und Austausch mit vielen Fachbereichen, z.B. von Virologinnen und Virologen bis zu Physikerinnen und Physikern sowie Ingenieurinnen und Ingenieuren. Das fördert Kreativität und Motivation.

Pietro Scaturro: Das Privileg zu haben, die immense Vielfalt von Arboviren zu erforschen, indem man fortschrittliche Omics-Technologien als Vergrößerungsobjektive einsetzt. Es ist eine herausfordernde, aber äußerst lohnende Reise,

jeden Tag zu lernen, wie die von Zecken und Mücken übertragenen Viren kritische Funktionen in menschlichen Zellen übernehmen.

Im Hinblick auf den wissenschaftlichen Nachwuchs: Was macht das Berufsfeld „Forschung“ und speziell die „Virusforschung“ so interessant und attraktiv?

Charlotte Uetrecht: Das dynamische Geschehen auf allen Ebenen: die Proteine sind oft hochflexibel, Viren mutieren oft schnell und neue Viren treten auf. Um diesen Herausforderungen zu begegnen, muss man selbst ebenfalls dynamisch reagieren und neue Kooperationen eingehen.

Gabrielle Vieyres: Die akademische Forschung lässt einen immensen Spielraum für Kreativität: Bei der Formulierung von wissenschaftlichen Hypothesen und Forschungsprogrammen sowie bei der Gestaltung experimenteller Ansätze zur Beantwortung einer Fragestellung. Die Vielfalt der Aufgaben und Herausforderungen sind beträchtlich, so dass es so etwas wie eine Routinewoche nicht gibt.

Pietro Scaturro: Die Humanvirologie ist nicht nur medizinisch relevant, sondern auch ein faszinierendes Gebiet der Lebenswissenschaften, in dem relativ einfache Erreger auf hochkomplexe Zellen und Organismen treffen. Die „Tricks“, die sie entwickelt haben, um zu überleben und sich zu verbreiten, sagen uns viel über die Krankheiten, die sie verursachen könnten, aber auch über die Biologie des Wirts.

Nachwuchsgruppe Dynamik viraler Strukturen

Gruppenleitung: Dr. Charlotte Uetrecht



„Die Interdisziplinarität sorgt für große Abwechslung und Austausch mit vielen Fachbereichen, zum Beispiel von Virolog*innen bis zu Physiker*innen und Ingenieur*innen. Das fördert Kreativität und Motivation.“

Dr. Charlotte Uetrecht



CV Dr. Charlotte Uetrecht

- | | |
|-------------|---|
| Seit 2014 | Leiterin der Nachwuchsgruppe <i>Dynamik viraler Strukturen</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg |
| Seit 2011 | Gastwissenschaftlerin/ Staff Scientist in der Sample Environment Gruppe, European XFEL GmbH, Hamburg |
| 2011 – 2013 | Postdoktorandin auf einem EMBO longterm fellowship bei Janos Hajdu, Molecular Biophysics, Uppsala University, Schweden |
| 2006 – 2010 | Promotion in der Abteilung von Albert J. R. Heck, Biomolecular Mass Spectrometry, Universiteit Utrecht, Niederlande, honoriert mit dem H.G.K. Westenbrink-prijs in 2011 |



Preise/Auszeichnungen:

- *Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT, Co-Antragstellerin und Direktiumsangehörige*
- *BMG Coronavirus Rapid Response Grant*
- *Ab 2021 gewählte Angehörige der Virology Division, Microbiology Society, UK*
- *Aufnahme in Academia.net, Plattform für exzellente Forscherinnen*

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Mittels neuer und bereits verfügbarer Ansätze in der Massenspektrometrie (MS) soll der Lebenszyklus von humanen Viren, insbesondere Corona- und Noroviren besser verstanden werden.

Die Komplexbildung und Strukturänderung von intrazellulären viralen Proteinen sowie der Kapsidhülle wird mithilfe nativer MS zeitaufgelöst abgebildet und durch Wasserstoff-/Deuteriumaustausch-MS ergänzt. Dadurch lassen sich dynamische Vorgänge, Stöchiometrie und Topologie untersuchen und Erkenntnisse über die Funktionsweise von Viren gewinnen.

Ferner werden Massenspektrometer entwickelt, um höhere Strukturauflösung und Einzelmolekül-ähnliche Messungen in der nativen MS zu erreichen. Dazu werden die Systeme mit Röntgen- und anderen Laserquellen gekoppelt.

Synopsis of the scientific working field:

Using new and available mass spectrometry (MS) approaches, the lifecycle of human viruses, especially corona- and noroviruses, is investigated in detail.

Complexation and structural changes of intracellular viral proteins as well as the capsid shell is monitored over time with native MS and complemented with hydrogen/deuterium exchange MS. Thereby dynamic processes, stoichiometry and topology can be investigated and insights into viral function can be gained.

Moreover, mass spectrometers are developed to achieve higher structural resolution and single-molecule like ap-

proaches in native MS. Therefore, the systems are coupled to X-ray and other laser sources.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Drei Publikationen zu coronaviralen Nichtstrukturproteinen in den Journals Science, Science Advances und Biochemical Journal (letzteres mit Titelbild).
- Vier Publikationen zur Norovirus-Assemblierung und Zuckerinteraktion in den Journals Vaccines, Molecules, Analytical Chemistry und Nature Communications.
- Machbarkeitsstudie zur Nutzung von nativer MS für die Probenzufuhr am European XFEL J Synchrotron Radiat.
- Ruf auf eine W2-Professur für Biochemie (Universität Siegen).



Ausblick:

Die Proof-of-Principle Experimente am European XFEL haben sich aufgrund der Pandemie verschoben und sind für 2022 geplant. Inzwischen konnten die Aktivitäten auf Basis von Vordaten auf andere MS-basierte Röntgenanwendungen ausgeweitet werden, wie z.B. auf die Top-Down Fragmentierung und Röntgenkleinwinkelstreuung von Proteinkomplexen.

Die bereits begonnenen, erfolgreichen Arbeiten zur Auswirkung von Prozessierung, Mutationen und Ligandenbindung auf die Struktur Dynamik von Noro- und Coronaviren werden fortgeführt.





Besonders nennenswerte Publikationen:

- Krichel B, Bylapudi G, Schmidt C, Blanchet C, Schubert R, Brings L, Koehler M, Zenobi R, Svergun D, Lorenzen K, Madhugiri R, Ziebuhr J, Uetrecht C. Hallmarks of Alpha- and Betacoronavirus non-structural protein 7+8 complexes. *Sci Adv.* 2021 Mar 3;7(10):eabf1004.
- Krichel B, Falke S, Hilgenfeld R, Redecke L, Uetrecht C. Processing of the SARS-CoV pp1a/ab nsp7-10 region. *Biochem J.* 2020 Mar 13;477(5):1009-1019. Cover Article.
- Uetrecht C*, Lorenzen K, Kitel M, Heidemann J, Robinson Spencer JH, Schlüter H, Schulz J. Native mass spectrometry provides sufficient ion flux for XFEL single-particle imaging. *J Synchrotron Radiat.* 2019 May 1;26(Pt 3):653-659. *corresponding author
- Mallagaray A, Creutzmacher R, Dülfer J, Mayer PHO, Grimm LL, Orduña JM, Trabjerg E, Stehle T, Rand KD, Blaum BS, Uetrecht C, Peters T. A post-translational modification of human Norovirus capsid protein attenuates glycan binding. *Nat Commun.* 2019 Mar 21;10(1):1320.

Mitarbeitende:

Nachwuchsgruppenleiterin: Dr. Charlotte Uetrecht

Wissenschaftler*innen: Dr. Jasmin Dülfer, Dr. Chan Khon Huynh, Dr. Alan Kádek, Dr. Thomas Kierspel, Dr. Knut Kölbl, Dr. Lu Yinfei, Dr. Boris Krichel

Promovierende: M. Sc. Lara Flacht, Alice Grün, M. Sc. Janine-Denise Kopicki, M. Sc. Julia Lockhauserbäumer, M. Sc. Ronja Pogan, B. Sc. Lennart Sängler, M. Sc. Kira Schamoni-Kast, M. Sc. Lars Thiede, M. Sc. Hao Yan

Masterstudierende: Jana Bartels, Nicholas Kley, B. Sc. Sascha Müller, B. Sc. Sarah Nentwich, Sibel Toker

Wissenschaftliche Projektkoordinatorin: Silvia Wissel

Technische Assistenz: Jürgen Müller-Guhl

Nachwuchsgruppe Systembiologie der Arboviren

Gruppenleitung: Dr. Pietro Scaturro



„Es ist ein Privileg, die immense Vielfalt von Arboviren zu studieren, indem man fortschrittliche Omics-Technologien als Vergrößerungsobjektive einsetzt. Jeden Tag zu lernen, wie die von Zecken und Mücken übertragenen Viren kritische Funktionen in menschlichen Zellen übernehmen, ist eine herausfordernde, aber äußerst lohnende Aufgabe.“

Dr. Pietro Scaturro



CV Dr. Pietro Scaturro

- | | |
|-------------|--|
| Seit 2020 | Leiter der Nachwuchsgruppe <i>Systembiologie der Arboviren</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg |
| 2018 – 2020 | Senior Scientist an der Technischen Universität München, Abteilung Virologie – Immunpathologie von Virusinfektionen |
| 2015 – 2018 | Postdoktorand am Max-Planck-Institut für Biochemie in München-Martinsried, Abteilung Proteomics und Signaltransduktion |
| 2015 | Promotion im Fach Molekulare Virologie an der Universität Heidelberg |



Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Arboviren sind weltweit ein bedeutender Mortalitätsgrund. Angesichts ihrer weiten Verbreitung sowie des Mangels an antiviralen Breitbandmedikamenten zur prophylaktischen oder therapeutischen Anwendung stellen sie eine globale Herausforderung für die öffentliche Gesundheit dar.

Die Nachwuchsgruppe untersucht, wie pathogene Arboviren ihre Wirte manipulieren und für sich nutzbar machen. Dafür werden modernste auf *Bottom-up*-Massenspektrometrie (MS) basierende Methoden, hochauflösende Bildgebungsverfahren und Ansätze der molekularen Virologie eingesetzt (Programmbereich *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese*).

Hauptziel der Forschungseinheit ist es, das komplexe Zusammenspiel zwischen verschiedenen Arboviren und ihren Säugtier- und Arthropodenwirten besser zu verstehen, die jedem Arbovirus eigene fundamentale Biologie zu untersuchen und neue sub- und pan-arbovirale Targets für therapeutische Ansätze zu identifizieren (Programmbereich *Innovative Therapieansätze*).

Synopsis of the scientific working field:

Arboviruses are a prime reason for mortality worldwide, posing a global public health challenge given their widespread

diffusion and the lack of broad-spectrum antivirals for prophylactic or therapeutic use.

The junior research group investigates how pathogenic arboviruses manipulate and harness their hosts using modern bottom-up mass spectrometry-based (MS) methods, high-resolution imaging and molecular virology approaches within the program area *Molecular mechanisms of viral pathogenesis*.

The main goal of the research unit is to better understand the complex interplay between different arboviruses and their mammalian and arthropod hosts, to understand the fundamental biology unique to each arbovirus and identify new sub- and pan-arboviral targets for therapeutic approaches (program area *Innovative Targets and Strategies*).

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Aufbau der Nachwuchsgruppe, des BSL3+ Arbovirus-Labors und des Massenspektrometers.



Ausblick:

Gegenwärtig zielt die Forschung der Gruppe darauf ab, hunderte neuer Wirtsfaktoren über mehrere arbovirale Arten der Gattung Flavivirus systematisch zu profilieren und ihre Bedeutung für die virale Pathogenese *in vitro* und *in vivo* zu untersuchen.



Preise/Auszeichnungen:

- *Keystone Symposia Future of Science Fund – Keystone Symposia (+)RNA viruses*



Besonders nennenswerte Publikationen:

- Hubel P, Urban C, Bergant V, Schneider WM, Knauer B, Stukalov A, Scaturro P, Mann A, Brunotte L, Hoffmann HH, Schoggins JW, Schwemmler M, Mann M, Rice CM, Pichlmair A. A protein-interaction network of interferon-stimulated genes extends the innate immune system landscape. *Nat Immunol.* 2019 Apr;20(4):493-502.
- Neufeldt CJ, Cortese M, Scaturro P, Cerikan B, Wideman JG, Tabata K, Moraes T, Oleksiuk O, Pichlmair A, Bartenschlager R. ER-shaping atlastin proteins act as central hubs to promote flavivirus replication and virion assembly. *Nat Microbiol.* 2019 Dec;4(12):2416-2429.
- Płaszczycza A, Scaturro P, Neufeldt CJ, Cortese M, Cerikan B, Ferla S, Brancale A, Pichlmair A, Bartenschlager R. A novel interaction between dengue virus nonstructural protein 1 and the NS4A-2K-4B precursor is required for viral RNA replication but not for formation of the membranous replication organelle. *PLoS Pathog.* 2019 May 9;15(5):e1007736.

Mitarbeitende:

Nachwuchsgruppenleiter: Dr. Pietro Scaturro

Wissenschaftler*innen: M. Sc. Maryna Chaika (Studentin), B. Sc. Laura Gauglitz (Studentin), Dr. Sreejith Rajasekharan, Dr. Yogy Simanjuntak

Promovierende: M. Sc. Charlotte Flory

Technische Assistenz: Cordula Grüttner





Nachwuchsgruppe Zellbiologie der RNA-Viren

Gruppenleitung: Dr. Gabrielle Vieyres



„Wir arbeiten an der Schnittstelle zwischen der Virologie und der Zellbiologie und wollen besser verstehen, wie Viren die Ressourcen ihres Wirts in Beschlag nehmen und schließlich Verwüstung anrichten können. Dazu können wir ein breites Spektrum an experimentellen Methoden anwenden, darunter auch bildgebende Verfahren, um das Zusammenspiel zwischen dem Erreger und seinem Wirt direkt zu visualisieren.“

Dr. Gabrielle Vieyres



CV Dr. Gabrielle Vieyeres

- | | |
|-----------|--|
| Seit 2020 | Leiterin der Nachwuchsgruppe <i>Zellbiologie der RNA-Viren</i> am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI), Hamburg (Teil des Leibniz-WissenschaftsCampus <i>InterACT</i>) |
| 2011-2020 | Postdoktorandin am Institut für Experimentelle Virologie, Twincore Zentrum, Hannover (Prof. T. Pietschmann) |
| 2006-2010 | Promotion am Zentrum für Infektion & Immunität in Lille (Frankreich, Dr. J. Dubuisson) und am MRC Virology in Glasgow (Großbritannien, Dr. A.H. Patel) |



Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Nachwuchsgruppe *Zellbiologie der RNA-Viren* hat sich zum Ziel gesetzt, die Wechselwirkungen zwischen RNA-Viren und ihrer Wirtszelle besser zu verstehen. Als Teil des Leibniz-WissenschaftsCampus *InterACT* interessiert sich die Gruppe insbesondere für die Funktion der Zellkompartimente, welche von Viren zur Erfüllung ihres Replikationszyklus induziert oder genutzt werden. Ein weiterer Schwerpunkt der Arbeit befasst sich mit der Kompartimentalisierung der angeborenen Immunantwort auf Virusinfektionen.

Hauptziele sind die Charakterisierung zellulärer Wege und Kompartimente, welche von RNA-Viren genutzt werden, sowie die Untersuchung ihres Potenzials als therapeutische Angriffspunkte. Zudem soll mithilfe von Viren als „Werkzeuge“ die komplexe Biologie der Zelle bei Gesundheit und Krankheit aufgeschlüsselt werden.

Synopsis of the scientific working field:

The junior research group *Cell Biology of RNA Viruses* aims at better understanding the reciprocal interaction between RNA viruses and their host cell. As part of the Leibniz ScienceCampus *InterACT*, the group is particularly interested in the function of the cell compartments induced or used by viruses to fulfill their replication cycle. Another focus of the work tackles the compartmentalization of the innate immune response to viral infections.

The main goal is on one hand to characterize unifying cellular pathways and compartments hijacked by RNA virus

infections and study their potential as therapeutic targets, on the other hand to better dissect the complex biology of the cell, in health and disease, using viruses as tools.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Aufbau der Nachwuchsgruppe am HPI (2020)
- Einwerbung einer DFG-Sachbeihilfe für das Projekt *Biogenese von Lipidtropfen und das Hepatitis C-Virus Replikationsorganell* (2019: Am Twincore erworben, läuft am HPI weiter)



Ausblick:

Basierend auf unseren Erfahrungen mit dem Hepatitis C-Virus erweitern wir derzeit unser Spektrum an Viren. Indem wir diese in den kommenden Jahren in transversale Studien zur Biologie von RNA-Viren integrieren, wollen wir gemeinsame Konzepte von viralen Replikationsstrategien sowie von Wirt-Pathogen-Interaktionen aufdecken.

Darüber hinaus wollen wir die Kompartimentierung der Infektion nicht nur auf subzellulärer Ebene, sondern auch innerhalb der infizierten Zellpopulation mit einer Kombination aus bildgebenden und *Omics*-Ansätzen aufklären.



Besonders nennenswerte Publikationen:

- *Brown RJP, Tegtmeyer B, Sheldon J, Khera T, Anggakusuma, Todt D, Vieyres G, Weller R, Joecks S, Zhang Y, Sake S, Bankwitz D, Welsch K, Ginkel C, Engelmann M, Gerold G, Steinmann E, Yuan Q, Ott M, Vondran FWR, Krey T, Ströh LJ, Miskey C, Ivics Z, Herder V, Baumgärtner W, Lauber C, Seifert M, Tarr AW, McClure CP, Randall G, Baktash Y, Ploss A, Thi VLD, Michailidis E, Saeed M, Verhoye L, Meuleman P, Goedecke N, Wirth D, Rice CM, Pietschmann T. Liver-expressed Cd302 and Cr1l limit hepatitis C virus cross-species transmission to mice. Sci Adv. 2020 Nov 4;6(45):eabd3233.*
- *Vieyres G, Reichert I, Carpentier A, Vondran FWR, Pietschmann T. The ATGL lipase cooperates with ABHD5 to mobilize lipids for hepatitis C virus assembly. PLoS Pathog. 2020 Jun 15;16(6):e1008554.*
- *Vieyres G, Pietschmann T. HCV Pit Stop at the Lipid Droplet: Refuel Lipids and Put on a Lipoprotein Coat before Exit. Cells. 2019 Mar 12;8(3):233.*

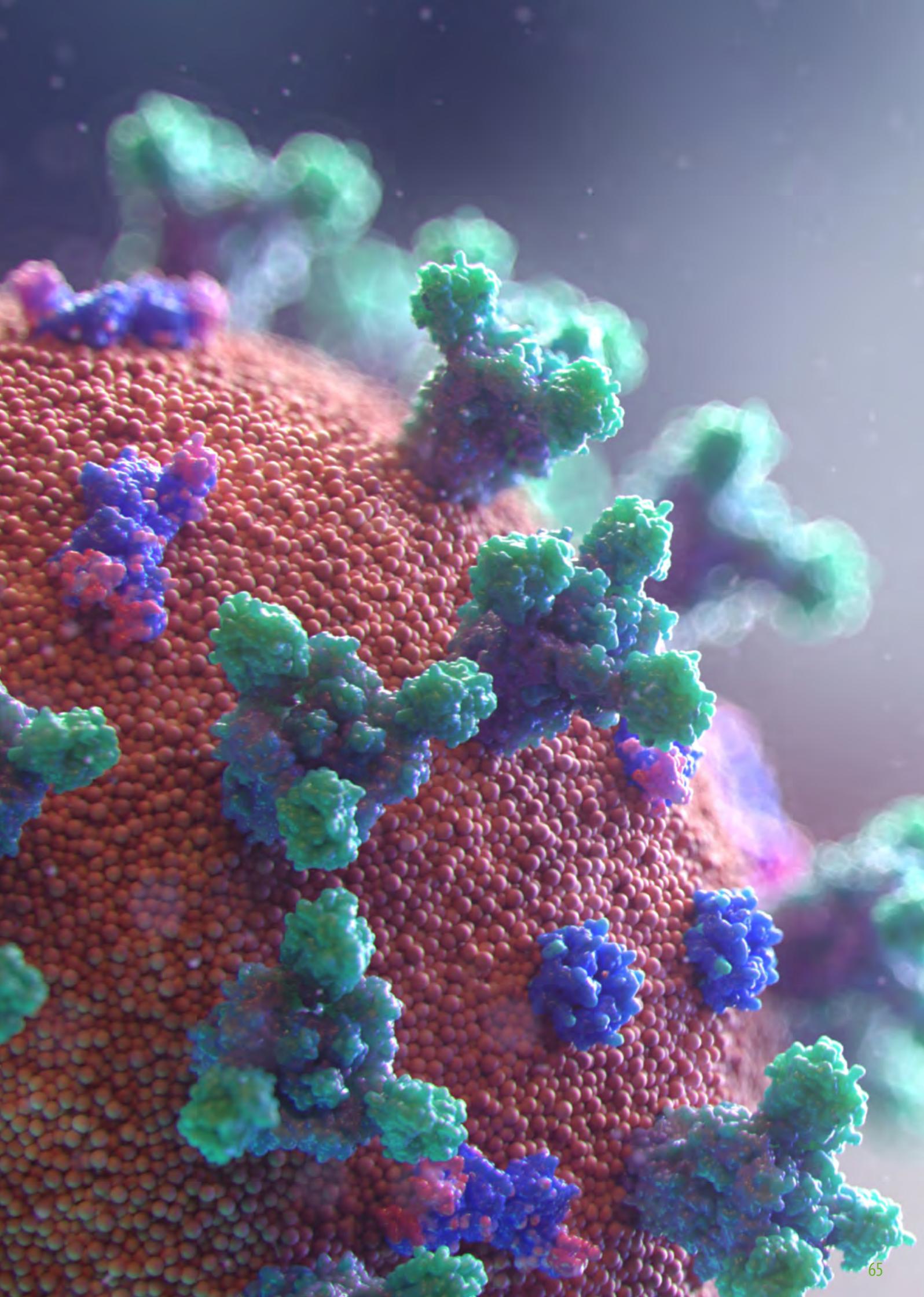
Mitarbeitende:

Nachwuchsgruppenleiterin: Dr. Gabrielle Vieyres

Promovierende: M. Sc. Charlotte Flory, M. Sc. David Kühn, M. Sc. Isabelle Reichert, M. Sc. Laura Weber

Technische Assistenz: Stefanie Rößler





Zwei Fragen an ... die Assoziierte Gruppe

Das Forschungsspektrum des HPI wird durch eine assoziierte Gruppe ergänzt, die nicht direkt am HPI lokalisiert ist, aber vom Institut unterstützt wird und dessen Infrastrukturen nutzt.

Seit 2020 hat Prof. Dr. Jens Bosse an der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) eine Juniorprofessur für *Quantitative und Molekulare Virologie* inne. Seine Forschungsgruppe wird vom Exzellenzcluster RESIST und vom HPI unterstützt. Lokalisiert ist die Forschungsgruppe am Centre for Structural Systems Biology (CSSB) in Hamburg-Bahrenfeld.

An welches Ereignis in den letzten zwei Jahren im Zusammenhang mit dem HPI denken Sie besonders gerne zurück?

Jens Bosse: Besonders gern denke ich an das tolle Teamwork während der Planung des Leibniz-WissenschaftsCampus *InterACT* zurück. Hier haben wir in sehr kurzer Zeit ein wirklich relevantes Gemeinschaftsprojekt auf die Beine gestellt.

Im Hinblick auf den wissenschaftlichen Nachwuchs: Was macht das Berufsfeld „Forschung“ und speziell die „Virusforschung“ so interessant und attraktiv?

Jens Bosse: Wir wissen nicht, welches Pathogen die nächste Pandemie verursachen wird. Oder wann es soweit sein wird. Wir wissen aber, dass die Weltpopulation immer weiterwächst, und es zu immer mehr Zoonosen kommen wird. Deshalb ist es so wichtig, sich breit mit potentiellen Pathogenen zu beschäftigen und ihre Biologie zu verstehen. Nur dann werden wir dazu in der Lage sein, auf die nächste Pandemie schnell zu reagieren. Ich hoffe, dass es für den wissenschaftlichen Nachwuchs in den nächsten Jahren viele Optionen geben wird, dies zu tun.



„Die aktuelle Pandemie hat gezeigt, wie wichtig virologische Grundlagenforschung ist. Vor einigen Jahren wurden Forschende, die sich mit ‚wenig relevanten Coronaviren‘ beschäftigten, belächelt. Doch ohne dieses Grundlagenwissen, hätten wir niemals so schnell Impfstoffe entwickeln können.“

Prof. Dr. Jens Bosse

Assoziierte Gruppe Quantitative und Molekulare Virologie

Gruppenleitung: Prof. Dr. Jens B. Bosse



„Viele virale Morphogeneseprozesse sind bisher nur durch indirekte Methoden untersucht worden. Wir können diese Prozesse in lebenden Zellen mit hochauflösender Lebendzellmikroskopie direkt beobachten und dann quantifizieren.“

Prof. Dr. Jens B. Bosse



CV Prof. Dr. Jens B. Bosse

- | | |
|-----------|---|
| Seit 2020 | Juniorprofessor für Quantitative Virologie, RESIST-Exzellenzcluster an der Medizinische Hochschule Hannover (MHH) am Centre for Structural Systems Biology (CSSB) & assoziiert am Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) |
| 2018-2020 | Leitung Lichtmikroskopie und Nikon Center of Excellence, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) |
| 2016-2020 | Leitung der Arbeitsgruppe <i>Quantitative Virologie</i> , Abteilung <i>Strukturelle Zellbiologie der Viren</i> , Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) |
| 2015-2016 | DFG Return Fellow, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) |
| 2011-2015 | Postdoktorand und DFG-Forschungsstipendiat, Abteilung Molekularbiologie, Princeton University, USA (Lynn W. Enquist) |
| 2008-2011 | Doktorand, Max von Pettenkofer-Institut: Gene Center, Ludwig-Maximilians-Universität München (Ulrich Koszinowski) |



Besonders nennenswerte Publikationen:

- Pfitzner S, Hofmann-Sieber H, Bosse JB, Franken LE, Grünwald K, Dobner T. Fluorescent protein tagging of adenoviral proteins pV and pIX reveals ‚late virion accumulation compartment‘. *PLoS Pathog.* 2020 Jun 25;16(6):e1008588.
- Wyler E, Franke V, Menegatti J, Kocks C, Boltengagen A, Praktiknjo S, Walch-Rückheim B, Bosse J, Rajewsky N, Grässer F, Akalin A, Landthaler M. Single-cell RNA-sequencing of herpes simplex virus 1-infected cells connects NRF2 activation to an antiviral program. *Nat Commun.* 2019 Oct 25;10(1):4878.



Preise/Auszeichnungen:

- Aufnahme von Felix Flomm in die Promotionsförderung der Studienstiftung des deutschen Volkes

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Herpesviren assemblieren in einer komplexen Reihenfolge von Morphogeneseereignissen, bei denen große makromolekulare Komplexe mit Wirtsmembranen interagieren. Fortschritte in strukturbioologischen Methoden erlauben es uns nun, diese Übergangszustände *in situ* zu charakterisieren. Leider bleiben die Kinetik und die Dynamik dieser Prozesse oft unerforscht, da große makromolekulare Komplexe schwer mit klassischen biochemischen Methoden aufzureinigen sind oder aber Einzelpartikel aufgelöst werden müssen, um die mannigfachen Übergangszustände zu charakterisieren. Aus diesen Gründen ist sehr wenig über die *in situ*-Dynamik und Kinetik von Assemblierungsintermediaten auf Einzelpartikelebene bekannt. Diese Informationen sind jedoch wichtig, um die Wirkung pharmakologischer Inhibitoren auf die Virusproduktivität mechanistisch zu verstehen.

Um diese Lücke zu schließen, entwickelt die Gruppe *Quantitative und Molekulare Virologie* an der Medizinischen Hochschule Hannover und dem CSSB, funktionelle Assays, um die Kinetik und Dynamik von viralen makromolekularen Komplexen in lebenden Zellen auf Einzelpartikelebene zu quantifizieren und mechanistisch zu beschreiben. Die Gruppe verwendet Lichtmikros-

kopie mit sehr hoher räumlicher und zeitlicher Auflösung und 3D-korrelative Licht- und Elektronenmikroskopie. Darüber hinaus schreibt sie Auswertesoftware zur Analyse großer Bilddatensätze.

Derzeit beschäftigt sich die Gruppe mit der Frage, wie die Assoziation und Dissoziation von Kapsiden mit Membranen reguliert wird. Zu diesem Zweck arbeitet sie eng mit Kolleginnen und Kollegen am HPI sowie mit internationalen Wellcome Trust Kooperationspartnern zusammen, indem sie kinetische Modelle in multimodale Modelle der Virusmorphogenese integriert. Die enge Verbindung des Forschungsteams mit der Technologieplattform *Mikroskopie und Bildanalyse* des HPI ermöglicht es auch, die technologische Entwicklung entlang biologischer Fragen voranzutreiben.

Synopsis of the scientific working field:

Herpesviruses assemble in a complex order of consecutive and convoluted morphogenesis events that involve large macromolecular complexes interacting with host-derived membranes. Advances in structural methods allow now to characterize these transitional states *in situ*. Unfortunately, the kinetics and dynamics of these processes often remain unstudied because purification for classical biochemis-



try usually disables the superstructures and ensemble assays lack resolution. For these reasons, very little is known about the *in situ* dynamics and kinetics of herpesvirus assembly intermediates at single-particle resolution. This information is, however, crucial to mechanistically understand the effect of pharmacological inhibitors on virus productivity.

To fill this gap, the group *Quantitative and Molecular Virology* at the MHH & the CSSB develops functional assays to quantify and mechanistically describe the kinetics and dynamics of viral macromolecular complexes in living cells at the single particle level. To this end, the group uses light microscopy with very high spatiotemporal resolution and develops novel imaging modalities. In addition, they create computational pipelines to analyze large image datasets.

Currently, the group is working on the question of how capsid-membrane association and dissociation is regulated. To this end, they cooperate closely with colleagues at the HPI as well as with international Wellcome Trust Collaborators by integrating kinetic models into multimodal frameworks of virus morphogenesis. The close association of the research team with the HPI's

microscopy core also allows them to drive technology development along biological questions.

Besondere Erfolge in den Jahren 2019 und 2020:

- Berufung als Juniorprofessor im Exzellenzcluster RESIST und Etablierung der Gruppe am CSSB.
- Mitwirkung an der Etablierung des Leibniz WissenschaftsCampus *InterACT*.
- Mitwirkung zur Förderung und Aufbau des Zeiss Lattice Light Sheet Mikroskops am CSSB.



Ausblick:

- Zusammen mit Dr. Charlotte Uetrecht und Dr. Susanne Pfefferle analysieren wir zurzeit den Verpackungsprozess von Coronaviren und nutzen dazu die Expertise, die wir mit Herpesviren etabliert haben. Weiterhin werden wir unsere Untersuchungen zum finalen Behüllungsprozess von Herpesviren mit einer weiteren Doktorandin verstärken. Auch arbeiten wir mit mehreren Kooperationspartnern in einer zukünftigen Forschungsgruppe zu viraler Transkription und Phasenseparation.

Mitarbeitende:

Nachwuchsgruppenleiter: Prof. Dr. Jens Bernhard Bosse

Wissenschaftler*innen: Dr. Timothy Soh

Promovierende: Enrico Caragliano, Felix Flomm, Alice Grün, Heidi Meissner, Saskia Sanders, Linda Wedemann





Technologie- plattformen

Exzellente Wissenschaft braucht hochmoderne Infrastrukturen: Technologien am HPI

In den Jahren 2019 und 2020 hat das HPI die vier Technologieplattformen *Durchflusszytometrie/FACS*, *Hochdurchsatz-Sequenzierung*, *Kleintiermodelle* sowie *Mikroskopie und Bildanalyse* weiter ausgebaut.

Die thematische und methodische Ausrichtung der Technologieplattformen bündelt die methodisch-technologischen Kernkompetenzen des Instituts und folgt konsequent den Entwicklungs- und Forschungszielen in den beiden Programmbereichen *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* und *Innovative Therapieansätze*. Als forschungsbasierte Dienstleistungseinheiten sind die Technologieplattformen mit den Abteilungen und Forschungsgruppen assoziiert.

Ausgestattet mit neuesten Technologien ermöglichen sie die ganzheitliche Untersuchung von Infektionsprozessen durch Hochdurchsatz-Sequenzierverfahren, bioinformatische Analysemethoden, BSL2/BSL3-Kleintierinfektionsmodelle und durch hochentwickelte Bildgebungs-Technologien über sämtliche Auflösungsstufen hinweg.

DURCHFLUSSZYTOMETRIE/FACS

Die Technologieplattform *Durchflusszytometrie/FACS* stellt die Infrastruktur zur Fluoreszenz-basierten Sortierung und Analyse von Zellen zur Verfügung (FACS, Fluorescence Activated Cell Sorting). Aktuell verfügt die Technologieplattform über vier Benchtop-Analysen und zwei High-End Sorter.

Für Analyse-Experimente im kleineren Maßstab stehen ein *FACS Canto I* mit bis zu sechs Parametern und ein *FACS Canto II* mit bis zu acht Parametern zur Verfügung. Für Multicolor-Experimente können zwei *LSR Fortessa* Geräte genutzt werden. Beide Analyse-Geräte sind jeweils mit 5 Lasern ausgestat-

tet, so dass mit diesen Geräten Messungen von 18 Parametern gleichzeitig möglich sind.

Daneben verfügt die Technologieplattform über ein *FACS Aria Fusion* mit fünf Lasern und 18 Parametern sowie über ein *FACS Fusion* mit vier Lasern und 17 Parametern. Die Besonderheit beim *FACS Fusion* ist der Aufstellungsort in einem Labor der Sicherheitsstufe S3** und die Ausstattung mit einer Sicherheitswerkbank der Schutzklasse 2, so dass mit diesem Gerät Analysen und Zell-Sortierungen von infektiösem Material möglich sind. Beide Zellsortierer bieten diverse Optionen wie die Auftrennung von Zellsuspensionen in bis zu vier Populationen, Einzelzellablagen in Mikrotiterplatten oder das Sortieren auf Objektträger.

HOCHDURCHSATZ-SEQUENZIERUNG

Die Technologieplattform *Hochdurchsatz-Sequenzierung* stellt Techniken und Personal für die Hochdurchsatz-Sequenzierung zur genetischen Untersuchung komplexer biologischer Systeme und Prozesse zur Verfügung. Die Technologie ermöglicht es, die genetischen Grundlagen komplexer Virus-Wirts-Wechselwirkungen zu analysieren, wie sie beispielsweise während der Etablierung chronischer Infektionen, der Adaptation von Viren an neue Wirte, der Entstehung von Resistenzen oder der Entwicklung von Virus-bedingten Krebserkrankungen eine Rolle spielen. Darüber hinaus können sowohl bekannte, als auch stark veränderte oder unbekannte Infektionserreger in klinischen Proben identifiziert werden.

Die hochmoderne Ausstattung der Technologieplattform umfasst (neben verschiedenen Geräten zur Messung und Qualitätsbestimmung von Nukleinsäuren) Sequenziergeräte von Illumina (*NextSeq 500* und *MiSeq*) und Oxford Nanopore (*MinION* und *GridION*), sowie einen *10x Chromium Controller* zur Sequenzierung auf Einzelzellebene. Das

Spektrum verfügbarer Geräte erlaubt es, diverse Fragestellungen flexibel und an die jeweiligen wissenschaftlichen und experimentellen Anforderungen in optimal angepasster Form bearbeiten zu können.

Mit einer Reihe hochperformanter Rack-Server und ca. 350 TB Datenspeicherkapazität besitzt die Technologieplattform zudem eine exzellente bioinformatische Infrastruktur zur Verarbeitung der Sequenzdaten.

KLEINTIERMODELLE

Die Technologieplattform *Kleintiermodelle* stellt die Infrastruktur und das Personal zur Verfügung, um virologische Grundlagen- und Therapieforschung am Kleintier (Maus, Hamster, Ratte und Meerschweinchen) zu planen und durchzuführen. Dabei wird strikt auf Tierschutz, die Sicherheit beim Arbeiten mit infektiösem Material sowie die Vorschriften in der Hygiene und in der Gentechnik geachtet. Für die tierexperimentellen Arbeiten stehen Labore der Sicherheitsstufe BSL2 sowie BSL3** und BSL3+ zur Verfügung, die ebenfalls unter den oben genannten Vorschriften geführt werden.

Neben der Gesundheitsüberwachung und Haltung der Zucht- und Versuchstiere unter Specific Pathogen Free (SPF) und FELASA-Bedingungen, gewährleistet die Plattform auch zentral die Beratung und Begutachtung von Tierversuchsanträgen. Des Weiteren werden Ressourcen zur histologischen Aufarbeitung der Tierversuche zur Verfügung gestellt. Die modernisierte Infrastruktur und methodische Kompetenz der Technologieplattform bildet die Basis für die in den Schwerpunktthemen definierten Zielsetzungen und unterstützt die Weiterentwicklung von Kleintiermodellen am HPI.

Seit 2018 ist das HPI erstmalig ermächtigt, die Ausbildung für die Fachtierärztin bzw. den Fachtierarzt bzw. alterna-

tiv den/die Fachwissenschaftler*in für Versuchstierkunde zu ermöglichen und kommt seit August 2020 auch seiner gesellschaftlichen Verpflichtung nach, Tierpfleger*innen für Klinik und Forschung auszubilden.

MIKROSKOPIE UND BILDANALYSE

Die Technologieplattform *Mikroskopie und Bildanalyse* nutzt unterschiedliche elektronenmikroskopische Techniken wie Kryopräparation, Transmissions- oder Environmental Scanning-Elektronenmikroskopie sowie innovative Licht- und Fluoreszenzmikroskopie zur Darstellung virusinfizierter Zell- und Gewebesysteme. Das Analysespektrum reicht von der strukturellen Aufklärung des Verlaufs der Viruspathogenese in intakten Zellen und Geweben bis hin zur *in situ* Darstellung dynamischer und molekularer Interaktionen zwischen Viruskomponenten und zellulären Makromolekülen.

Die Technologieplattform ist Teil der Forschungsabteilung *Strukturelle Zellbiologie der Viren* und ergänzt gezielt methodisch und thematisch den struktur- und systembiologischen Forschungsschwerpunkt des Forschungsverbundes CSSB (Centre for Structural Systems Biology). Die Technologieplattform fungiert als zentrale Einrichtung für Elektronenmikroskopie im Leibniz Center Infection und ist integraler Bestandteil des Leibniz-WissenschaftsCampus *InterACT*. Zugleich ist das *Nikon Center of Excellence for Integrative Microscopy* in der Technologieplattform angesiedelt, einem von weltweit nur 30 Nikon-Exzellenzzentren. Zudem ist die Technologieplattform gleichzeitig auch Jeol-Referenzlabor für 3D-Serienschnitt-Rasterelektronenmikroskopie.

Ansprechpartner*innen:

DURCHFLUSSZYTOMETRIE/FACS

Dipl. Ing. Biotech. (FH) Arne Düsedau

Tel.: 040/48051-377

E-Mail: arne.duesedau@leibniz-hpi.de

Weiterer Kontakt:

Prof. Dr. Marcus Altfeld

Tel.: 040/48051-221

E-Mail: marcus.altfeld@leibniz-hpi.de

HOCHDURCHSATZ-SEQUENZIERUNG

Dr. Daniela Indenbirken

Tel.: 040/48051-376

E-Mail: NGS@leibniz-hpi.de

Weiterer Kontakt:

Prof. Dr. Adam Grundhoff

Tel.: 040/48051-275

E-Mail: adam.grundhoff@leibniz-hpi.de

KLEINTIERMODELLE

Dr. Oliver Strauch

Tel.: 040/48051-231

E-Mail: oliver.strauch@leibniz-hpi.de

MIKROSKOPIE UND BILDANALYSE

Ansprechpartner Elektronenmikroskopie:

Dr. Rudolph Reimer

Tel.: 040/48051-254

E-Mail: rudolph.reimer@leibniz-hpi.de

Ansprechpartner Lichtmikroskopie:

Dr. Roland Thünauer

Tel.: 040/48051-273

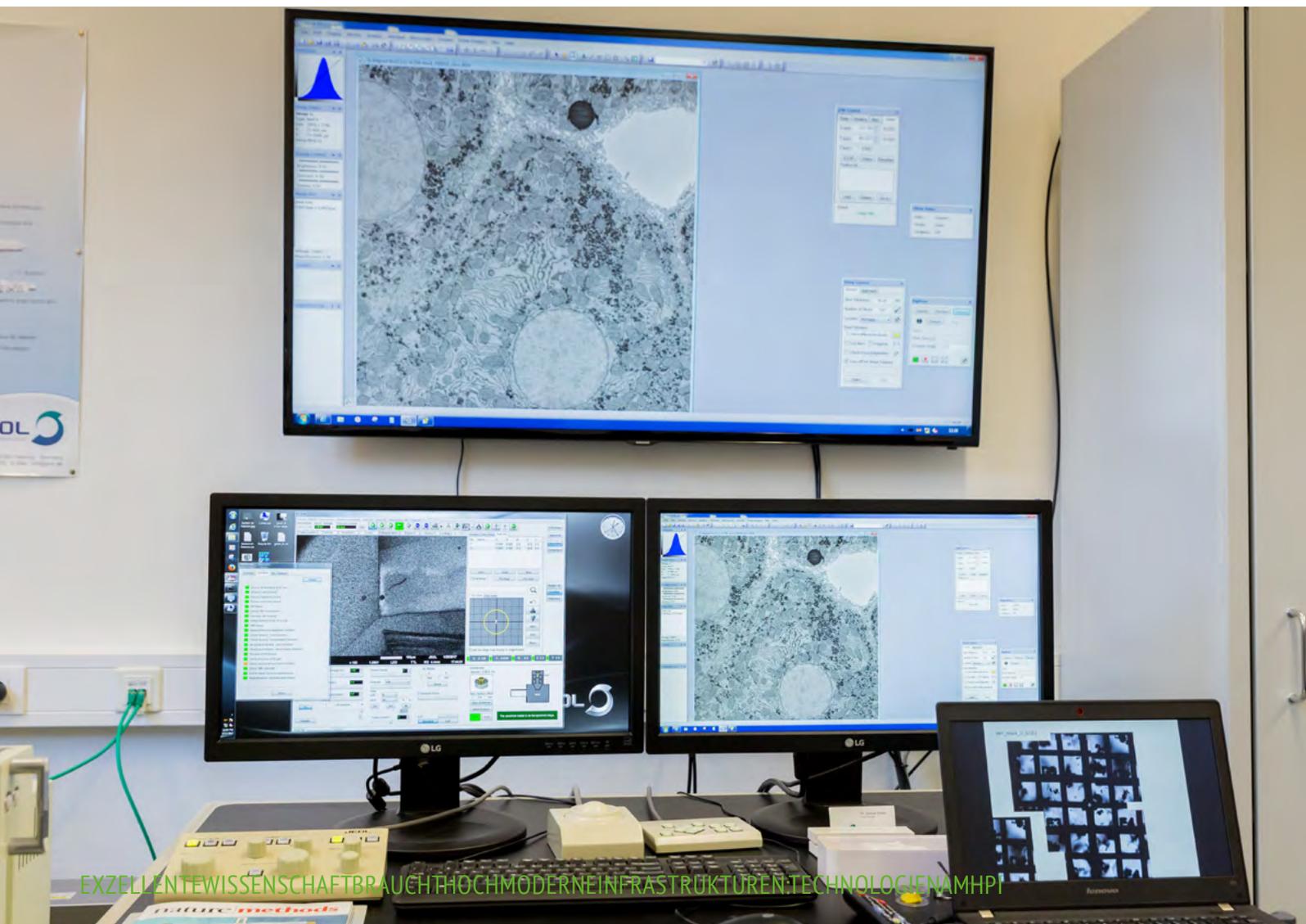
E-Mail: roland.thuenauer@leibniz-hpi.de

Weiterer Kontakt:

Prof. Dr. Kay Grünewald

Tel.: 040/48051-268 & 040/8998-87700

E-Mail: kay.gruenewald@leibniz-hpi.de





**Nachwuchs-
förderung**

Fragen an ... den wissenschaftlichen Nachwuchs

Am HPI werden jährlich die Sprecherinnen und Sprecher der Doktoranden sowie der Postdoktoranden gewählt. Sie repräsentieren und vertreten die Belange und Wünsche der Promovierenden beim Vorstand und im Kollegium. Irke Waßmann und Sébastien Brias sind seit 2020 als Doktorandensprecherin und -sprecher tätig. Ebenfalls seit 2020 besteht mit Dr. Annika Niehrs, Dr. Boris Krichel und Dr. Timothy Soh ein Dreierteam für die Vertretung der Postdoktoranden.

Warum seid ihr Postdoktoranden- bzw. Doktorandensprecher*innen geworden?

Boris Krichel: Postdoktoranden können eine Reihe von Expertise- und Karrierezielen haben, aber auch Fähigkeiten oder Kenntnisse vermissen, die für ihre Zukunftspläne notwendig sind. Als ihre Vertretung können wir ihnen helfen, diese Fähigkeiten und Erfahrungen durch Kurse und Veranstaltungen zu erwerben. Diese Position bietet uns auch die Möglichkeit, die Anliegen der Postdoktoranden gegenüber dem Vorstand vorzubringen.

Tim Soh: Das HPI ist innerhalb der letzten Jahre stark gewachsen und ist nun auch am CSSB, dem Centre for Structural Systems Biology auf dem Campus in Hamburg-Bahrenfeld, vertreten. Deshalb ergab es Sinn für uns, auch für die Postdoktoranden am HPI mehr Vertreter zu haben. So können wir das Arbeitspensum aufteilen und effizienter arbeiten.

Irke Waßmann: Das Amt der Doktorandensprecherin ist eine gute Gelegenheit, mit anderen Doktorandinnen und Doktoranden, aber auch mit anderen Forschenden und Mitgliedern des HPI in Kontakt zu treten. Generell würde ich gerne einen Einblick in die Strukturen des Instituts bekommen, da ich denke, dass dies eine wichtige Erfahrung ist, wenn man Teil eines wissenschaftlichen Netzwerks ist.

Sébastien Brias: Ich möchte am Leben des HPI beteiligt sein, weil es mir wichtig ist, mein Arbeitsumfeld zu verbessern und ein besseres Verständnis dafür zu bekommen. Dies ist auch eine großartige Gelegenheit, völlig andere Kommunikations- und Organisationsfähigkeiten als bei meiner Doktorarbeit zu trainieren.

Was genau sind eure Aufgabengebiete?

Annika Niehrs: Wir organisieren eine Reihe von jährlichen Veranstaltungen, wie ein wissenschaftliches Retreat, einen Karrieretag und Soft-Skill-Kurse. Darüber hinaus fungieren wir als Ansprechpartner für Anliegen der Postdoktoranden und als Informationsquelle für Veränderungen und Ereignisse am Institut.

Irke Waßmann: Als Doktorandenvertreter ist es unsere Aufgabe Soft-Skill-Kurse und Veranstaltungen wie den Career Day oder den PhD- und Postdoktoranden-Retreat zu organisieren. Dort können Doktoranden und Postdoktoranden ihre Fähigkeiten trainieren, in den wissenschaftlichen Austausch mit anderen treten und neue Perspektiven für ihre weitere Karriere entdecken. Wir sind außerdem Teil des Kollegiums und des Promotionsbeirates, wo wir die Interessen der Doktoranden vertreten.

Was war bisher Euer größter Erfolg, auf welche Leistungen als Vertretung des wissenschaftlichen Nachwuchses am HPI seid Ihr besonders stolz?

Boris Krichel: Aufgrund der Pandemie wurden die ursprünglich geplanten Jahresveranstaltungen für 2020 abgesagt. Wir konnten jedoch erfolgreich Online-Retreats und -Kurse abhalten. Expertinnen und Experten informierten uns über Wissenschaftskommunikation, Wissenschaftsphilosophie und das kritische Denken in der Wissenschaft in Bezug auf Verschwörungstheorien, was alles zu tollen Diskussionen im Anschluss führte.



„Das HPI ist ein vielseitiges und internationales Institut, das unter anderem durch seine verschiedenen Technologieplattformen und Kollaborationen vielseitige Möglichkeiten bietet. Zudem schafft das strukturierte Programm der Graduiertenschule eine gute Grundlage für die Ausbildung junger Wissenschaftler.“

Irke Waßmann,
Doktorandensprecherin



„Das HPI bietet eine Reihe von fortschrittlichen Technologien an einem einzigen Institut. Kombiniert mit der Bandbreite an Expertise, die sich auf virale Prozesse konzentriert, ist dies ein exzellenter Forschungsstandort, um fundamentale und translationale biologische Fragestellungen zu adressieren. Darüber hinaus ist das HPI Teil des Leibniz-Netzwerks und hat starke Kooperationen mit dem CSSB, BNITM und FZB, was einen noch breiteren Zugang zu Technologien und Wissen ermöglicht.“

Dr. Tim Soh,
Postdoktorandensprecher

Sébastien Brias: Besonders wichtig war uns dabei, dass trotz des virtuellen Formats und der aktuellen Pandemie der Austausch und Zusammenhalt untereinander sowie die Kommunikation zwischen den Doktoranden und Postdoktoranden gefördert wird.

Questions for... the young scientific generation

At HPI, the spokespersons of the PhD students and the postdocs are elected annually. They represent and advocate the concerns and wishes of the PhD students to the Board of Directors and the Scientific Council. Irke Waßmann and Sébastien Brias have served as PhD student spokespersons since 2020. Also since 2020, Dr. Annika Niehrs, Dr. Boris Krichel and Dr. Timothy Soh have been a team of three to represent the postdocs.



Postdoktoranden-Sprechende



“HPI is a versatile and international institute that offers a wide range of opportunities, including its various technology platforms and collaborations. In addition, the structured program of the graduate school creates a good basis for the training of young scientists.”

Irke Waßmann,
PhD representative



“The HPI provides a number of advanced technologies at a single institute. Combined with the range of expertise focused on viral processes, this is an excellent research site to address fundamental and translational biological questions. In addition, the HPI is part of the Leibniz Association and has strong collaborations with the CSSB, BNITM and FZB, which allows an even broader access to technologies and knowledge.”

Dr. Tim Soh,
Postdoc representative

Why did you become speaker of postdocs or PhD students?

Boris Krichel: Postdocs can have a range of expertise and career goals but also be missing skills or knowledge necessary for their future plans. As representatives, we can help them gain these abilities and experiences through courses and events. This position also provides us with an opportunity to present the concerns of the postdocs to the Board of Directors.

Tim Soh: Since the HPI grew so much over the past few years and is now also represented at the CSSB (Centre for Structural Systems Biology), it made sense to also have a diverse representation among the postdoc representatives. The advantage is that we can share the workload and thus be more efficient.

Irke Waßmann: Becoming a PhD representative is of course a good opportunity to get in contact with other PhD students, but also with other scientists and members of the HPI. In general, I would like to get an insight into the structures of the institute as I think this is an important experience when you are part of a scientific network.

Sébastien Brias: I want to be involved in the life of the HPI because improving my working environment and having a better understanding of it is important to me. This is also a great opportunity to train communication and organizational skills on a way that is totally different from my PhD.

What exactly are your responsibilities?

Annika Niehrs: We organize a number of annual events such as a scientific retreat, a career day, and soft skill courses.

In addition, we act as a point of contact for concerns of the community and a source of information regarding changes and events at the institute.

Irke Waßmann: As PhD representatives, it is our task to organize soft skill courses and events such as the Career Day or the PhD and Postdoc Retreat. There, PhD and postdoctoral students can train their skills, engage in scientific exchange with others and discover new perspectives for their further career. We are also part of the Scientific Council and the PhD Advisory Board, where we represent the interests of the PhD students.

What has been your greatest success so far, what achievements as postdoc representatives are you particularly proud of?

Boris Krichel: Due to the pandemic, the originally planned annual events for 2020 were cancelled. However, we were able to successfully hold online retreats and courses. Experts in their field taught us about science communication, philosophy of science and the critical thinking in science regarding conspiracy theories, which all lead to great discussions afterwards.

Sébastien Brias: It was especially important to us that despite the virtual format and the current pandemic, the exchange and cohesion among each other as well as the communication between the PhD students and postdocs is promoted.



Nachwuchsförderung am HPI

Die Förderung und Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses nehmen am HPI eine zentrale Rolle ein. Neben der Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses, die sich in strukturierte Doktorandenausbildung, LCI-Graduiertenschule und der Förderung von Postdoktorandinnen und -doktoranden gliedert, bietet die Kaufmännische Abteilung des HPI die Möglichkeit einer Ausbildung zur Bürokauffrau bzw. zum Bürokaufmann.

HPI-Graduiertenschule

Die Promovierenden am HPI sind in eine strukturierte Doktorandenausbildung mit verbindlichen Promotionsrichtlinien eingebunden. Das dreijährige Ausbildungsprogramm des HPI ergänzt die Promotionsordnung der Universität Hamburg und schafft Rahmenbedingungen für selbstständiges, betreutes und planbares Arbeiten. Die regelmäßige Teilnahme am Doktorandencurriculum sowie dem *HPI Tuesday Seminar*, dem gemeinsamen Seminar der Doktoranden und Postdoktoranden jeden Dienstagmorgen, gilt ebenso als obligatorisch wie protokollierte Treffen mit den Betreuenden, die Dokumentation des Fortgangs der Doktorarbeit und die regelmäßige Präsentation eines Zwischenberichts der eigenen Forschungsarbeit im *HPI Tuesday Seminar*. Ergänzend treffen sich die Promovierenden zu selbstorganisierten, monatlichen Methodenseminaren, im zweijährigen Turnus zu einem Doktoranden-Retreat und sie nehmen an *Soft Skill*-Kursen, etwa zur Förderung von Kommunikationskompetenzen oder als Bewerbungstraining, teil. Während der Pandemie fand ein großer Teil dieser Veranstaltungen online statt.

Die HPI-Graduiertenschule ist zusätzlich Mitglied der MINGS, der Graduiertenschule der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften (MIN) der Universität Hamburg. Dort werden den Promovierenden weitere Informationen und Services angeboten.

LCI-Graduiertenschule

Neben der eigenen strukturierten Doktorandenausbildung (HPI-Graduiertenschule) ist das HPI auch Ausbildungspartner in der Leibniz-Graduiertenschule *Infection* des Forschungsverbundes Leibniz Center In-

fection (LCI). Den Stipendiaten wird neben einem interdisziplinären Lehr- und Ausbildungsprogramm in der Infektiologie die Möglichkeit geboten, sich mit hochaktuellen und bedeutenden Problemen der Infektionsforschung zu befassen.

Die Graduiertenausbildung startete 2009 und wurde im Sommer 2012 durch die drei Leibniz-Institute des LCI (BNITM, FZB und HPI) verstetigt. Die durch ein kompetitives Verfahren ausgewählten Forschungsprojekte basieren auf der engen wissenschaftlichen Kooperation jeweils zweier LCI-Institute und werden dabei gemeinsam von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern beider beteiligter Institute betreut.

Förderung von Postdoktoranden

Neben der Strukturierung und Qualitätssicherung in der Graduiertenausbildung sieht das HPI einen gesteigerten Bedarf der gezielten Förderung von Nachwuchskräften in der Zeit nach der Promotion. Das Institut stellt den Postdoktorandinnen und Postdoktoranden ein Budget für zweijährliche *Soft Skill*-Kurse zur Verfügung und unterstützt die Einladung eigener Seminargäste im Rahmen des Institutsseminars.

Das *HPI Tuesday Seminar* gibt allen Postdoktoranden und Doktoranden in regelmäßigen Abständen die Möglichkeit, ihre Forschungsprojekte vorzustellen und zu diskutieren. Dies dient nicht nur der Wissensvermittlung, sondern stärkt auch den Austausch zwischen den einzelnen Institutsgruppen sowie den Postdoktoranden und Doktoranden.

Zudem unterstützt das HPI seine Postdoktorandinnen bei der Bewerbung für das *Leibniz-Mentorinnen-Programm*.



„Nachwuchsförderung ist einfach spannend: Es ist zum einen unsere Aufgabe als Professorinnen und Professoren, aber es ist auch etwas, das mir persönlich viel Spaß macht.“

Prof. Dr. Marcus Altfeld



„Forschung im akademischen Umfeld ist generell ein großes Privileg eigenverantwortlich, systematisch und hypothesengetrieben nach neuen Erkenntnissen zu suchen - etwas Neues zu entdecken, das im Idealfall für die Gesellschaft von nachhaltiger Bedeutung ist. Dazu bedarf es eines hohen Maßes an Neugierde, Eigeninitiative und Frustrationstoleranz. Warum in diesem Zusammenhang Virusforschung so interessant und attraktiv ist, zeigt exemplarisch die Coronapandemie. Grundlagen- und anwendungsorientierte Forschung an humanpathogenen Viren generiert Wissen über die Biologie, Transmission und Pathogenese (humanpathogener) Viren, was schließlich die Grundlage für die Entwicklung neuer Therapien und Impfstoffe bildet.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

Nationalitäten des wissenschaftlichen Nachwuchses am HPI

Stand Ende 2020



Europa: 13

Deutschland, Finnland, Frankreich, Großbritannien, Island, Italien, Niederlande, Österreich, Schweiz, Spanien, Tschechien, Türkei, Ukraine

Weltweit: 22



Nordamerika: 1

Kanada



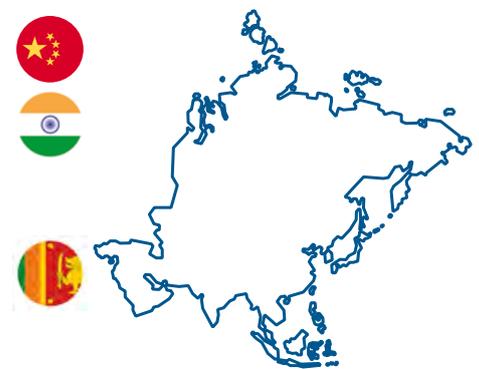
Südamerika: 2

Brasilien, Peru



Afrika: 2

Gabun, Südafrika



Asien: 4

China (inkl. Tibet), Indien (inkl. Sikkim und Goa), Indonesien (inkl. Irian Jaya), Sri Lanka



A close-up photograph of a clear plastic cup filled with various colored markers. The markers are in shades of blue, green, purple, black, red, yellow, and orange. The cup is placed on a white surface, and there are colorful papers (pink, green, blue) scattered around it. In the background, a whiteboard with some colorful markings is visible. A green banner with the word 'Gleichstellung' in white text is overlaid at the bottom of the image.

Gleichstellung

Fragen an ... die HPI-Gleichstellungsbeauftragten

Michaela Bockelmann arbeitet als Technische Assistentin in der Abteilung Virus-Wirt-Interaktion unter der Leitung von Prof. Wolfram Brune. Seit Mai 2021 vertritt sie als Gleichstellungsbeauftragte Ronja Pogan in deren Elternzeit. Stellvertretende Gleichstellungsbeauftragte ist seit Mitte 2020 Katharina Kemps, welche am HPI im Einkauf tätig ist und Julia Lockhauser-Bäumer in ihrer Elternzeit vertritt.

Warum ist es (besonders in der Forschung) wichtig, sich für die Gleichstellung von Mann und Frau sowie für die Vereinbarkeit von Familie und Beruf einzusetzen? Wie wird dies am HPI umgesetzt?

HPI-Gleichstellungsteam: Die Forschung ist ein unberechenbares Arbeitsfeld, welches sich stetig weiterentwickelt und sehr intensives Arbeiten zu zum Teil unkonventionellen Arbeitszeiten verlangt. Um dem gerecht zu werden, ist es sehr wichtig, dass alle Geschlechter gleichermaßen unterstützt werden, und die Familie neben dem Beruf nicht zu kurz kommt. Die Vereinbarkeit von Familie und Beruf wird von uns geschlechtsunabhängig durch den Eltern-Kind-Raum, der *Helping-Hand* oder auch einer Möglichkeit der digitalen Kinderbetreuung, *voio*, sichergestellt.

voio

Frauen sind in wissenschaftlichen Führungspositionen immer noch in der Minderheit. Was kann man tun, um das zu ändern?

HPI-Gleichstellungsteam: Einerseits ist es wichtig, dass Frauen auf Mentoring-Programme, wie zum Beispiel das *dynaMENT*-Programm, aufmerksam gemacht werden, sodass sie gezielt und frühzeitig Unterstützung erhalten. Andererseits muss die Vereinbarkeit von Familie und Beruf sichergestellt werden, damit dies keine Hürde darstellt.

Der Begriff „Vielfalt“ ist ja momentan in aller Munde: Was bedeutet er für das HPI?

HPI-Gleichstellungsteam: Wir am HPI leben den Begriff „Vielfalt“ insbesondere in Bezug auf Gender, Alter, Herkunft, Religion und Menschen mit und ohne Behinderung. Für uns ist die Chancengleichheit aller Menschen von äußerster Priorität und wird auch weiterhin konsequent verfolgt.

Die Gleichstellung beinhaltet ja nicht nur die Gleichstellung von Frau und Mann, sondern die Gleichstellung aller Geschlechter und die Förderung der Diversität. In diesem Bereich kann noch mehr Arbeit geleistet werden, beispielsweise durch Schulungen der Mitarbeitenden, um unbewusste Diskriminierungen zu verhindern.



„Um am HPI den Frauenanteil in wissenschaftlichen Führungspositionen zu erhöhen, wird auf aktives Scouting von herausragenden Wissenschaftlerinnen gesetzt.“

Michaela Bockelmann & Katharina Kemps



„Gleichstellung bedeutet für uns in erster Linie die Gleichstellung aller Geschlechter, die Förderung der Vereinbarkeit von Familie und Beruf und die damit verbundene *Work-Life-Balance*. Als junges, dynamisches Team möchten wir die veraltete Rollenaufteilung aufbrechen und Frauen und Mütter aktiv in ihrer Karriere unterstützen sowie den Männern und Vätern den Weg erleichtern, sich intensiver um ihre Familie kümmern zu können.“

Michaela Bockelmann & Katharina Kemps



„Für ein Forschungsinstitut wie das HPI ist Vielfalt unverzichtbar: Unsere Wissenschaft lebt von den Menschen, die hier tätig sind. Sie stammen aus zahlreichen Nationen, sprechen unterschiedliche Sprachen und haben doch das gemeinsame Ziel, Forschung zu betreiben und neue Erkenntnisse zu Tage zu fördern. Um ihr Potenzial voll auszuschöpfen, brauchen Menschen Wertschätzung. So kann Vielfalt gedeihen und wird zu einem wichtigen Erfolgsfaktor.“

Katja Linke, Administrative Direktorin



„Für mich bedeutet das Wort ‚Vielfalt‘ zum einen, die Gleichstellung der Geschlechter, aber in erster Linie auch Internationalität. Ein Forschungsinstitut wie das HPI lebt nur dann wirklich und geht proaktiv nach vorne, wenn es international besetzt ist: Also mit möglichst vielen verschiedenen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern aus verschiedenen Kontinenten, Sprachen und Religionen. Dazu gehören natürlich auch Menschen mit Behinderung.“

Prof. Dr. Thomas Dobner

Chancengleichheit & Familienfreundlichkeit am HPI



„Gleichberechtigung in Führungspositionen zu schaffen, bleibt eine sehr wichtige Aufgabe unserer Gesellschaft. Hierfür braucht es meines Erachtens Vorbilder und eine Identifikation mit dem Thema auf allen Hierarchieebenen. Ich bin froh, dass im HPI in den vergangenen Jahren für die Umsetzung der Gleichstellungsthemen immer eine offene Atmosphäre und sehr positive Grundeinstellung vorzufinden war.“



Katharina Kemps und Michaela Bockelmann
(Gleichstellungsbeauftragte am HPI)

Das HPI tritt aktiv für die Chancengleichheit von Frauen und Männern am Arbeitsplatz ein und sieht sich der Umsetzung und Weiterentwicklung der Vereinbarkeit von Familie und Beruf in Wissenschaft und Forschung verpflichtet. Zur Rekrutierung der besten Köpfe schafft das HPI eine familienfreundliche Arbeitsumgebung und nutzt konsequent die Chancen der Gleichstellungsarbeit.

Der HPI-Gleichstellungsplan existiert seit 2009 und wird seitdem regelmäßig überarbeitet. Er dient als Indikator für nachhaltige, innovative und zielorientierte Maßnahmen zur Gleichstellung von Frauen und Männern am HPI als Arbeitsplatz.

Die Gleichstellungsbeauftragten des HPI beraten die Mitarbeitenden bei Fragen und Problemen. Außerdem bieten sie beratende Unterstützung, zum Beispiel im Fall einer Benachteiligung oder Diskriminierung, bei Konflikten, Mobbing, sexueller Belästigung oder Diskriminierung. Grundlage hierfür sind das Allgemeine Gleichbehandlungsgesetz (AGG) sowie das Bundesgleichstellungsgesetz (BGleG).

Zusätzlich bietet das HPI, initiiert durch die Gleichstellungsbeauftragte und den Vorstand des Instituts, eine kostenlose psychosoziale Beratung an.

In Kooperation mit dem Notmutterdienst, Familien- und Seniorenhilfe e.V. stellt das HPI zudem individuelle Betreuungslösungen für Kinder von Mitarbeitenden zur Verfügung, wenn die eigene Kinderbetreuung durch Kita, Schule, Familie und Bekannte ausfällt.

Zudem gibt es am Institut ein *Helping Hand*-Programm, welches insbesondere diejenigen Nachwuchswissenschaftlerinnen und -wissenschaftler gezielt unterstützt, die aufgrund familiärer Ver-

Katja Linke, Administrative Direktorin

pflungen ihre Projektarbeiten vorübergehend nur eingeschränkt oder gar nicht durchführen können. Ziel dieses Programmes ist es, die Stagnation laufender Projekte zu vermeiden und die Zeit des Wiedereinstiegs zu erleichtern oder zu verkürzen.

Das HPI ist Träger des Prädikats *TOTAL E-QUALITY* mit dem *Add-On Diversity*, einer Auszeichnung für den Einsatz auf dem Gebiet der Chancengleichheit und der Vereinbarkeit von Beruf und Familie.

Zudem hat das HPI die *Charta der Vielfalt* unterzeichnet, eine Unternehmensinitiative zur Förderung von Vielfalt in Unternehmen und Institutionen.

Dem HPI ist es ein großes Anliegen, seinen Mitarbeitenden größtmögliche Flexibilität zu ermöglichen und die Vereinbarkeit von Familie und Beruf zusätzlich zu unterstützen. Daher hat das Institut Anfang 2021 mit der *voio GmbH* eine Kooperation geschlossen - einem Unternehmen, das Veranstaltungen, Betreuungsangebote und Expertenberatung für Familien anbietet. HPI-Mitarbeitende können darüber sowohl virtuelle als auch offline stattfindende Betreuungsangebote für ihre Kinder und Enkelkinder buchen. Es gibt die Möglichkeit, aus verschiedenen Angeboten für Schulkinder ab 5 Jahren und Jugendliche auszuwählen. Zusätzlich sind dort diverse Coaching- und Beratungsangebote für Eltern zu finden.

HPI-Gleichstellungsbeauftragte:

Michaela Bockelmann
040/48051-354
michaela.bockelmann@leibniz-hpi.de

Stellvertretende HPI-Gleichstellungsbeauftragte:

Katharina Kemps
Tel.: 040/48051-347/-132
katharina.kemps@leibniz-hpi.de



A vertical stack of several books is shown against a light background. The books have white and light blue covers. A green rectangular banner is overlaid on the lower portion of the stack, containing the word 'Verwaltung' in white, bold, sans-serif font.

Verwaltung

Drei Fragen an ... die Administrative Direktorin des HPI

Als Administrative Direktorin am HPI ist Katja Linke dafür verantwortlich, dass alle Einheiten des HPI erfolgreich zusammenarbeiten und das Institut in seiner Entwicklung weiter vorangebracht wird. Alle HPI-Mitarbeitenden der Technischen Dienste sowie der Kaufmännischen Abteilung sind der Administrativen Direktorin direkt unterstellt.

Wozu benötigt eine Forschungseinrichtung wie das HPI eine gut aufgestellte Administration?

Katja Linke: Die Administration ist die Basis dafür, dass exzellente Forschungsarbeit erbracht werden kann. Mit unseren Dienstleistungen unterstützen wir die Wissenschaftler*innen, sodass sich diese voll und ganz auf ihre Forschungen konzentrieren können. Ohne eine gute Administration kann auch die Wissenschaft langfristig nicht erfolgreich sein.

Ein Blick zurück auf die letzten beiden Institutsjahre: Auf was sind Sie besonders stolz? Gibt es etwas, an das Sie gerne zurückdenken?

Katja Linke: Zunächst einmal freue ich mich, dass wir die Evaluierung durch den Senat der Leibniz-Gemeinschaft im letzten Jahr erfolgreich durchgeführt haben und mit einem sehr guten Ergebnis abschließen konnten. Dies bestätigt eindrucksvoll unsere Leistungen in den letzten Jahren und zeigt, dass wir den richtigen Weg eingeschlagen haben.

Gleichzeitig hat uns die Corona-Pandemie letztes Jahr vor große Herausforderungen gestellt. Als Institut haben wir die Situation sehr gut gemeistert. Mein Dank gilt dabei besonders allen Mitarbeitenden in der Administration und den wissenschaftsunterstützenden Bereichen, die in Zeiten, in denen der Betrieb pandemiebedingt heruntergefahren werden musste, zusätzliche Herausforderungen bewältigen mussten.



Katja Linke, Administrative Direktorin am HPI

Worin liegen die zukünftigen Herausforderungen für den administrativen Bereich des Instituts?

Katja Linke: Als ein Institut, das in den letzten Jahren stark gewachsen ist und mit unseren Gruppen am CSSB mittlerweile zwei Standorte hat, müssen sich auch unsere bisherigen Prozesse einem Erneuerungsprozess stellen. Ich würde mir wünschen, dass wir noch agiler und digitaler werden. Dies ist allerdings kein einfacher Prozess: Um einen solchen Wandel herbeizuführen, müssen Wissenschaft und Administration eng zusammenarbeiten und die Themen gemeinsam angehen.

Ein produktiver Wissenschaftsapparat braucht eine starke Verwaltung – die Kaufmännische Abteilung & Technischen Dienste am HPI



Dr. Franziska Ahnert-Michel, Presse- und Öffentlichkeitsarbeit



Das HPI-Vorstandsreferat: Dr. Frauke Adamla & Dr. Dorothea Pieper (Aufnahme von 2019)

Die Verwaltung am HPI gliedert sich in folgende Bereiche:

Einkauf

Der Einkauf ist unterteilt in die Arbeitsgebiete Warenannahme, Investitionen/Technik und Verbrauchsmaterialbeschaffung. In enger Koordination mit der Technik und den wissenschaftlichen Abteilungen wird die Bedarfsermittlung und -analyse realisiert. Die Lieferantenauswahl und Einkaufsabwicklung wird dagegen primär vom Einkauf gesteuert. Durch Rahmenverträge und dem Ausschöpfen von Marktvorteilen obliegt es dem Einkauf, die Erfolgsfaktoren Qualität, Preis und Schnelligkeit im Einkaufsprozess und bei den zu beschaffenen Produkten und Dienstleistungen zu optimieren.

Finanz- und Rechnungswesen

Die Haushaltsplanung, der Haushaltsvollzug und das Haushaltscontrolling bilden die Schwerpunkte der Arbeit des Finanz- und Rechnungswesens. Durch die Einführung von Programmbudgets werden monetäre Zielgrößen durch Leistungsparameter der wissenschaftlichen Abteilungen verknüpft, so dass eine Output-orientierte Steuerung realisiert werden kann. Darüber hinaus wird ein kaufmännischer Jahresabschluss mit einer kompletten Anlagenbuchhaltung durchgeführt. Zusätzlich wird die Administration der umfangreichen Drittmittel im Finanz- und Rechnungswesen verantwortet. Hinzu kommt, dass die finanztechnische Abwicklung umfangreicher Baumaßnahmen gesteuert und gebucht wird.

Labor- und Sterilgut

Die Laborhelferinnen am HPI sind wichtige Akteurinnen für die Gewährleistung einer mikrobiologisch reinen und keimfreien Arbeit in den Laboren des Instituts. Neben der Reinigung der La-

bormaterialien, bedienen sie moderne Maschinen wie Autoklaven, diverse Spülmaschinen und Sterilisatoren, um den wissenschaftlichen Organisationseinheiten die Materialien für Versuche sauber und steril zur Verfügung zu stellen. Auf diese Weise werden Verunreinigungen der Gerätschaften beseitigt und vermieden. Eine weitere wichtige Aufgabe ist die vorschriftsmäßige und nachhaltige Vernichtung von Bakterien, Viren und nicht mehr benötigten Versuchsutensilien, die strengen Richtlinien unterliegt.

Personal

Der Personalbereich betreut die Beschäftigten, Gastwissenschaftlerinnen und Gastwissenschaftler sowie die hauseigenen Versorgungsempfängerinnen und -empfänger. Mit Dienstleistungen von A wie Altersteilzeit bis Z wie Zeiterfassung werden alle klassischen Arbeitsgebiete der Personalwirtschaft innerbetrieblich abgedeckt. Dabei wird das HPI durch den externen Dienstleister *sdworx* unterstützt. Die tarifliche Arbeitsgrundlage bildet der Tarifvertrag der Arbeitsrechtlichen Vereinigung Hamburg e. V. (TV-AVH), der eng an den TVöD angelehnt ist.

Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Aufgabe der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit am HPI ist die interne und externe Kommunikation. Dazu zählen das regelmäßige Herausgeben des Instituts-Newsletters (HPI Aktuell und HPI Intern) und des Tätigkeitsberichtes, das Verfassen von Pressemitteilungen, der Kontakt zu den Medien, die Organisation von internen und externen Veranstaltungen (Podiumsdiskussionen, Symposien, Kongresse, Pressekonferenzen, Schulbesuche, Nacht des Wissens), die Veröffentlichung von Informationsmaterialien (Flyer, Poster) sowie die Betreuung der Webseite

(www.hpi-hamburg.de) und der sozialen Medienkanäle (Facebook, Instagram, Twitter und LinkedIn).

Technische Dienste

Die Wartung und Instandhaltung der hochmodernen Labor- und Haustechnik bilden den Schwerpunkt des Facility Managements. Gemeinsam betreuen die Mitarbeitenden der Technischen Dienste die Kälte- und Klimaanlage und regeln die Zu- und Abluft in den Laboren sowie in weiteren Räumlichkeiten des HPI. Zudem kümmert sich

das Team um die zwei Heizkessel des Instituts und das Blockheizkraftwerk, die Instandhaltung der zwei Notdiesel, die Entsalzungs- und Enthärtungsanlagen für die Wasseraufbereitung und die zwei Trafos inkl. Mittel- und Niederspannungsstationen, die das gesamte Institut mit Strom versorgen. Hinzu kommen die Pflege und der Werterhalt der Gebäude und der Außenanlage. Die Störungsbeseitigung der technischen Anlagen erfolgt einerseits in Eigenregie und andererseits durch externe Dienstleister.



Ute Müller, HPI-Empfang



Anja Stockebrandt, HPI-Empfang

Mitarbeitende:

Administrative Direktorin: Katja Linke

Vorstandsassistentin: Dipl. Business Ass. Jacqueline Guillocheau

Vorstandsreferentinnen: Dr. Dorothea Pieper, Dr. Frauke Adamla

Einkauf: Patrick Thurau (Teamleitung Einkauf/Empfang), André Greuelsberg, Katharina Kemps, Nina Salvia, Jennifer Schütte

Finanz- und Rechnungswesen: Meike Alisch (Teamleitung Finanzen), B.A. Ahmad Almerie, Dipl. Wirt. Ing. (FH) Silvia Bräu, Fri Dessy, Kamila Keinke, Helena Kuhn, Eucharía Onuoha, Joanna Reimers

Personal: Jana Horn, Anke Metzger

Presse & Öffentlichkeitsarbeit: Dr. Franziska Ahnert-Michel

Labor/Laborküche: Brankica Krstic (Teamleitung Labor- und Sterilgut), Svetlana Dragicevic-Slmacamanac, Monika Müller, Dorothee Roman, Anna Roose, Diana Schramm, Liliya Yanakieva-Salerno

Technische Dienste: Andreas Lindner (Teamleitung Haustechnik), Michael Habenicht, Christian Mahler

Empfang: Ute Müller, Anja Stockebrandt

Systemadministration

Das HPI betreibt neben EDV-gestützten Arbeitsplätzen eine Vielzahl von datengenerierenden Analyse- und Aufbereitungssystemen. Hierzu zählen neben den wissenschaftlichen Arbeitsplätzen auch jene im kaufmännisch-administrativen Bereich sowie Einrichtungen der Gebäudeleit- und Kommunikationstechnik.

Die EDV-Abteilung ist als zentraler Dienst direkt dem Vorstand unterstellt und stimmt mit diesem die langfristige, strategische IT-Planung des Hauses ab. Der Abteilung obliegen unter anderem der Betrieb und die Weiterentwicklung der Kern-Infrastruktur (bestehend aus etwa 25 Server-Systemen), des gesamten Intranets sowie der Außenanbindung zum Regionalen Rechenzentrum der Universität Hamburg. Außerdem betreut sie die rund 300 im Hause befindlichen Endbenutzer-Systeme nebst Peripherie, betreibt regelmäßige Pfl-

ge- und Wartungsmaßnahmen als Störfall-Prävention und fungiert als Ansprechpartner für alle IT-Belange.

Die im Bereich der IT eingesetzten Lösungen sind in Bezug auf Erweiterbarkeit und Anpassbarkeit möglichst flexibel konzipiert, da gerade durch die Einführung neuer Technologien im wissenschaftlichen Umfeld, wie etwa die *Hochdurchsatz-Sequenzierung* oder neue Systeme im Bereich der Bildanalyse, infrastrukturelle Anpassungen an den veränderten Bedarf erfordern.

Das HPI verfügt in vielen Räumlichkeiten außerhalb der Labore über WLAN, insbesondere, um Gästen den Internetzugang zu ermöglichen.

Mitarbeitende:

Sascha Burghold, Dipl. Ing. (FH)
Heiko Juretzka, Christopher Schwarz,
Dr. Norbert Zangenberg





Heinrich Pette & der National- sozialismus

HEINRICH-PETTE-INSTITUT

Das Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI) trägt seit 1964 den Namen seines Gründungs-
direktors Prof. Dr. Heinrich Wilhelm Pette (1887-1964).

Als Neurologe und Forscher auf dem Gebiet der spinalen Kinderlähmung und Multiplen Sklerose besaß Heinrich Pette international eine herausragende Stellung. Sein politisches und wissenschaftliches Wirken mit Bezug zum Nationalsozialismus sowie seine Funktion im Vorstand der Gesellschaft Deutscher Neurologen und Psychiater (GDNP) lagen bisher allerdings weitgehend im Dunkeln.

Vor diesem Hintergrund und aufgrund von kritischen Nachfragen von innen und außen zur Mitgliedschaft Heinrich Pettes in der NSDAP seit dem Jahr 1933 hat das HPI im Jahr 2012 mit der Untersuchung der Vergangenheit Heinrich Pettes für die Jahre 1933 bis 1945 begonnen. Ziel war es, eine feste und kritikfreie Grundlage für die zukünftige Verwendung des Namens Heinrich Pette herbeizuführen.

Die Gutachten

Erstgutachten (2012)

Das HPI vergab daraufhin im Februar 2012 an den renommierten Medizinhistoriker Prof. Heinz-Peter Schmiedebach den Auftrag, ein Gutachten über die Stellung von Heinrich Pette im Nationalsozialismus anzufertigen. Das von Dr. Andrea Brinckmann und Prof. Heinz-Peter Schmiedebach zusammen erarbeitete *Gutachten über das Verhältnis des Neurologen Professor Dr. Heinrich Pette zum Nationalsozialismus und sein wissenschaftliches Werk zwischen 1933 und 1945* konzentriert sich auf die Darstellung von drei Aspekten:

- Auf die Rolle Heinrich Pettes als Gutachter bei Zwangssterilisationen,
- auf die Frage, ob Heinrich Pettes Forschungsergebnisse auf Begleitforschungen von „Euthanasie“-Morden beruhten und
- auf eine Mitwisserschaft an „Euthanasie“-Verbrechen durch Kontakte zu belasteten Mediziner.

Das Erstgutachten lieferte jedoch aufgrund der kurzen Bearbeitungszeit von nur acht Wochen kein eindeutiges Bild von Heinrich Pette. Die Autoren betonen dabei, dass die Wissensbasis aufgrund fehlenden Quellenmaterials zu schmal sei, um eine abschließende

Beurteilung abzugeben und die Fragen des HPI eindeutig beantworten zu können.

- Das Gutachten stellt jedoch fest, dass Pette mit eigenen Gutachten an Sterilisationsverfahren beteiligt war.
- Zur Frage zu möglichen Forschungen Pettes mit „belasteten Material“ finden die Gutachter keine Belege und regen weitere Recherchen an.
- Das Erstgutachten belegt Kontakte Heinrich Pettes zu maßgeblichen „Euthanasie“-Profiteuren sowie Pettes Arbeit im Beirat des Kaiser-Wilhelm-Instituts für Hirnforschung, so dass eine Kenntnis von „Euthanasie“-Verbrechen sehr wahrscheinlich sei.

Offen blieben Fragen zum Datum und zur Bewertung des Parteieintritts Heinrich Pettes.

Obwohl einige Fragen nicht beantwortet werden konnten und die Wissensbasis für „eine eindeutige Einschätzung“ laut den Verfassern „zu schmal“ bleibe, kommen sie zu folgenden Gesamteindruck:

„Pette tat sich nicht als überzeugter und fanatischer Nationalsozialist und Fürsprecher nationalsozialistischer Erbgesundheitspolitik hervor. Er war jedoch entgegen seiner Verlautbarungen kein ausgewiesener Regimegegner.“

Erstgutachten (2012): *Gutachten über das Verhältnis des Neurologen Professor Dr. Heinrich Pette zum Nationalsozialismus und sein wissenschaftliches Werk zwischen 1933 und 1945*; erstellt durch Dr. Andrea Brinckmann und Prof. Heinz-Peter Schmiedebach.

Zweitgutachten (2015-2020)

Daraufhin hat sich das Institut entschieden, einen ausführlichen Prozess der Aufarbeitung zu starten: Im März 2015 wurde der Auftrag für ein zweites Gutachten an den renommierten Historiker Prof. Axel Schildt vergeben. Zusammen mit seinem Kollegen Prof. Malte Thießen wurde es in der Zeitspanne vom Sommer 2016 bis April 2018 erstellt. Nach einer ersten Überarbeitung Anfang 2019 sowie einer erneuten Überarbeitung und der Ergänzung mit neuen Daten des Hamburger Historikers Prof. Philipp Osten im Jahr 2020, liegt das Zweitgutachten *Heinrich Pette und der Nationalsozialismus* seit Ende 2020 in seiner finalen Form vor.

Die wichtigsten Ergebnisse des Zweitgutachtens umfassen die folgenden Punkte:

- Nach den wenigen vorliegenden Quellen und den bekannten zeithistorischen Hintergründen ist **Heinrich Pette als „Märzgefallener“ zu charakterisieren**, der seine Parteimitgliedschaft wahrscheinlich aus Karrieregründen betrieb. **Ein fanatischer NS-Ideologe und „alter Kämpfer“ war Pette nicht.**
- **Die Beurteilung des wissenschaftlichen Werks und Wirkens von Pette bleibt widersprüchlich:** Einerseits war Pette kein glühender Nationalsozialist in dem Sinne, dass er seine wissenschaftlichen Vorstellungen ideologischen Zielen unterordnete. So bleiben insbesondere Pettes spätere Schriften frei von NS-ideologischen Bezügen. Andererseits repräsentierte er als Zweiter Vorsitzender der GDNP eine der wichtigsten Organisationen der NS-Gesundheitspolitik. Mit seinen Ansprachen und Positionen ebnete er der Neurologie den Weg ins „Dritte Reich“ und er blieb bis zum Ende des Krieges sowohl für Größen der Partei als auch für alle maßgeblichen Ministerien ein wichtiger Ansprechpartner.
- Trotz intensiver Forschungen in Archiven **konnten keine Belege für Begleitforschungen Pettes an Opfern der „Euthanasie“ gefunden werden.** Da gerade die „Euthanasie“-Begleitforschung in der Medizingeschichte seit Jahren intensiv untersucht wird, ist davon auszugehen, dass Pette selbst

nicht in entsprechende Verbrechen verstrickt war. **Höchstwahrscheinlich ist allerdings eine Mitwisserschaft Pettes von „Euthanasie“-Verbrechen.** Dafür sprechen seine Arbeit im Beirat des *Kaiser-Wilhelm-Instituts für Hirnforschung* und seine Kontakte mit mehreren Verantwortlichen für „Euthanasie“-Verbrechen. Darüber hinaus hat Pette seine Mitwisserschaft nach 1945 selbst mehrfach bestätigt.

- Als Facharzt für Neurologie war Heinrich Pette **als externer Gutachter an Erbgesundheitsverfahren im Sinne des Gesetzes zur Verhinderung erbkranken Nachwuchses beteiligt. Dabei stimmte Heinrich Pette in verhältnismäßig vielen Fällen für eine Sterilisation** (in 7 von 15 bisher bekannten Erbgesundheitsverfahren). **In vier Fällen stimmte er dabei auch gegen das Urteil seiner Kollegen, die im Erstgutachten zuvor eine Sterilisation abgelehnt hatten.** Zudem konnte gezeigt werden, dass **Heinrich Pette vereinzelt auch dann für eine Sterilisation stimmte, wenn das Krankheitsbild** (zum Beispiel Alkoholismus/Trunksucht oder „Schwachsinn“) – **auch nach dem wissenschaftlichen Stand seiner Zeit – nicht als erblich bedingt einzuordnen war.**
- **In der Selbstdarstellung Pettes vollzog sich von 1945 bis in die 1960er Jahre hinein ein sukzessiver Wandel.** Charakterisierte Pette sich 1945 noch ganz offen als Mitläufer, stilisierte er sich 1961 zum „Widerstandskämpfer“.

Die Erkenntnisse des Zweitgutachtens werden durch den Gutachter Prof. Malte Thießen wie folgt zusammengefasst:

„Pette war kein fanatischer Nationalsozialist und mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit nicht in Verbrechen im Zuge der ‚Euthanasie‘ verwickelt. Eher lässt er sich als Mitläufer charakterisieren, der die Möglichkeiten des Regimes nutzte, seine Karriere voranbrachte und die Gesundheitspolitik jederzeit unterstützte: Sowohl mit seiner Funktion als zweiter Vorsitzender als auch als Gutachter in Sterilisationsverfahren trug Pette seinen Teil dazu bei, dass die ‚rassenhygienische‘ Gesundheitspolitik reibungslos funktionierte. Wir können also sehr wenige weiße, aber ebenso wenige eindeutig schwarze Stellen in Pettes Biografie betrachten. In diesem Sinne steht Pette

fast schon als ein Paradebeispiel für die Komplexität eines Lebens in der NS-Zeit. Und genau deshalb lässt sich sein Leben nicht auf eine einfache Antwort auf die Frage bringen, wie wir heute mit seinem Vermächtnis umgehen sollen.“

Zweitgutachten (Stand November 2020): **Heinrich Pette und der Nationalsozialismus**; erstellt durch Prof. Axel Schildt und Prof. Malte Thießen.

Schlussfolgerungen

Die in 1964 erfolgte Umbenennung des Instituts zur Erforschung der spinalen Kinderlähmung in Heinrich-Pette-Institut für Experimentelle Virologie und Immunologie an der Universität Hamburg basierte auf den bedeutsamen wissenschaftlichen Leistungen Heinrich Pettes auf dem Gebiet der Virologie und insbesondere im Bereich der Polioforschung. Nach wie vor gilt Heinrich Pette als zentraler Akteur bei der Einführung der Polioimpfung in der Bundesrepublik Deutschland sowie als international anerkannter und richtungsweisender Experte auf diesem Gebiet.

„Das genau ist es, was die Auseinandersetzung mit der Person Heinrich Pette so schwer gemacht hat: Wie viele Lebensläufe seiner Zeit lässt sich sein Wirken nicht einfach in reines Schwarz oder Weiß unterscheiden, sondern es gibt viele Zwischentöne. Der Auseinandersetzung mit dieser Ambivalenz – seine Leistungen in der Wissenschaft und als Gründungsdirektor des Instituts auf der einen Seite und seine Entscheidungen in den Erbgesundheitsverfahren auf der anderen Seite – mussten wir uns als Institut, das seinen Namen trägt, stellen“, erläutert der Wissenschaftliche Direktor des HPI Prof. Dr. Thomas Dobner.

Angesichts der Geschichte der Medizin im Nationalsozialismus ist das Tragen des Namens einer Persönlichkeit, die in jener Zeit in prominenter Funktion in der Medizin gewirkt hat, kaum kritikfrei möglich. „Mit Blick auf eine zukunftsgerichtete und internationale Ausrichtung, erscheint der großen Mehrheit von uns der Name ‚Heinrich Pette‘ für das Institut als nicht mehr angemessen und kompatibel“, erklärt Prof. Dr. Thomas Dobner.

Nach vielen ausführlichen Diskussionen mit dem Kuratorium sowie unter Einbeziehung des Kollegiums und mehreren auf diesem Gebiet etablierten und

renommierten Historikern, möchte das Institut den Namen „Heinrich Pette“ in Zukunft nicht mehr führen und hat die Umbenennung beschlossen.

Katja Linke, Administrative Direktorin des HPI, ergänzt: „Die Aufarbeitung der Geschichte Heinrich Pettes war ein langer und intensiver Weg: Die beteiligten Historiker haben uns mit ihren Gutachten eine wertvolle Basis für die Auseinandersetzung mit der zukünftigen Namensverwendung geliefert, auf deren Grundlage sich das Institut für die Ablegung des Namens entschieden hat.“

Die Entscheidung für die Umbenennung wird auch durch Prof. Matthias Kleiner, dem Präsidenten der Leibniz-Gemeinschaft, unterstützt: „Die rückblickende Beurteilung von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern muss immer auch die zeitgeschichtlichen Kontexte ihres Wirkens berücksichtigen. So zeichnen die Gutachten zur Rolle Heinrich Pettes im Nationalsozialismus ein Bild von Opportunismus und Mitwisserschaft, ethisch fragwürdiger Gutachtertätigkeit, aber gleichzeitig wissenschaftlicher Leistungen und Verdienste. Die Ehre, Namensträger eines Leibniz-Instituts und somit ein besonderes Vorbild für nachfolgende Generationen von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zu sein, lässt sich mit dieser Belastung und Ambivalenz nicht vereinbaren. Deshalb begrüße ich die verantwortungsvolle Aufarbeitung der Institutsgeschichte und die daraus gezogenen Konsequenzen.“

Ein Namensfindungsprozess ist initiiert und soll bis Ende 2022 umgesetzt werden. Im Anschluss können die notwendigen Schritte zum endgültigen Vollzug der Namensänderung durchgeführt werden. Bis zum Abschluss dieses Prozesses präferiert das Institut die Bezeichnung nach dem zweiten Teil des ursprünglichen Namens „Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie“ (HPI).

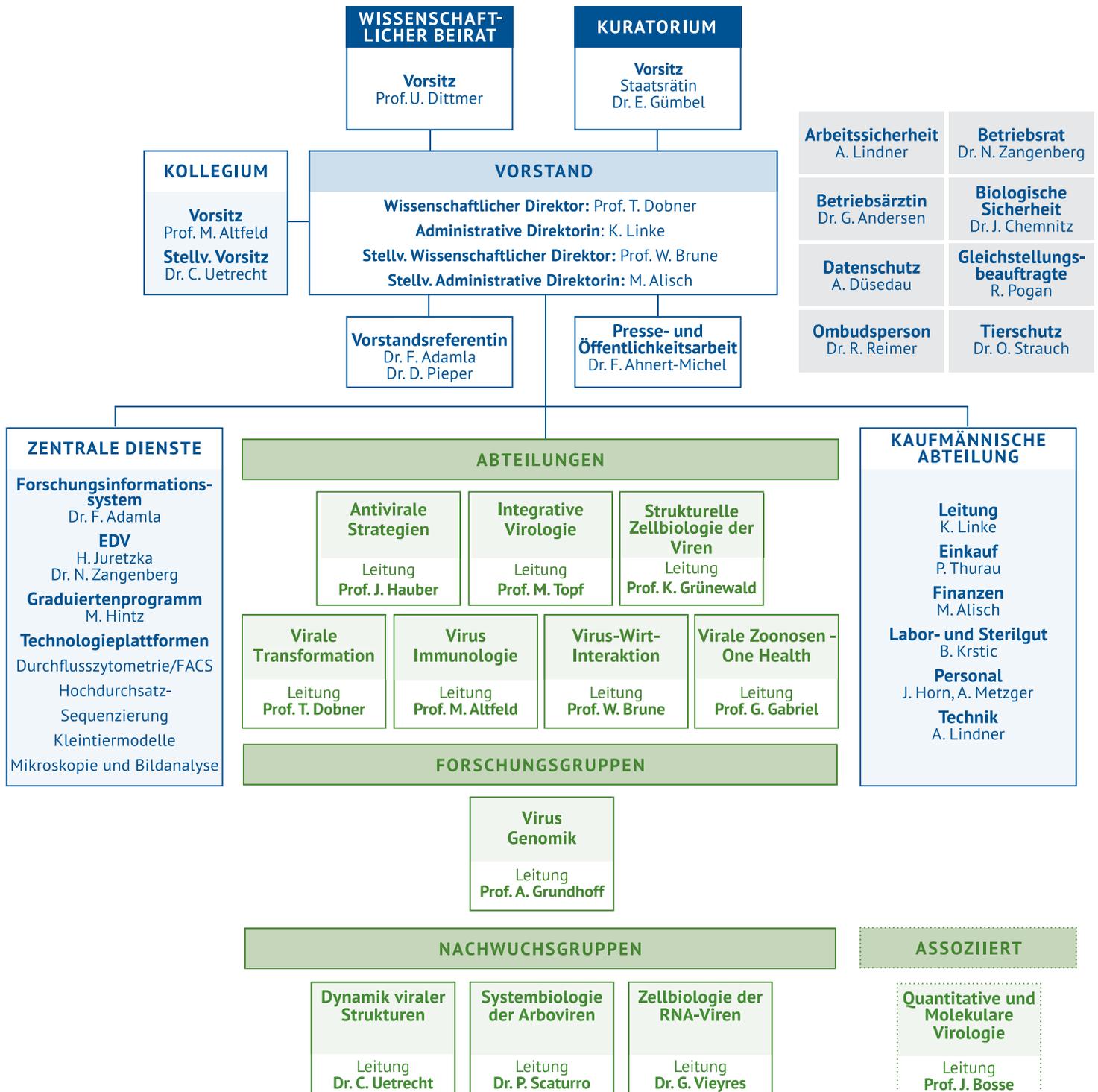
Das Gutachten sowie eine kurze Darstellung und Einordnung der wichtigsten Ergebnisse sind auf der Instituts-Webseite veröffentlicht und können dort eingesehen werden:

<https://www.hpi-hamburg.de/de/das-hpi/geschichte/heinrich-pette-die-ns-zeit/>



Anhang

Organigramm



Budget 2019

Einnahmen		Ausgaben			
		Personalkosten	Sachkosten	Investitionen	Gesamtwert
Institutionelle Förderung	12.655.056	7.236.369	4.022.762	866.437	12.125.568
Z-Projekte	4.357.834	2.763.113	1.018.977	506.367	4.288.457
SB-Projekte	0	9.203	21.351	2.217	32.771
wirtsch. Bereich	217.790	56.306	168.735	69.999	295.039
Summe Drittmittel	4.575.624	2.828.622	1.209.062	578.583	4.616.267
Gesamtes HPI	17.230.680	10.064.990	5.231.825	1.445.020	16.741.835
davon:					
Bereich Grundfinanzierung	12.655.056	1.765.914	1.018.513	34.327	2.818.754
Bereich Gebäude und Technik	0	276.466	948.105	179.429	1.404.000
Bereich Wissenschaft	0	5.193.989	2.056.144	652.681	7.902.813
Summe Inst. Förderung	12.655.056	7.236.369	4.022.762	866.437	12.125.568
Förderung durch Leibniz	470.679	327.121	78.211	6.602	411.935
Europäische Förderungen	675.881	420.702	93.528	129.446	643.676
außereuropäische Förderung	250.059	218.031	48.959	6.542	273.532
Bundesförderung	423.187	179.380	81.736	207.743	468.858
Förderung durch DZIF	424.911	267.845	173.252	0	441.097
Landesförderungen	639.146	537.062	71.826	111.447	720.336
Dt. Forschungsgemeinschaft	902.639	470.122	307.376	31.659	809.158
Förd. durch weitere Stiftungen	471.129	260.293	122.575	0	382.869
Industriekooperationen	0	9.203	21.351	2.217	32.771
diverse Mittelgeber	100.204	82.556	41.514	12.928	136.998
wirtsch. Bereich	217.790	56.306	168.735	69.999	295.039
Summe Drittmittel	4.575.624	2.828.622	1.209.062	578.583	4.616.267

Budget 2020

Einnahmen		Ausgaben			
		Personalkosten	Sachkosten	Investitionen	Gesamtwert
Institutionelle Förderung	13.430.530	8.015.527	4.593.642	898.587	13.507.756
Z-Projekte	6.716.619	3.068.769	1.770.743	1.364.748	6.204.260
SB-Projekte	200.612	67.738	24.795	0	92.534
wirtsch. Bereich	319.049	0	240.332	28.447	268.779
Summe Drittmittel	7.236.280	3.136.508	2.035.870	1.393.195	6.565.573
Gesamtes HPI	20.666.811	11.152.035	6.629.512	2.291.782	20.073.329
davon:					
Bereich Grundfinanzierung	13.430.530	1.914.109	937.318	9.031	2.860.458
Bereich Gebäude und Technik	0	307.896	1.242.204	316.250	1.866.350
Bereich Wissenschaft	0	5.793.523	2.414.119	573.306	8.780.948
Summe Inst. Förderung	13.430.530	8.015.527	4.593.642	898.587	13.507.756
Förderung durch Leibniz	807.417	519.308	54.338	20.959	594.604
Europäische Förderungen	1.185.244	482.004	138.830	72.115	692.949
außereuropäische Förderung	278.190	181.288	27.019	0	208.307
Bundesförderung	1.963.920	383.116	573.038	1.190.505	2.146.659
Förderung durch DZIF	405.212	252.661	156.216	39.138	448.015
Landesförderungen	669.707	348.775	340.766	6.366	695.907
Dt. Forschungsgemeinschaft	683.564	524.450	293.192	10.719	828.361
Förd. durch weitere Stiftungen	543.458	340.069	126.174	539	466.782
Industriekooperationen	180.612	67.738	8.116	0	75.854
diverse Mittelgeber	179.907	37.098	61.169	24.408	122.675
wirtsch. Bereich	339.049	0	257.011	28.447	285.458
Summe Drittmittel	7.236.280	3.136.508	2.035.870	1.393.195	6.565.573

2019

Abusrewil S, Algeer A, Aljifri A, Al Slail F, Andrew MK, Awad Tag Eldin M, Al Awaidy S, Ben Alaya N, Ben Khelil J, Dbaibo G, Derrar F, Elahmer O, Ghosn N, Gabriel G, Grasso C, Hassan M, Hirve S, Mirza YK, Rateb YM, Nourilil J, Nunes MC, Omaima I, Malande OO, Saadatian-Elahi M, Sanchez-Picot V, Sk Mamunur Rahman M, Tarraf H, Walaza S. Influenza surveillance in Middle East, North, East and South Africa: Report of the 8th MENA Influenza Stakeholders Network. *Influenza Other Respir Viruses*. 2019 May;13(3):298-304.

Alawi M, Burkhardt L, Indenbirken D, Reumann K, Christopheit M, Kröger N, Lütgehetmann M, Aepfelbacher M, Fischer N, Grundhoff A. DAMIAN: an open source bioinformatics tool for fast, systematic and cohort based analysis of microorganisms in diagnostic samples. *Sci Rep*. 2019 Nov 14;9(1):16841.

Bernal I, Börnicke J, Heidemann J, Svergun D, Horstmann JA, Erhardt M, Tuukkanen A, Uetrecht C, Kolbe M. Molecular Organization of Soluble Type III Secretion System Sorting Platform Complexes. *J Mol Biol*. 2019 Sep 6;431(19):3787-3803.

Bernal I, Römermann J, Flacht L, Lunelli M, Uetrecht C, Kolbe M. Structural analysis of ligand-bound states of the *Salmonella* type III secretion system ATPase. *Protein Sci*. 2019 Oct;28(10):1888-1901.

Böhnke S, Sass K, Gonnella G, Diehl A, Kleint C, Bach W, Zitoun R, Koschinsky A, Indenbirken D, Sander SG, Kurtz S, Perner M. Parameters Governing the Community Structure and Element Turnover in Kermadec Volcanic Ash and Hydrothermal Fluids as Monitored by Inorganic Electron Donor Consumption, Autotrophic CO₂ Fixation and 16S Tags of the Transcriptome in Incubation Experiments. *Front Microbiol*. 2019 Oct 9;10:2296.

Bossler F, Kuhn BJ, Günther T, Kraemer SJ, Khalkar P, Adrian S, Lohrey C, Holzer A, Shimobayashi M, Dürst M, Mayer A, Rösl F, Grundhoff A, Krijgsveld J, Hoppe-Seyler K, Hoppe-Seyler F. Repression of Human Papillomavirus Oncogene Expression under Hypoxia Is Mediated by PI3K/mTORC2/AKT Signaling. *MBio*. 2019 Feb 12;10(1).

Chemnitz J, Pieper D, Stich L, Schumacher U, Balabanov S, Spohn M, Grundhoff A, Steinkasserer A, Hauber J, Zinser E. The acidic protein rich in leucines *Anp32b* is an immunomodulator of inflammation in mice. *Sci Rep*. 2019 Mar 19;9(1):4853.

Claiborne DT, Scully EP, Palmer CD, Prince JL, Macharia GN, Kopycinski J, Michelo CM, Wiener HW, Parker R, Nganou-Makamdop K, Douek D, Altfeld M, Gilmour J, Price MA, Tang J, Kilembe W, Allen SA, Hunter E. Protective HLA alleles are associated with reduced LPS levels in acute HIV infection with implications for immune activation and pathogenesis. *PLoS Pathog*. 2019 Aug 26;15(8):e1007981.

Dhingra A, Hage E, Ganzenmueller T, Böttcher S, Hofmann J, Hamprecht K, Obermeier P, Rath B, Hausmann F, Dobner T, Heim A. Molecular Evolution of Human Adenovirus (HAdV) Species C. *Clin Rep*. 2019 Jan 31;9(1):1039.

Dias J, Hengst J, Parrot T, Leeansyah E, Lunemann S, Malone DFG, Hardtke S, Strauss O, Zimmer CL, Berglin L, Schirde-wahn T, Ciesek S, Marquardt N, von Hahn T, Manns MP, Cornberg M, Ljunggren HG, Wedemeyer H, Sandberg JK, Björkström NK. Chronic hepatitis delta virus infection leads to functional impairment and severe loss of MAIT cells. *J Hepatol*. 2019 Aug;71(2):301-312.

Dreier C, Resa-Infante P, Thiele S, Stanelle-Bertram S, Walendy-Gnirß K, Speiseder T, Preuss A, Müller Z, Klenk HD, Stech J, Gabriel G. Mutations in the H7 HA and PB1 genes of avian influenza A viruses increase viral pathogenicity and contact transmission in guinea pigs. *Emerg Microbes Infect*. 2019;8(1):1324-1336.

Dülfer J, Kadek A, Kopicki JD, Krichel B, Uetrecht C. Structural mass spectrometry goes viral. *Adv Virus Res*. 2019;105:189-238.

Escudero-Pérez B, Ruibal P, Rottstegge M, Lütke A, Port JR, Hartmann K, Gómez-Medina S, Müller-Guhl J, Nelson EV, Krasemann S, Rodríguez E, Muñoz-Fontela C. Comparative pathogenesis of Ebola virus and Reston virus infection in humanized mice. *JCI Insight*. 2019 Nov 1;4(21).

Fonseca Brito L, Brune W, Stahl FR. Cytomegalovirus (CMV) Pneumonitis: Cell tropism, inflammation, and immunity. *Int J Mol Sci*. 2019 Aug 8;20(16).

Fux R, Arndt D, Langenmayer MC, Schwaiger J, Ferling H, Fischer N, Indenbirken D, Grundhoff A, Dölken L, Adamek M, Steinhagen D, Sutter G. Piscine Orthoreovirus 3 Is Not the Causative Pathogen of Proliferative Darkening Syndrome (PDS) of Brown Trout (*Salmo trutta fario*). *Viruses*. 2019 Jan 28;11(2).

Günther T, Fröhlich J, Herrde C, Ohno S, Burkhardt L, Adler H, Grundhoff A. A comparative epigenome analysis of gammaherpesviruses suggests cis-acting sequence features as critical mediators of rapid polycomb recruitment. *PLoS Pathog*. 2019 Oct 31;15(10):e1007838.

Hartmann W, Brunn ML, Stetter N, Gagliani N, Muscate F, Stanelle-Bertram S, Gabriel G, Breloer M. Helminth Infections Suppress the Efficacy of Vaccination against Seasonal Influenza. *Cell Rep*. 2019 Nov 19;29(8):2243-2256.e4.

Heidemann J, Kölbel K, Konijnenberg A, Van Dyck J, Garcia-Alai M, Meijers R, Sobott F, Uetrecht C. Further insights from structural mass spectrometry into endocytosis adaptor protein assemblies. *Int J Mass Spectrom*. 2019 Oct 18;447:116240.

Hernández Durán A, Greco TM, Vollmer B, Cristea IM, Grünewald K, Topf M. Protein interactions and consensus clustering analysis uncover insights into herpesvirus virion structure and function relationships. *PLoS Biol*. 2019 Jun 14;17(6):e3000316.



Hernández Durán A, Grünewald K, Topf M. Conserved Central Intraviral Protein Interactome of the Herpesviridae Family. *mSystems*. 2019 Oct 1;4(5).

Hidalgo P, Ip WH, Dobner T, Gonzalez RA. The biology of the Adenovirus E1B 55K protein. *FEBS Lett*. 2019 Dec;593(24):3504-3517.

Kajon AE, Li X, Gonzalez G, Core S, Hofmann-Sieber H, Leng S. Isolation and initial propagation of guinea pig adenovirus (GPAV) in *Cavia porcellus* cell lines. *F1000Res*. 2019 Sep 5;8:1597.

Karaca E, Posey JE, Bostwick B, Liu P, Gezdirici A, Yesil G, Coban Akdemir Z, Bayram Y, Harms FL, Meinecke P, Alawi M, Bacino CA, Sutton VR, Kortüm F, Lupski JR. Biallelic and De Novo Variants in DONSON Reveal a Clinical Spectrum of Cell Cycleopathies with Microcephaly, Dwarfism and Skeletal Abnormalities. *Am J Med Genet A*. 2019 Oct;179(10):2056-2066.

Kesgin-Schaefer S, Heidemann J, Puchert A, Koelbel K, Yorke B, Huse N, Pearson AR, Utrecht C, Tidow H. Crystal structure of a domain-swapped photoactivatable sfGFP variant provides evidence for GFP folding pathway. *FEBS J*. 2019 Jun;286(12):2329-2340.

Klingen TR, Loers J, Stanelle-Bertram S, Gabriel G, McHardy AC. Structures and functions linked to genome-wide adaptation of human influenza A viruses. *Sci Rep*. 2019 Apr 18;9(1):6267.

Koch S, Damas M, Freise A, Hage E, Dhingra A, Rückert J, Gallo A, Kremmer E, Tegge W, Brönstrup M, Brune W, Schulz TF. Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus vIRF2 protein utilizes an IFN-dependent pathway to regulate viral early gene expression. *PLoS Pathog*. 2019 May 6;15(5):e1007743.

Langeneckert AE, Lunemann S, Martus G, Salzberger W, Hess LU, Ziegler AE, Poch T, Ravichandran G, Matschl U, Bosse JB, Tiegs G, Fischer L, Koch M, Herkel J, Oldhafer KJ, Schramm C, Altfeld M. CCL21-expression and accumulation of CCR7+ NK cells in livers of patients with primary sclerosing cholangitis. *Eur J Immunol*. 2019 May;49(5):758-769.

Lassen S, Grüttner C, Nguyen-Dinh V, Herker E. Perilipin-2 is critical for efficient lipoprotein and hepatitis C virus particle production. *J Cell Sci*. 2019 Jan 9;132(1).

Lopez MJV, Schimmeck H, Gropengießer J, Middendorf L, Quitmann M, Schneider C, Holstermann B, Wacker R, Heussler V, Reimer R, Aepfelbacher M, Ruckdeschel K. Activation of the macroautophagy pathway by *Yersinia enterocolitica* promotes intracellular multiplication and egress of yersiniae from epithelial cells. *Cell Microbiol*. 2019 May 17:e13046.

Lotter H, Altfeld M. Sex differences in immunity. *Semin Immunopathol*. 2019 Mar;41(2):133-135.

Lunemann S, Langeneckert AE, Martus G, Hess LU, Salzberger W, Ziegler AE, Löbl SM, Poch T, Ravichandran G, Sauter J, Schmidt AH, Schramm C, Oldhafer KJ, Altfeld M, Körner C. Human liver-derived CXCR6+ NK cells are predominantly educated through NKG2A and show reduced cytokine production. *J Leukoc Biol*. 2019 Jun;105(6):1331-1340.

Mallagaray A, Creutzmacher R, Dülfer J, Mayer PHO, Grimm LL, Orduña JM, Trabjerg E, Stehle T, Rand KD, Blaum BS, Utrecht C, Peters T. A post-translational modification of human Norovirus capsid protein attenuates glycan binding. *Nat Commun*. 2019 Mar 21;10(1):1320.

Martus G, Goebels H, Langeneckert AE, Kah J, Flomm F, Ziegler AE, Niehrs A, Löbl SM, Russu K, Hess LU, Salzberger W, Poch T, Nashan B, Schramm C, Oldhafer KJ, Dandri M, Koch M, Lunemann S, Altfeld M. CD49a Expression Identifies a Subset of Intrahepatic Macrophages in Humans. *Front Immunol*. 2019 Jun 7;10:1247.

Mehlan J, Uschold S, Hansen NO, Gosau T, Eggert D, Spitzer M, Petersen H, Linke SJ, Miller RJD. Pikosekundenlaser-Faser-assistierte Sklerostomie (PIRL-FAST). *Ophthalmologe*. 2019 Apr;116(4):346-350.

Meka DP, Scharrenberg R, Zhao B, Kobler O, König T, Schaefer I, Schwanke B, Klykov S, Richter M, Eggert D, Windhorst S, Dotti CG, Kreutz MR, Mikhaylova M, Calderon de Anda F. Radial somatic F-actin organization affects growth cone dynamics during early neuronal development. *EMBO Rep*. 2019 Dec 5;20(12):e47743.

Moser F, Pražák V, Mordhorst V, Andrade DM, Baker LA, Hagen C, Grünewald K, Kaufmann R. Cryo-SOFI enabling low-dose super-resolution correlative light and electron cryo-microscopy. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2019 Mar 12;116(11):4804-4809.

Neelagandan N, Gonnella G, Dang S, Janiesch PC, Miller KK, Kuchler K, Marques RF, Indenbirken D, Alawi M, Grundhoff A, Kurtz S, Duncan KE. TDP-43 enhances translation of specific mRNAs linked to neurodegenerative disease. *Nucleic Acids Res*. 2019 Jan 10;47(1):341-361.

Niehrs A, Garcia-Beltran WF, Norman PJ, Watson GM, Hölzemer A, Chapel A, Richert L, Pommerening-Röser A, Körner C, Ozawa M, Martus G, Rossjohn J, Lee JH, Berry R, Carrington M, Altfeld M. A subset of HLA-DP molecules serve as ligands for the natural cytotoxicity receptor NKp44. *Nat Immunol*. 2019 Sep;20(9):1129-1137.

Numberger D, Dreier C, Vullioud C, Gabriel G, Greenwood AD, Grossart HP. Recovery of influenza A viruses from lake water and sediments by experimental inoculation. *PLoS One*. 2019 May 15;14(5):e0216880.

Nürnberg C, Bodmer BS, Fiedler AH, Gabriel G, Mühlebach MD. A measles virus-based vaccine candidate mediates protection against Zika virus in an allogenic mouse pregnancy model. *J Virol*. 2019 Jan 17;93(3).

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).

Poetsch JH, Dahlke C, Zinser ME, Kasonta R, Lunemann S, Rehtien A, Ly ML, Stubbe HC, Krähling V, Biedenkopf N, Eickmann M, Fehling SK, Olearo F, Strecker T, Sharma P, Lang KS, Lohse AW, Schmiedel S, Becker S; VSV-Ebola Consortium (VEBCON), Addo MM. Detectable Vesicular Stomatitis Virus (VSV)-Specific Humoral and Cellular Immune Responses Following VSV-Ebola Virus Vaccination in Humans. *J Infect Dis*. 2019 Jan 29;219(4):556-561.

Ravichandran G, Neumann K, Berkhout LK, Weidemann S, Langeneckert AE, Schwinge D, Poch T, Huber S, Schiller B, Hess LU, Ziegler AE, Oldhafer KJ, Barikbin R, Schramm C, Altfeld M, Tiegs G. Interferon- γ -dependent immune responses contribute to the pathogenesis of sclerosing cholangitis in mice. *J Hepatol*. 2019 Oct;71(4):773-782.

Rehtien A, Altfeld M. Sexual dimorphism in HIV-1 infection. *Semin Immunopathol*. 2019 Mar;41(2):195-202.

Reimer R, Eggert D, Hohenberg H. Environmental Scanning Electron Microscopy. *Biological Field Emission Scanning Microscopy*. John Wiley & Sons Ltd. Feb 15, 2019.

Resa-Infante P, Bonet J, Thiele S, Alawi M, Stanelle-Bertram S, Tuku B, Beck S, Oliva B, Gabriel G. Alternative interaction sites in the influenza A virus nucleoprotein mediate viral escape from the importin- α 7 mediated nuclear import pathway. *FEBS J*. 2019 Sep;286(17):3374-3388.

Ricklefs FL, Maire CL, Reimer R, Dührsen L, Kolbe K, Holz M, Schneider E, Rissiek A, Babayan A, Hille C, Pantel K, Krasmann S, Glatzel M, Heiland DH, Flitsch J, Martens T, Schmidt NO, Peine S, Breakefield XO, Lawler S, Chiocca EA, Fehse B, Giebel B, Görgens A, Westphal M, Lamszus K. Imaging flow cytometry facilitates multiparametric characterization of extracellular vesicles in malignant brain tumours. *J Extracell Vesicles*. 2019 Mar 21;8(1):1588555.

Ring S, Eggers L, Behrends J, Wutkowski A, Schwudke D, Kröger A, Hierweiger AM, Hölscher C, Gabriel G, Schneider B. Blocking IL-10 receptor signaling ameliorates Mycobacterium tuberculosis infection during influenza-induced exacerbation. *JCI Insight*. 2019 Apr 18;5(10):e126533.

Rubbenstroth D, Peus E, Schramm E, Kottmann D, Bartels H, McCowan C, Schulze C, Akimkin V, Fischer N, Wylezich C, Hlinak A, Spadinger A, Großmann E, Petersen H, Grundhoff A, Rautenschlein S, Teske L. Identification of a novel clade of group A rotaviruses in fatally diseased domestic pigeons in Europe. *Transbound Emerg Dis*. 2019 Jan;66(1):552-561.

Rugen N, Straube H, Franken LE, Braun HP, Eubel H. Complexome Profiling Reveals Association of PPR Proteins with Ribosomes in the Mitochondria of Plants. *Mol Cell Proteomics*. 2019 Jul;18(7):1345-1362.

Sagebiel AF, Steinert F, Lunemann S, Körner C, Schreurs RRCE, Altfeld M, Perez D, Reinshagen K, Bunders MJ. Tissue-resident Eomes⁺ NK cells are the major innate lymphoid cell population in human infant intestine. *Nat Commun*. 2019 Feb 28;10(1):975.

Schoof M, Launspach M, Holdhof D, Nguyen L, Engel V, Filser S, Peters F, Immenschuh J, Hellwig M, Niesen J, Mall V, Ertl-Wagner B, Hagel C, Spohn M, Lutz B, Sedlacik J, Indenbirken D, Merk DJ, Schüller U. The transcriptional coactivator and histone acetyltransferase CBP regulates neural precursor cell development and migration. *Acta Neuropathol Commun*. 2019 Dec 5;7(1):199.

Schoof M, Launspach M, Holdhof D, Nguyen L, Engel V, Filser S, Peters F, Immenschuh J, Hellwig M, Niesen J, Mall V, Ertl-Wagner B, Hagel C, Spohn M, Lutz B, Sedlacik J, Indenbirken D, Merk DJ, Schüller U. The transcriptional coactivator and histone acetyltransferase CBP regulates neural precursor cell development and migration. *Acta Neuropathol Commun*. 2019 Dec 5;7(1):199.

Schreurs RRCE, Baumdick ME, Sagebiel AF, Kaufmann M, Mokry M, Klarenbeek PL, Schaltenberg N, Steinert FL, van Rijn JM, Drewniak A, The SML, Bakx R, Derikx JPM, de Vries N, Corpeleijn WE, Pals ST, Gagliani N, Friese MA, Middendorp S, Nieuwenhuis EES, Reinshagen K, Geijtenbeek TBH, van Goudoever JB, Bunders MJ. Human Fetal TNF- α -Cytokine-Producing CD4⁺ Effector Memory T Cells Promote Intestinal Development and Mediate Inflammation Early in Life. *Immunity*. 2019 Feb 19;50(2):462-476.e8.

Scully EP, Gandhi M, Johnston R, Hoh R, Lockhart A, Dobrowolski C, Pagliuzza A, Milush JM, Baker CA, Girling V, Ellefson A, Gorelick R, Lifson J, Altfeld M, Alter G, Cedars M, Solomon A, Lewin SR, Karn J, Chomont N, Bacchetti P, Deeks SG. Sex-Based Differences in HIV-1 Reservoir Activity and Residual Immune Activation. *J Infect Dis*. 2019 Mar 15;219(7):1084-1094.

Seoane M, Buhs S, Iglesias P, Strauss J, Puller AC, Müller J, Gerull H, Feldhaus S, Alawi M, Brandner JM, Eggert D, Du J, Thomale J, Wild PJ, Zimmermann M, Sternsdorf T, Schumacher U, Nollau P, Fisher DE, Horstmann MA. Lineage-specific control of TFIIH by MITF determines transcriptional homeostasis and DNA repair. *Oncogene*. 2019 May;38(19):3616-3635.

Tang J, Brixel R, Brune W. Copy-Paste Mutagenesis: A Method for Large-Scale Alteration of Viral Genomes. *Int. J. Mol. Sci.*, 2019 Feb 20;20(4).

Tang J, Frascaroli G, Lebbink RJ, Ostermann E, Brune W. Human cytomegalovirus glycoprotein B variants affect viral entry, cell fusion, and genome stability. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2019 Sep 3;116(36):18021-18030.

Tejera B, López RE, Hidalgo P, Cárdenas R, Ballesteros G, Rivillas L, French L, Amero C, Pastor N, Santiago Á, Groitl P, Dobner T, Gonzalez RA. The human adenovirus type 5 E1B 55kDa protein interacts with RNA promoting timely DNA replication and viral late mRNA metabolism. *PLoS One*. 2019 Apr 3;14(4):e0214882.

Thans TVS, Akko JI, Niehrs A, Garcia-Beltran WF, Richert L, Stürzel CM, Ford CT, Li H, Ochsenbauer C, Kappes JC, Hahn BH, Kirchhoff F, Martrus G, Sauter D, Altfeld M, Hölzemer A. Primary HIV-1 strains use Nef to downmodulate HLA-E surface expression. *J Virol.* 2019 Sep 30;93(20).

The SML, Bakx R, Budding AE, de Meij TGI, van der Lee JH, Bunders MJ, Poort L, Heij HA, van Heurn LWE, Gorter RR. Microbiota of Children With Complex Appendicitis: Different Composition and Diversity of The Microbiota in Children With Complex Compared With Simple Appendicitis. *Pediatr Infect Dis J.* 2019 Oct;38(10):1054-1060.

Utrecht C, Lorenzen K, Kiteľ M, Heide-mann J, Robinson Spencer JH, Schlüter H, Schulz J. Native mass spectrometry provides sufficient ion flux for XFEL single-particle imaging. *J Synchrotron Radiat.* 2019 May 1;26(Pt 3):653-659.

Wang C, Lunelli M, Zschieschang E, Bosse J, Thuenauer R, Kolbe M. Role of flagellar hydrogen bonding in *Salmonella* motility and flagellar polymorphic transition. *Mol Microbiol.* 2019 Nov;112(5):1519-1530.

Weiss VU, Pogan R, Zoratto S, Bond KM, Boulanger P, Jarrold MF, Lykтей N, Pahl D, Puffler N, Schelhaas M, Selivanovitch E, Utrecht C, Allmaier G. Virus-like particle size and molecular weight/mass determination applying gas-phase electrophoresis (native nES GEMMA). *Anal Bioanal Chem.* 2019 Sep;411(23):5951-5962.

Wyler E, Franke V, Menegatti J, Kocks C, Boltengagen A, Praktiknojo S, Walch-Rückheim B, Bosse J, Rajewsky N, Grässer F, Akalin A, Landthaler M. Single-cell RNA-sequencing of herpes simplex virus 1-infected cells connects NRF2 activation to an antiviral program. *Nat Commun.* 2019 Oct 25;10(1):4878.

Zaitsev-Doyle JJ, Puchert A, Pfeifer Y, Yan H, Yorke BA, Müller-Werkmeister HM, Utrecht C, Rehbein J, Huse N, Pearson AR, Sans M. Synthesis and characterisation of alpha-carboxynitrobenzyl photocaged L-aspartates for applications in time-resolved structural biology. *RSC Adv.* 2019 Mar 15;9:8695-8699.

Zhu H, Fan Z, Yu L, Wilson MA, Nagaoka Y, Eggert D, Cao C, Liu Y, Wei Z, Wang X, He J, Zhao J, Li R, Wang Z, Grünwald M, Chen O. Controlling Nanoparticle Orientations in the Self-Assembly of Patchy Quantum Dot-Gold Heterostructural Nanocrystals. *J Am Chem Soc.* 2019 Apr 10;141(14):6013-6021.

Zur Stadt U, Alawi M, Adao M, Indenbirken D, Escherich G, Horstmann MA. Characterization of novel, recurrent genomic rearrangements as sensitive MRD targets in childhood B-cell precursor ALL. *Blood Cancer J.* 2019 Nov 29;9(12):96.

2020

Abere B, Zhou H, Li J, Cao S, Toptan T, Grundhoff A, Fischer N, Moore PS, Chang Y. Merkel Cell Polyomavirus Encodes Circular RNAs (circRNAs) Enabling a Dynamic circRNA/microRNA/mRNA Regulatory Network. *mBio.* 2020 Dec 15;11(6):e03059-20.

Adland E, Millar J, Bengu N, Muenchhoff M, Fillis R, Sprenger K, Ntlantsana V, Roider J, Vieira V, Govender K, Adamson J, Nxele N, Ochsenbauer C, Kappes J, Mori L, van Lobenstein J, Graza Y, Chinniah K, Kapongo C, Bhoola R, Krishna M, Matthews PC, Poderos RP, Lluch MC, Puertas MC, Prado JG, McKerrow N, Archary M, Ndung'u T, Groll A, Jooste P, Martinez-Picado J, Altfeld M, Goulder P. Sex-specific innate immune selection of HIV-1 in utero is associated with increased female susceptibility to infection. *Nat Commun.* 2020 Apr 14;11(1):1767.

Anjanappa R, Garcia-Alai M, Kopicki JD, Lockhauserbäumer J, Aboelmagd M, Hinrichs J, Nemtanu IM, Utrecht C, Zacharias M, Springer S, Meijers R. Structures of peptide-free and partially loaded MHC class I molecules reveal mechanisms of peptide selection. *Nat Commun.* 2020 Mar 11;11(1):1314.

Astafyeva Y, Alawi M, Indenbirken D, Danso D, Grundhoff A, Hanelt D, Streit WR, Krohn I. Draft Genome Sequence of the Green Alga *Scenedesmus acuminatus* SAG 38.81. *Microbiol Resour Announc.* 2020 Jun 11;9(24):e01278-19.

Bailey MH, Meyerson WU, Dursi LJ, Wang LB, Dong G, Liang WW, Weerasinghe A, Li S, Li Y, 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 21;11(1):4748.

Bauer A, Frascaroli G, Walther P. Megapinosome: Morphological Description of a Novel Organelle. *J Struct Biol.* 2020 Apr 1:107505.

Beck S, Zickler M, Pinho dos Reis V, Günther T, Grundhoff A, Reilly PT, Mak TW, Stanelle-Bertram S, Gabriel G. ANP32B Deficiency Protects Mice From Lethal Influenza A Virus Challenge by Dampening the Host Immune Response. *Front Immunol.* 2020 Mar 13;11:450.

Bogdanow B, Schmidt M, Weisbach H, Gruska I, Vetter B, Imami K, Ostermann E, Brune W, Selbach M, Hagemeyer 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.

Brenna S, Altmeyden HC, Mohammadi B, Rissiek B, Schlink F, Ludewig P, Krisp C, Schlüter H, Failla AV, Schneider C, Glatzel M, Puig B, Magnus T. Characterization of brain-derived extracellular vesicles reveals changes in cellular origin after stroke and enrichment of the prion protein with a potential role in cellular uptake. *J Extracell Vesicles.* 2020 Aug 27;9(1):1809065.

Brown RJP, Tegtmeyer B, Sheldon J, Khera T, Anggakusuma, Todt D, Vieyres G, Weller R, Joecks S, Zhang Y, Sake S, Bankwitz D, Welsch K, Ginkel C, Engelmann M, Gerold G, Steinmann E, Yuan Q, Ott M, Vondran FWR, Krey T, Ströh LJ, Miskey C, Ivics Z, Herder V, Baumgärtner W, Lauber C, Seifert M, Tarr AW, McClure CP, Randall G, Baktash Y, Ploss A, Thi VLD, Michailidis E, Saeed M, Verhoye L, Meuleman P, Goedecke N, Wirth D, Rice CM, Pietschmann T. Liver-expressed Cd302 and Cr1l limit hepatitis C virus cross-species transmission to mice. *Sci Adv.* 2020 Nov 4;6(45):eabd3233.

- 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.
- Chen Y, Bai T, Beck S, Stanelle-Bertram S, Chen T, Dong J, Yang J, Wang L, Wang D, Shu Y, Gabriel G. Low testosterone and high cytokine levels correlate with lethal H7N9 infections in men: a retrospective cohort study from 98 H7N9 patients. medRxiv 2020.05.07.20093914.
- Chorev DS, Tang H, Rouse SL, Bolla JR, von Kügelgen A, Baker LA, Wu D, Gault J, Grünewald K, Bharat TAM, Matthews SJ, Robinson CV. The use of sonicated lipid vesicles for mass spectrometry of membrane protein complexes. *Nat Protoc*. 2020 May;15(5):1690-1706.
- 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.
- Czech-Sioli M, Siebels S, Radau S, Zahedi RP, Schmidt C, Dobner T, Grundhoff A, Fischer N. The Ubiquitin-Specific Protease Usp7, a Novel Merkel Cell Polyomavirus Large T-Antigen Interaction Partner, Modulates Viral DNA Replication. *J Virol*. 2020 Feb 14;94(5):e01638-19.
- Degen O, Hauber J. Heilung durch Genterapie? 2020 HIV & more. 1; 24-27.
- 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.
- Elbasani E, Gramolelli S, Günther T, Gabaev I, Grundhoff A, Ojala PM. Kaposi sarcoma herpesvirus lytic replication is independent of the anaphase promoting complex activity. *J Virol*. 2020 Jun 16;94(13):e02079-19.
- Ellinger B, Pohlmann D, Woens J, Jäkel FM, Reinshagen J, Stocking C, Prassolov VS, Fehse B, Riecken K. A High-Throughput HIV-1 Drug Screening Platform, Based on Lentiviral Vectors and Compatible with Biosafety Level-1. *Viruses*. 2020 May 25;12(5):E580.
- Franken LE, Grünewald K, Boekema EJ, Stuart MCA. A Technical Introduction to Transmission Electron Microscopy for Soft-Matter: Imaging, Possibilities, Choices, and Technical Developments. *Small*. 2020 Mar 4:e1906198.
- 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.
- Fröhlich J, Grundhoff A. Epigenetic control in Kaposi sarcoma-associated herpesvirus infection and associated disease. *Semin Immunopathol*. 2020 Apr;42(2):143-157.
- Gramolelli S, Elbasani E, Tuohinto K, Nurminen V, Günther T, Kallinen RE, Kaijalainen SP, Diaz R, Grundhoff A, Haglund C, Ziegelbauer JM, Pellinen T, Bower M, Francois M, Ojala PM. Oncogenic Herpesvirus Engages Endothelial Transcription Factors SOX18 and PROX1 to Increase Viral Genome Copies and Virus Production. *Cancer Res*. 2020 Aug 1;80(15):3116-3129.
- 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.
- Hagen SH, Henseling F, Hennesen J, Savel H, Delahaye S, Richert L, Ziegler SM, Altfeld M. Heterogeneous Escape from X Chromosome Inactivation Results in Sex Differences in Type I IFN Responses at the Single Human pDC Level. *Cell Rep*. 2020 Dec 8;33(10):108485.
- Hess LU, Martrus G, Ziegler AE, Langeneckert AE, Salzberger W, Goebels H, Sagebiel AF, Hagen SH, Poch T, Ravichandran G, Koch M, Schramm C, Oldhafer KJ, Fischer L, Tiegs G, Richert L, Bunders MJ, Lunemann S, Altfeld M. The Transcription Factor Promyelocytic Leukemia Zinc Finger Protein Is Associated With Expression of Liver-Homing Receptors on Human Blood CD56bright Natural Killer Cells. *Hepatol Commun*. 2020 Jan 6;4(3):409-424.
- Highton AJ, Diercks BP, Möckl F, Martrus G, Sauter J, Schmidt AH, Bunders MJ, Körner C, Guse AH, Altfeld M. High Metabolic Function and Resilience of NK-G2A-Educated NK Cells. *Front Immunol*. 2020 Sep 30;11:559576.
- Hinte F, van Anken E, Tirosh B, Brune W. Repression of viral gene expression and replication by the unfolded protein response effector XBP1u. *Elife*. 2020 Feb 17;9:e51804.
- 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.
- Horstmann JA, Lunelli M, Cazzola H, Heidemann J, Kühne C, Steffen P, Szeffs S, Rossi C, Lokareddy RK, Wang C, Lemaire L, Hughes KT, Uetrecht C, Schlüter H, Grassl GA, Stradal TEB, Rossez Y, Kolbe M, Erhardt M. Methylation of Salmonella Typhimurium flagella promotes bacterial adhesion and host cell invasion. *Nat Commun*. 2020 Apr 24;11(1):2013.



- ICGC/TCGA Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes Consortium. Pan-cancer analysis of whole genomes. *Nature*. 2020 Feb;578(7793):82-93.
- Ip WH, Dobner T. Cell transformation by the Adenovirus oncogenes E1 and E4. *FEBS Lett*. 2020 Jun;594(12):1848-1860.
- Krichel B, Falke S, Hilgenfeld R, Redecke L, Uetrecht C. Processing of the SARS-CoV pp1a/ab nsp7-10 region. *Biochem J*. 2020 Mar 13;477(5):1009-1019.
- Kropp KA, López-Muñoz AD, Ritter B, Martín R, Rastrojo A, Srivaratharajan 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
- Kunzmann LK, Schoknecht T, Poch T, Henze L, Stein S, Kriz M, Grewe I, Preti M, Hartl J, Pannicke N, Peiseler M, Sebode M, Zenouzi R, Horvatits T, Böttcher M, Petersen BS, Weiler-Normann C, Hess LU, Elise Ahrenstorf A, Lunemann S, Martrus G, Fischer L, Li J, Carambia A, Kluwe J, Huber S, Lohse AW, Franke A, Herkel J, Schramm C, Schwinge D. Monocytes as potential mediators of pathogen-induced Th17 differentiation in patients with primary sclerosing cholangitis (PSC). *Hepatology*. 2020 Jan 23.
- Lange UC, Verdikt R, Ait-Ammar A, Van Lint C. Epigenetic crosstalk in chronic infection with HIV-1. *Semin Immunopathol*. 2020 Apr;42(2):187-200.
- 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.
- Lotke R, Schneeweiß U, Pietrek M, Günther T, Grundhoff A, Weidner-Glunde M, Schulz TF. Brd/BET Proteins Influence the Genome-Wide Localization of the Kaposi's Sarcoma-Associated Herpesvirus and Murine Gammaherpesvirus Major Latency Proteins. *Front Microbiol*. 2020 Oct 22;11:591778.
- Malinowski M, Alawi M, Krohn I, Ruff S, Indenbirken D, Alawi M, Karrasch M, Lüschor R, Streit WR, Timmermann G, Pommerening-Röse A. Deep 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, Bartom ET, 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.
- McHugh D, Myburgh R, Caduff N, Spohn M, Kok YL, Keller CW, Murer A, Chatterjee B, Rühl J, Engelmann C, Chijioke O, Quast I, Shilaih M, Strouvelle VP, Neumann K, Menter T, Dirnhofner S, Lam JK, Hui KF, Bredl S, Schlaepfer E, Sorce S, Zbinden A, Capaul R, Lünemann JD, Aguzzi A, Chiang AK, Kempf W, Trkola A, Metzner KJ, Manz MG, Grundhoff A, Speck RF, Münz C. EBV Renders B Cells Susceptible to HIV-1 in Humanized Mice. *Life Sci Alliance*. 2020 Jun 23;3(8):e202000640.
- Muscolino E, Schmitz R, Loroch S, Caragliano E, Schneider C, Rizzato M, Kim YH, Krause E, Juranić Lisnić V, Sickmann A, Reimer R, Ostermann E, Brune W. Herpesviruses induce aggregation and selective autophagy of host signalling proteins NEMO and RIPK1 as an immune-evasion mechanism. *Nat Microbiol*. 2020 Feb;5(2):331-342.
- Niehrs A, Altfeld M. Regulation of NK-Cell Function by HLA Class II. *Front Cell Infect Microbiol*. 2020 Feb 18;10:55.
- Offersen R, Yu WH, Scully EP, Julg B, Euler Z, Sadanand S, Garcia-Dominguez D, Zheng L, Rasmussen TA, Jennewein MF, Linde C, Sassic J, Lofano G, Viganò S, Stephenson KE, Fischinger S, Suscovich TJ, Lichterfeld M, Lauffenburger D, Rosenberg ES, Allen T, Altfeld M, Charles RC, Østergaard L, Tolstrup M, Barouch DH, Søgaard OS, Alter G. HIV Antibody Fc N-Linked Glycosylation Is Associated with Viral Rebound. *Cell Rep*. 2020 Dec 15;33(11):108502.
- Pfefferle S, Huang J, Nörz D, Indenbirken D, Lütgehetmann M, Oestereich L, Günther T, Grundhoff A, Aepfelbacher M, Fischer N. Complete Genome Sequence of a SARS-CoV-2 Strain Isolated in Northern Germany. *Microbiol Resour Announc*. 2020 Jun 4;9(23):e00520-20.
- Pfützner S, Hofmann-Sieber H, Bosse JB, Franken LE, Grünwald K, Dobner T. Fluorescent Protein Tagging of Adenoviral Proteins pV and pIX Reveals Late Virion Accumulation Compartment. *PLoS Pathog*. 2020 Jun 25;16(6):e1008588.
- Pflitsch C, Feldmann CN, Richert L, Hagen S, Diemert A, Goletzke J, Hecher K, Jazbutyte V, Renné T, Arck PC, Altfeld M, Ziegler S. In-depth characterization of monocyte subsets during the course of healthy pregnancy. *Reprod Immunol*. 2020 May 23;141:103151.
- Pfrommer E, Dreier C, Gabriel G, Dallenga T, Reimer R, Schepanski K, Scherließ R, Schaible UE, Gutsmann T. Enhanced tenacity of mycobacterial aerosols from necrotic neutrophils. *Sci Rep*. 2020 Jun 8;10(1):9159.
- 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.
- Pogan R, Weiss VU, Bond K, Dülfer J, Krisp C, Lykтей N, Müller-Guhl J, Zoratto S, Allmaier G, Jarrold MF, Muñoz-Fontela C, Schlüter H, Uetrecht C. N-terminal VP1 Truncations Favor T = 1 Norovirus-Like Particles. *Vaccines (Basel)*. 2020 Dec 24;9(1):E8.
- Puhach O, Ostermann E, Krisp C, Frasca-rola 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, Grünwald K. Cellular Electron Cryo-Tomography to Study Virus-Host Interactions. *Annu Rev Virol*. 2020 Sep 29;7(1):239-262.
- Robitaille A, Brancaccio RN, Dutta S, Rollison DE, Leja M, Fischer N, Grundhoff A, Gheit T, Tommasino M, Olivier M. PVAmpliconFinder: A Workflow for the Identification of Human Papillomaviruses From High-Throughput Amplicon Sequencing. *BMC Bioinformatics*. 2020 Jun 8;21(1):233.

- Schoof M, Hellwig M, Harrison L, Holdhof D, Lauffer MC, Niesen J, Viridi S, Indenbirken D, Schüller U. The basic helix-loop-helix transcription factor TCF4 impacts brain architecture as well as neuronal morphology and differentiation. *Eur J Neurosci*. 2020 Jun;51(11):2219-2235.
- Schulz C, Gabriel G, von Köckritz-Blickwede M. Detrimental Role of Neutrophil Extracellular Traps during Dengue Virus Infection. *Trends Immunol*. 2020 Jan;41(1):3-6.
- Schulz EC, Henderson SR, Illarionov B, Crosskey T, Southall SM, Krichel B, Uetrecht C, Fischer M, Wilmanns M. The crystal structure of mycobacterial epoxide hydrolase A. *Sci Rep*. 2020 Oct 6;10(1):16539.
- Schwane V, Huynh-Tran VH, Vollmers S, Yakup VM, Sauter J, Schmidt AH, Peine S, Altfeld M, Richert L, Körner C. Distinct Signatures in the Receptor Repertoire Discriminate CD56bright and CD56dim Natural Killer Cells. *Front Immunol*. 2020 Dec 1;11:568927.
- Seitz V, Kleo K, Dröge A, Schaper S, Elez Kurtaj S, Bedjaoui N, Dimitrova L, Sommerfeld A, Berg E, von der Wall E, Müller U, Joosten M, Lenze D, Heimesaat MM, Baldus C, Zinser C, Cieslak A, Macintyre E, Stocking C, Hennig S, Hummel M. Evidence for a Role of RUNX1 as Recombinase Cofactor for TCR β Rearrangements and Pathological Deletions in ETV6-RUNX1 ALL. *Sci Rep*. 2020 Jun 22;10(1):10024.
- Sellau J, Groneberg M, Fehling H, Thye T, Hoenow S, Marggraff 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.
- Siebels S, Czech-Sioli M, Spohn M, Schmidt C, Theiss J, Indenbirken D, Günther T, Grundhoff A, Fischer N, Merkel Cell Polyomavirus DNA Replication Induces Senescence in Human Dermal Fibroblasts in a Kap1/Trim28-Dependent Manner. *mBio*. 2020 Mar 10;11(2):e00142-20.
- Spieck E, Sass K, Keuter S, Hirschmann S, Spohn M, Indenbirken D, Kop LFM, Lücker S, Giaveno A. Defining Culture Conditions for the Hidden Nitrite-Oxidizing Bacterium *Nitrospira*. *Front Microbiol*. 2020 Jul 10;11:1522.
- Spieck E, Spohn M, Wendt K, Bock E, Shively J, Frank J, Indenbirken D, Alawi M, Lücker S, Hüpeden J. Extremophilic nitrite-oxidizing *Chloroflexi* from Yellowstone hot springs. *ISME J*. 2020 Feb;14(2):364-379.
- Stein S, Henze L, Poch T, Carambia A, Krech T, Preti M, Schuran FA, Reich M, Keitel V, Fiorotto R, Strazzabosco M, Fischer L, Li J, Müller LM, Wagner J, Gagliani N, Herkel J, Schwinge D, Schramm C. IL-17A/F enable cholangiocytes to restrict T cell-driven experimental cholangitis by upregulating PD-L1 expression. *J Hepatol*. 2020 Nov 13:S0168-8278(20)33759-4.
- Strom A, Strassburger K, Schmuck M, Shevalye H, Davidson E, Zivehe F, Bönhof G, Reimer R, Belgardt BF, Fleming T, Biermann B, Burkart V, Müssig K, Szendroedi J, Yorek MA, Fritsche E, Nawroth PP, Roden M, Ziegler D; GDS Group. Interaction between magnesium and methylglyoxal in diabetic polyneuropathy and neuronal models. *Mol Metab*. 2020 Nov 6:101114.
- Stubbe M, Mai J, Paulus C, Stubbe HC, Berscheminski J, Karimi M, Hofmann S, Weber E, Hadian K, Hay R, Groitl P, Nevels M, Dobner T, Schreiner S. Viral DNA Binding Protein SUMOylation Promotes PML Nuclear Body Localization Next to Viral Replication Centers. *mBio*. 2020 Mar 17;11(2):e00049-20.
- Thiele S, Stanelle-Bertram S, Beck S, Kouassi NM, Zickler M, Müller M, Tuku B, Resa-Infante P, van Riel D, Alawi M, Günther T, Rother F, Hügel S, Reimering S, McHardy A, Grundhoff A, Brune W, Osterhaus A, Bader M, Hartmann E, Gabriel G. Cellular Importin- $\alpha 3$ Expression Dynamics in the Lung Regulate Antiviral Response Pathways against Influenza A Virus Infection. *Cell Rep*. 2020 Apr 21;31(3):107549.
- Tuku B, Stanelle-Bertram S, Sellau J, Beck S, Bai T, Kouassi NM, Preuß A, Hoenow S, Renné T, Lotter H, Gabriel G. Testosterone Protects Against Severe Influenza by Reducing the Pro-Inflammatory Cytokine Response in the Murine Lung. *Front Immunol*. 2020 Apr 22;11:697.
- Vogel D, Thorkelsson SR, Quemini ERJ, Meier K, Kouba T, Gogrefe N, Busch C, Reindl S, Günther S, Cusack S, Grünewald K, Rosenthal M. Structural and functional characterization of the severe fever with thrombocytopenia syndrome virus L protein. *Nucleic Acids Res*. 2020 Jun 4;48(10):5749-5765.
- Vollmer B, Grünewald K. Herpesvirus membrane fusion - a team effort. *Curr Opin Struct Biol*. 2020 Jan 11;62:112-120.
- 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.
- 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 Dec;37(6):649-656.
- 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.
- Zapatka M, Borozan I, Brewer DS, Iskar M, Grundhoff A, Alawi M, Desai N, Sültmann H, Moch H, PCAWG-Pathogens, Cooper CS, Eils R, Ferretti V, Lichter P, PCAWG Consortium. The landscape of viral associations in human cancers. *Nat Genet*. 2020 Mar;52(3):320-330.
- Ziegler MC, Nelde A, Weber JK, Schreitmüller CM, Martrus 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.



Das HPI bedankt sich bei all seinen Freunden und Unterstützern.

Ein großes Dankeschön geht insbesondere an:

- *die Leibniz-Gemeinschaft,*
- *das Bundesministerium für Gesundheit (BMG),*
- *die hamburgische Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung und Bezirke (BWFGB),*
- *das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF),*
- *das Deutsche Zentrum für Infektionsforschung (DZIF),*
- *die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG),*
- *das Horizon 2020 Programm,*
- *die Stiftung zur Bekämpfung neuroviraler Erkrankungen (BNE),*
- *das Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE),*
- *die Universität Hamburg*
- *die Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo),*
- *das Centre for Structural Systems Biology (CSSB),*
- *unseren LCI-Partnern, dem Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) sowie dem Forschungszentrum Borstel – Leibniz-Lungenzentrum (FZB),*
- *unseren deutschlandweiten Leibniz-Partnerinstituten*
- *und viele weitere!*

Impressum &

Kontakt

Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)

Martinstraße 52
20251 Hamburg

Telefon: 040/48051-0
Telefax: 040/48051-103

hpi@leibniz-hpi.de
www.hpi-hamburg.de

Inhalt

Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie (HPI)

Redaktion

Dr. Franziska Ahnert-Michel
Referentin für Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Bilder

HPI, Dr. Franziska Ahnert-Michel, Udo Thomas/GARP, Gisela Köhler Fotodesign

Foto Prof. Dr. Maya Topf: Marta Mayer-DESY

Foto Prof. Dr. Jens B. Bosse: Karin Kaiser, MHH

Foto Dr. Gabrielle Vieyres: Fotostudio Michael Pietschmann

Sars-CoV-2: AdobeStock, Aldeca Productions

Jahresrückblick 2019:

Graphic Recording HPI Ehrenvortrag 2019: Gabriele Schlipf, *DZIF-Preis 2019:* Gerhard Kopatz, DZIF

Jahresrückblick 2020:

Prof. Dr. Jens B. Bosse RESIST-Professur: Karin Kaiser, MHH, *Neue Gruppenleitung Dr. Pietro Scaturro:* privat, *Neue Gruppenleitung Dr. Gabrielle Vieyres:* Fotostudio Michael Pietschmann, *Dr. Elena Muscolino DZIF-Doktorandenpreis:* privat, *Berufung Prof. Dr. Maya Topf:* Marta Mayer, DESY, *CASP14:* Dr. Tristan Cragnolini

iStock: LumiNola (*Grußwort*), Bill Oxford (*Programmbereiche*), sanjeri (*Nachwuchsförderung*)

Unsplash: CDC (*Highlights der Forschung*), Fusion Medical Animation (*Gruppenvorstellungen*), Beatriz Pérez Moya (*Verwaltung*), Lars Kienle (*Verwaltung*)

Layout

MASTERMEDIA GmbH, Hamburg
www.mastermedia.de

Druck

Druckerei Arnold, Oktober 2021

