

Tätigkeitsbericht der Jahre 2021/2022



Leibniz-Institut
für Virologie



Leibniz-Institut für Virologie

Leibniz
Leibniz
Gemeinschaft





www.leibniz-liv.de

Inhaltsverzeichnis

Das LIV.....	4
Grußwort	5
Das LIV auf einen Blick	8
Zeitachse Highlights 2021 und 2022	10
Highlight der Forschung 2021	12
Highlights der Forschung 2022	13
Programmbereiche.....	16
Gruppenvorstellungen.....	20
Abteilungen	21
Forschungsgruppe	38
Nachwuchsgruppen	40
Assoziierte Gruppen	46
Technologieplattformen.....	52
Nachwuchsförderung.....	58
Gleichstellung.....	64
Verwaltung.....	68
Anhang.....	A
Organigramm	B
Budget 2021	C
Budget 2022	D
Publikationen	E
Danksagung	N
Impressum & Kontakt.....	O



Leibniz-Institut für Virologie

Das LIV

Das *Leibniz-Institut für Virologie* (LIV) erforscht humanpathogene Viren mit dem Ziel, virusbedingte Erkrankungen zu verstehen und neue Therapieansätze zu schaffen. Auf Basis der experimentellen Grundlagenforschung werden neue Ansatzpunkte für verbesserte Verfahren zur Behandlung von Viruserkrankungen wie AIDS, Grippe und Hepatitis, aber auch von neuauftretenden viralen Infektionen wie COVID-19 entwickelt. Mit seinen Forschungsschwerpunkten deckt das LIV eine große Bandbreite der weltweit bedeutendsten viralen Infektionserreger ab.

Liebe Leserinnen und Leser,

ich freue mich, Ihnen den Tätigkeitsbericht des *Leibniz-Instituts für Virologie* (LIV) für die Jahre 2021 und 2022 vorstellen zu dürfen. In diesen zwei Jahren hat unser Institut zahlreiche herausragende Ergebnisse im Bereich der Grundlagenforschung bis hin in die Anwendung erzielt. Diese möchte ich Ihnen gerne näherbringen.

Die **COVID-19-Pandemie** war zweifelsohne das bestimmende Thema in den Jahren 2021 und 2022. Sie hat uns gelehrt, dass personalisierte Medizin, gesellschaftliche Aspekte, globales Denken von Relevanz sind. Wir haben unser Engagement und Forschungsanstrengungen maximal verstärkt, und einen wichtigen Beitrag zur Bekämpfung der Coronavirus-Pandemie geleistet.

Eines der bedeutendsten Projekte war unser sequenzbasiertes SARS-CoV-2-Überwachungs- und Frühwarnsystem – die von der Stadt Hamburg geförderte „Hamburg Surveillance Plattform“. Dieses Erfolgsmodell hatte die Forschungsgruppe *Virus Genomik* um Prof. Adam Grundhoff inklusive unserer Technologieplattform **Hochdurchsatz-Sequenzierung** und gemeinsam mit unserem engen Kooperationspartner, dem Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE), entwickelt.

Neben der Frage, welche mutierte Virusvariante gerade kursiert, beschäftigte einen Großteil der Gesellschaft auch die Frage, **wieso Männer häufig schwerer an COVID-19 erkranken als Frauen?** Eine Antwort darauf gaben Prof. Gülşah Gabriel, Leiterin der Abteilung *Virale Zoonosen – One Health*, und ihr Kooperationspartner Prof. Stefan Kluge vom UKE: Ihre Studien belegen den Einfluss von Sexualhormonen auf den geschlechtsspezifischen Krankheitsverlauf bei COVID-19. Gemeinsam mit

Prof. Jörg Heeren, ebenfalls UKE, wertete sie auch Autopsieproben von Verstorbenen aus. Sie wiesen **SARS-CoV-2 häufiger im Fettgewebe** von Übergewichtigen oder adipösen Männern nach. Ein präklinisches Modell zeigte dann, dass sich das Virus vom Respirationstrakt ausgehend in das Fettgewebe ausbreitet und sich dort weiter vermehrt – eine weitere Antwort zur oben genannten Frage.

Es haben noch viele weitere LIV-Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler großartige Arbeit in diesem Bereich geleistet, die Sie in den jeweiligen Kapiteln im Detail finden. Und natürlich haben wir auch weiterhin an Viren und viralen Erkrankungen abseits von SARS-CoV-2 geforscht. So beispielsweise bei Untersuchungen zur Infektanfälligkeit der Kinder von Müttern, die während der Schwangerschaft an **Influenza** erkrankten, welche tatsächlich erhöht ist. Oder Studien zur H7N9-Influenza, die ebenfalls bei niedrigem Testosteronspiegel mit der Entwicklung einer schweren oder sogar tödlichen Erkrankung bei Männern einhergeht. Weitere große kollaborative Studien umfassten das humane Cytomegalovirus (**HCMV**) oder schwere Adenovirus-Infektionen. Zum Letzteren konnte mithilfe der **modernen 3D-Organoid-Technologie** eine neue Zielstruktur identifiziert werden. Ein Ansatzpunkt für Immuntherapien bei Kindern mit schweren **Adenovirus-Infektion** nach einer Stammzelltransplantation.

Neben diesen wissenschaftlichen Highlights möchte ich auch auf wichtige **Personalveränderungen** eingehen. Im Oktober 2021 verabschiedeten wir **Prof. Joachim Hauber und seine Ehefrau Ilona Hauber** in den wohlverdienten Ruhestand. Ihr fast zwanzig Jahre



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



Der LIV Vorstand: Dagmar Schröder-Huse (Administrative Direktorin), Prof. Dr. Thomas Dobner (Wissenschaftlicher Direktor), Meike Alisch (Stellvertretende Administrative Direktorin) und Prof. Dr. Wolfram Brune (Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor) – Bild aus dem Jahr 2023

währendes Wirken in Forschung und Lehre hat das LIV maßgeblich geprägt. Sie legten den Grundstein für ihre bahnbrechenden Arbeiten zur Entwicklung der molekularen Genschere *Brec1*. Diese erkennt und entfernt den integrierten Bauplan des AIDS-Erregers HIV aus dem Erbgut der infizierten Zellen und verknüpft das Erbgut dabei, anders als die CRISPR-Technologie, wieder völlig fehlerfrei. Mit dieser Therapie kann es erstmals gelingen, **infizierte Zellen dauerhaft und präzise von HIV zu befreien – ein medizinischer Durchbruch!** Die *Brec1* wird zeitnah in einer ersten klinischen Studie am UKE in HIV-positiven Personen getestet. Finanziert wird die hoffnungsvolle Studie von dem Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), der Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung

und Bezirke (BWFGB) Hamburg und der Else Kröner-Fresenius-Stiftung.

Ich möchte zudem Prof. Dr. Kay Grünewald, Leiter unserer Abteilung *Strukturelle Zellbiologie der Viren*, zum Amt des neuen Wissenschaftlichen Direktors des *Centre for Structural Systems Biology (CSSB)* gratulieren. Und wir begrüßten mit Dr. Ulrike Lange (Retroviren wie HIV) eine neue Nachwuchsgruppenleiterin am LIV.

Zu guter Letzt komme ich zu einer der bedeutsamsten Änderungen der letzten beiden Jahre: der **Institutsumbenennung** von *Heinrich-Pette-Institut (HPI)* zu *Leibniz-Institut für Virologie (LIV)*. Bereits im Frühjahr 2021 hat sich das Institut für einen Namenswechsel entschieden. Grundlage hierfür war ein 2012 gestarteter Auf-

arbeitsprozess des Wirkens von Heinrich Pette in den Jahren 1933 bis 1945 durch die renommierten Historiker Prof. Heinz-Peter Schmiedebach (Erstgutachten), Prof. Axel Schildt und Prof. Malte Thießen (Zweitgutachten). Basierend auf den Ergebnissen beider Gutachten hat sich das Institut in vielen ausführlichen Diskussionen mit dem Kuratorium sowie unter Einbeziehung des Kollegiums entschlossen, in Zukunft den Namen *Heinrich-Pette-Institut* nicht mehr zu verwenden. Im Mai 2022 fand schließlich die offizielle Namensänderung statt - der neue Name *Leibniz-Institut für Virologie* spiegelt unsere zukunftsgerichtete und internationale Ausrichtung wider und hebt unsere Zugehörigkeit zur Leibniz-Gemeinschaft

sowie unseren Forschungsschwerpunkt in der Virologie hervor.

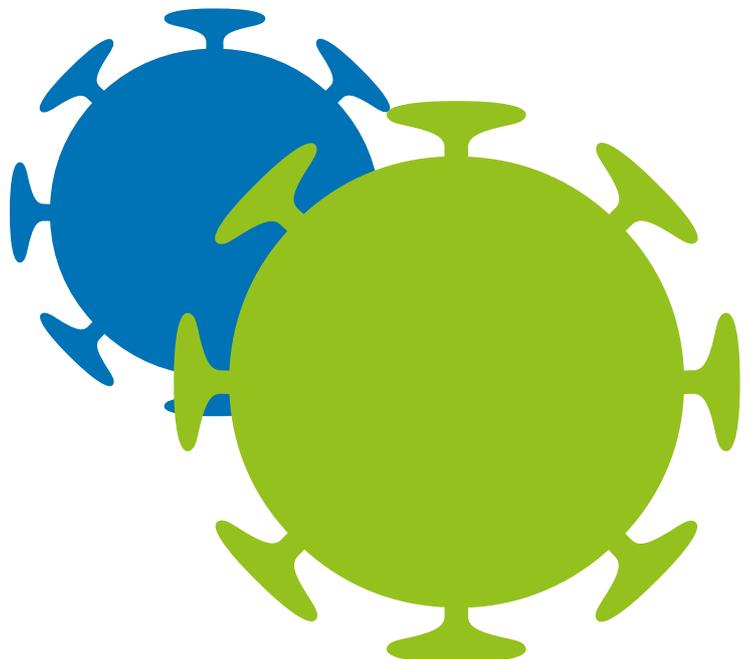
Ich bedanke mich ganz herzlich bei allen Mitarbeitenden des Instituts, unseren Forschungspartnern und Förderern für ihre Unterstützung und freue mich auf die kommenden Jahre voller Herausforderungen und neuer wissenschaftlicher Entdeckungen.

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



Prof. Dr. Thomas Dobner

Wissenschaftlicher Direktor
Leibniz-Institut für Virologie, LIV



195

Personen (Gesamtpersonal),
davon 120 Frauen (mit studentischen und
wissenschaftlichen Hilfskräften, Stand Ende 2022)

6 · 1 (1) · 3 · 2

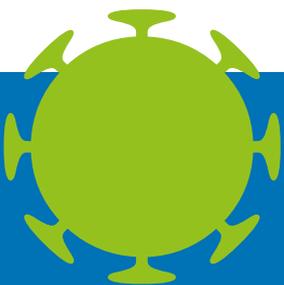
6 Abteilungen, 1 Forschungsgruppe & 1 Vakanz,
3 Nachwuchsgruppen, 2 assoziierte Gruppen
(+ 3. assoziierte Gruppe seit 01.09.2023)

744 · 325

744 Presse-Clippings 2021,
davon 460 Beiträge zum Thema SARS-CoV-2/COVID-19,
325 Presse-Clippings 2022,
davon 192 Beiträge zum Thema SARS-CoV-2/COVID-19

169

Publikationen 2021 (87) & 2022 (82)



2022



Leibniz-Institut
für Virologie

Seit Mai 2022 neuer Name:
Leibniz-Institut für Virologie

32·7·11

32 Schutzrechte in 7 Patentfamilien und
zusätzlich 11 laufende Patentverfahren

56·17·56

56 laufende Promotionsvorhaben (Stand Ende 2022),
17 abgeschlossene Promotionen 2021 (10) & 2022 (7),
56 Postdoktorand*innen (Stand Ende 2022)

2·1·1

2 assoziierte Gruppen (Stand Ende 2022),
1 Abteilung weniger (AG Hauber Ausgründung in
Provirex), 1 neue Nachwuchsgruppe (NG Lange)

4

Technologieplattformen





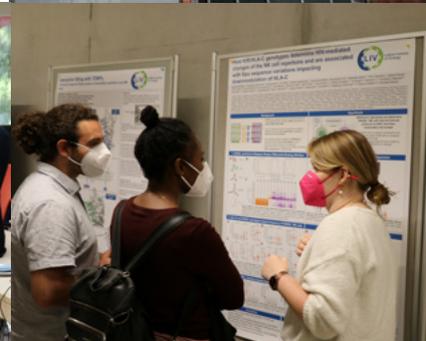
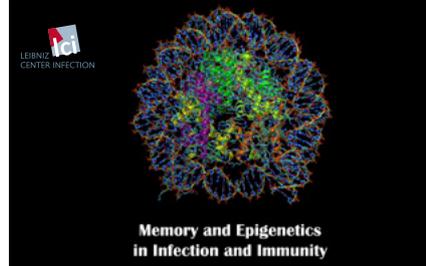
Highlights



- 15.01.** Beitritt ins Bündnis zur Entwicklung eines neuen Therapieansatzes gegen COVID-19 im Rahmen des Konsortiums InfectControl
- 16.02.** Einführung eines systematischen Frühwarnsystems für neue Coronavarianten zusammen mit dem UKE und mit Unterstützung der Stadt Hamburg
- 23.02.** Vergabe des Instituts-Doktorandenpreises und Postdoktorandenpreises sowie des Mobility Grant
- 11.03.** Beteiligung am neuen Deutschen Zentrum für Kinder- und Jugendgesundheit des UKE
- 09.04.** Entscheidung für Namensänderung des Instituts
- 23.04.** Erster digitaler Girls & Boys Day
- 03.06.** LCI-Summerschool
- 05.07.** Positive Evaluation des Institutst
- 13.09.** Vierter PhD Career Day als digitale Veranstaltung
- 04.10.** Verabschiedung von Professor Hauber in den Ruhestand
- 04.10.** Nachwuchsgruppe *Dynamik viraler Strukturen* wird mit Charlotte Uetrechts Antritt der W2-Professur an der Universität Siegen zu assoziierter Arbeitsgruppe
- 26.10.** Erneute Auszeichnung für Chancengleichheit mit Total E-Quality-Prädikat
- 24.11.** Förderung der Entwicklung eines ultraschnellen Mikroskops durch Leibniz Gemeinschaft
- 23.12.** Prof. Kay Grünewald wird neuer Wissenschaftlicher Direktor des CSSB



- 24.01.** Internationales Symposium des Leibniz Center Infection
- 01.04.** Saxfels-Projekt erhält R&C-Förderung
- 07.04.** Dr. Johannes Jung erhält GFV-Promovendenpreis 2022
- 28.04.** Prof. Charlotte Uetrecht erhält Mattauch-Herzog-Preis 2022
- 01.05.** Start der neuen Nachwuchsgruppe *Genomik retroviraler Infektionen* von Dr. Dr. Ulrike Lange
- 02.05.** Zweiter digitaler Girls & Boys Day
- 09.05.** Institutsumbenennung: HPI wird LIV – *Leibniz-Institut für Virologie*
- 24.05.** LIV Joint Scientific Retreat am CSSB
- 28.06.** Besuch des Profilkurses Biologie des Corvey-Gymnasiums
- 04.07.** LIV-Sommerfest
- 19.09.** LIV-Strategie-Retreat 2022
- 13.10.** Dr. Luca Bertzbach erhält Preis der Annelise-und-Curt-Höhner-Stiftung 2022



Highlight der Forschung 2021



„Es gibt bereits mehrere unabhängige Hinweise aus humanen Studien, dass Kinder, deren Mütter eine Influenza in der Schwangerschaft hatten, in den ersten Lebensmonaten ein erhöhtes Infektionsrisiko besitzen. Bislang waren dies Assoziationsstudien. Die Befunde in dem neuen Tiermodell zeigen nun zum ersten Mal, dass es hier eine klare Kausalität zwischen der Virusinfektion in der Schwangerschaft und der erhöhten Vulnerabilität der Nachkommen gegenüber Infektionen gibt. Diese Studien zeigen wiederholt, dass schwangere Frauen einen besonderen Schutz in Epidemien und Pandemien brauchen, um sich selbst, aber auch die nächste Generation zu schützen.“

Prof. Gülşah Gabriel, Leiterin der LIV-Abteilung Virale Zoonosen – One Health und Professorin an der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Influenza in der Schwangerschaft begünstigt erhöhte Infektanfälligkeit der Nachkommen

Die Abteilung *Virale Zoonosen – One Health* unter der Leitung von Prof. Gülşah Gabriel hat mithilfe eines neuen Tiermodells untersucht, ob Nachkommen von Influenza A Virus-infizierten Müttern in ihrem späteren Leben anfälliger für andere Infektionen sind. Die Ergebnisse wurden im renommierten Journal *Nature Communications* veröffentlicht.

Schwangere Frauen gehören zur größten Risikogruppe für schwere, teilweise tödliche Grippeverläufe. Ob eine durchgemachte Influenza in der Schwangerschaft auch die spätere Gesundheit der Nachkommen beeinflusst, war bislang unbekannt.

Die Studie zeigt mittels eines neuen Two-Hit-Mausmodells, dass eine moderate Influenza in der Schwangerschaft die Infektanfälligkeit der Nachkommen gegenüber anderen Viren sowie Bakterien besonders im frühen Leben erhöht.

Die hierfür zugrunde liegenden Mechanismen sind vielfältig. Dabei spielen vor allem drei Faktoren eine wichtige Rolle:

1. Eine Influenzavirus-induzierte Immunaktivierung in der Lunge,
2. ein niedriges Geburtsgewicht und
3. eine funktionelle Beeinträchtigung der fetalen alveolaren Makrophagen, Infektionen zu erkennen und zu eliminieren.

Schlüsselmoleküle, welche zu diesem erhöhten Risiko der Nachkommen von Influenza-infizierten Müttern führen, wie inflammatorische Cytokine in der Lunge der Mutter, werden auch von anderen respiratorischen Viren induziert (u. a. von SARS-CoV-2).

An der LIV/TiHo-geleiteten Studie waren zahlreiche wissenschaftliche Institutionen beteiligt, unter anderem das Imperial College London, das Helmholtz Zentrum München und das Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum.



Publikation

Henning Jacobsen, Kerstin Walendy-Gnirß, Nilgün Tekin-Bubenheim, Nancy Mounogou Kouassi, Isabel Ben-Batalla, Nikolaus Berenbrok, Martin Wolff, Vinicius Pinho dos Reis, Martin Zickler, Lucas Scholl, Annette Gries, Hanna Jania, Arne Düsedau, Gundula Pilnitz-Stolze, Aicha Jeridi, Ali Önder Yildirim, Helmut Fuchs, Valerie Gailus-Durner, Claudia Stoeger, Martin Hrabe de Angelis, Tatjana Manuylova, Karin Klingel, Fiona J. Culley, Jochen Behrends, Sonja Loges, Bianca Schneider, Susanne Krauss-Etschmann, Peter Openshaw and Gülşah Gabriel (2021). *Offspring born to influenza A virus infected pregnant mice show increased vulnerability to viral and bacterial infections in early life.* *Nature Communications*, August 16, 2021.



Highlights der Forschung 2022

Humanes cytomegalovirus: Phasen-getrennte Kompartimente fördern Replikation

Das humane Cytomegalovirus (HCMV) vermehrt sein DNA-Genom in spezialisierten Replikationskompartimenten, deren genaue Entstehung bisher nicht geklärt war. Ein Forschungsteam aus dem *Leibniz-Institut für Virologie* (LIV) und dem *Centre for Structural Systems Biology* (CSSB) konnte nun zeigen, dass die Bildung von phasengetrennten Kompartimenten um virale Genome herum notwendig ist, um die virale DNA-Polymerase zu rekrutieren. Zur Bildung dieser phasengetrennten Kompartimente nutzt HCMV seine UL112-113-Proteine. Die Ergebnisse sind in der renommierten Fachzeitschrift *Cell Reports* erschienen.

HCMV ist eine der Hauptursachen für Krankheit und Sterblichkeit bei immungeschwächten Transplantationspatienten und die häufigste Ursache für Infektionen bei Neugeborenen weltweit. Bei einer HCMV-Infektion vermehrt das Virus sein DNA-Genom in spezialisierten Replikationskompartimenten im Kern der Wirtszelle. Diese membranlosen Organellen entstehen als runde Strukturen und nehmen mit der Zeit an Größe zu. Der genaue Mechanismus der Biogenese der Replikationskompartimente ist jedoch nach wie vor unbekannt.

In der Studie konnte das Forschungsteam unter der Leitung von Prof. Wolfram Brune (LIV) und Prof. Jens B. Bosse (MHH, CSSB, LIV) mithilfe von Live-Cell Imaging- und Photo-Oligomerisierungs-Methoden zeigen, dass die HCMV-Proteine UL112-113 eine Phasentrennung (liquid-liquid phase separation) durchlaufen, wodurch die Ausbildung der Replikationskompartimente im Zellkern unterstützt wird. Die so gebildeten phasengetrennten Prä-Replikationskompartimente sind notwendig, um die virale DNA-Polymerase für die Genomreplikation der Viren zu rekrutieren.

Das Projekt wurde durch das LIV Strategic Incentive Program (SIP) finanziert und ist Teil des *Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT*.



Publikation

Enrico Caragliano, Stefano Bonazza, Giada Frascaroli, Jiajia Tang, Timothy K. Soh, Kay Grünewald, Jens B. Bosse, Wolfram Brune (2022). *Human cytomegalovirus forms phase-separated compartments at viral genomes to facilitate viral replication. Cell Reports, March 8, 2022.*



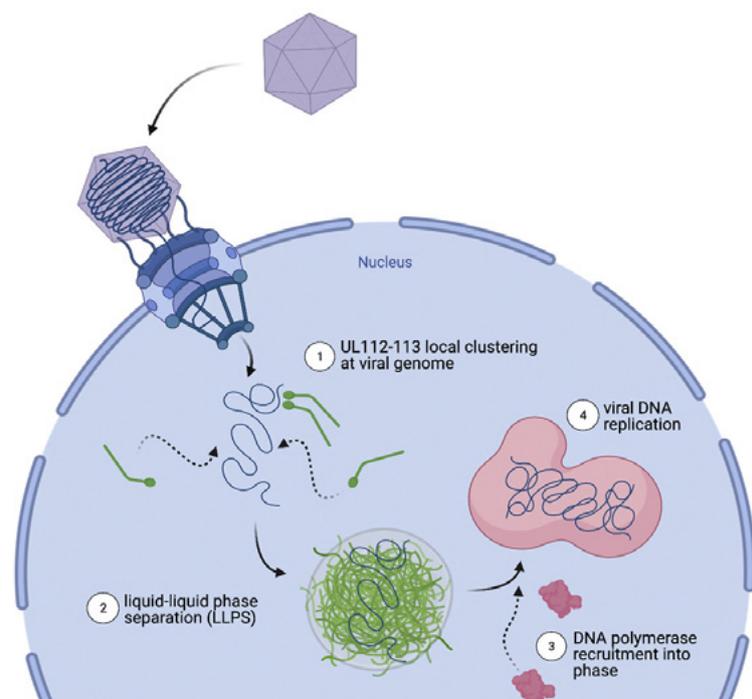
„Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Phasentrennung für die Ausbildung der Prä-Replikationskompartimente und die virale DNA-Replikation von entscheidender Bedeutung ist. Dabei erfüllen die Proteine UL112-113 eine wesentliche Funktion, indem sie eine replikationsfördernde Umgebung um virale Genome herum erzeugen.“

Prof. Wolfram Brune, Leiter der LIV-Abteilung Virus-Wirt-Interaktion

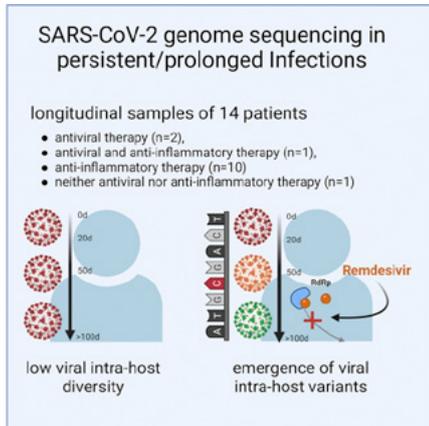


„Die Phasentrennung durch die UL112-113-Proteine ist zum einen wichtig für die räumliche Organisation der HCMV-Prä-Replikationskompartimente, zum anderen aber auch wesentlich für die Rekrutierung von Proteinen für die virale DNA-Replikation.“

Prof. Jens B. Bosse, Leiter der assoziierten LIV-Gruppe Quantitative Virologie



SARS-CoV-2: Antivirale Behandlung fördert Bildung neuer Varianten



„Insgesamt war das Virus in den allermeisten untersuchten Personen erstaunlich stabil. Allerdings konnten wir in einer Patientin, die mit Remdesivir behandelt wurde, beobachten, dass es unmittelbar nach Behandlungsbeginn zur Bildung einer hohen Anzahl von Mutationen kam – darunter auch mindestens eine Mutation, die mit hoher Wahrscheinlichkeit eine erhöhte Resistenz gegenüber Remdesivir vermittelt.“

Prof. Adam Grundhoff, Leiter der LIV-Forschungsgruppe Virus Genomik

„Unsere Arbeit zeigt, dass es nicht die lange Infektionsdauer an sich ist, welche die Bildung neuer Varianten nach sich zieht, sondern, dass es dazu vielmehr eines evolutionären Flaschenhalses bedarf, wie er durch eine antivirale Behandlung entstehen kann. Diese Erkenntnis ist besonders mit Blick auf die jüngsten Diskussionen über den Einsatz von Remdesivir zur Behandlung von nicht hospitalisierten Hochrisiko-Patientinnen und -Patienten wichtig, aber auch für die Einführung potenziell neuer antiviraler Therapeutika.“

Prof. Nicole Fischer, UKE Hamburg

Können Patient*innen mit langanhaltenden Infektionen zur Entstehung neuer SARS-CoV-2-Varianten beitragen? Ein Forschungsteam aus dem LIV und dem UKE ist dem genauer nachgegangen und konnte zeigen, dass es nicht die lange Infektionsdauer an sich ist, die die Bildung neuer Varianten nach sich zieht, sondern es eines evolutionären Flaschenhalses bedarf, wie er zum Beispiel durch eine antivirale Behandlung entstehen kann. Die Ergebnisse sind jetzt in der renommierten Fachzeitschrift *Cell Reports Medicine* als Pre-Proof erschienen.

Langanhaltende SARS-CoV-2-Infektionen treten vor allem bei immungeschwächten Patient*innen auf und wurden wiederholt als wichtige Faktoren für die virale Evolution diskutiert: Eine verringerte Immunrestriktion könnte zu einer breiten Zunahme der viralen Vielfalt innerhalb des Wirts führen und so die Entstehung neuer Varianten begünstigen, insbesondere, wenn antivirale Behandlungen wie mit Remdesivir oder Rekonvaleszenzplasma einen Selektionsdruck für den Erwerb von Fluchtmutationen ausüben.

Untersuchung der genomischen Vielfalt bei langanhaltenden Infektionen

In der im Journal *Cell Reports Medicine* publizierten Studie hat ein Forschungsteam unter der Leitung von Prof. Dr. Adam Grundhoff (LIV) und Prof. Dr. Nicole Fischer (UKE) untersucht, ob Patient*innen mit langanhaltenden Infektionen grundsätzlich eine erhöhte Virusevolution aufwei-

sen, welche die schnellere Entstehung von SARS-CoV-2-Varianten ermöglichen könnte, oder ob bestimmte Behandlungsschemata die Entstehung neuer Mutationen fördern.

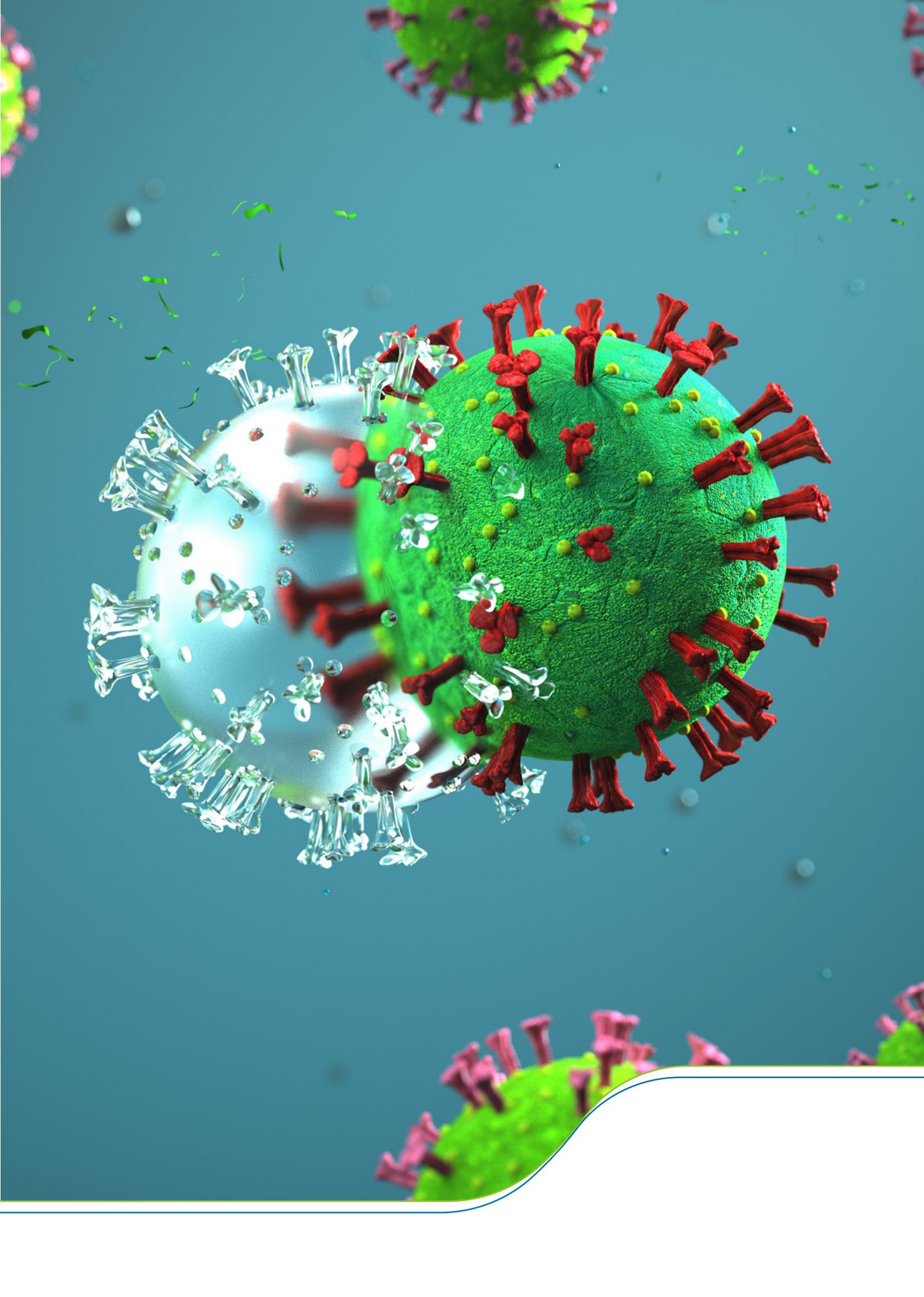
Dafür wurde die genomische Vielfalt innerhalb des Wirts in Längsschnittpunkten von 14 Patient*innen mit längerer viraler Persistenz (30–146 Tage) mittels Gesamtgenomsequenzierung während einer schweren COVID-19-Erkrankung untersucht; darunter immungeschwächte und immunkompetente Patient*innen mit oder ohne antivirale Behandlung, um das Auftreten von Mutationen mit und ohne Selektionsdruck zu bewerten.

Antivirale Behandlung fördert evolutionären Flaschenhals

Patient*innen mit langanhaltender SARS-CoV-2-Infektion und antiviraler Remdesivir-Behandlung zeigten einen deutlichen Anstieg der viralen Intra-Host-Diversität mit neu auftretenden Mutationen. Im Gegensatz dazu konnte bei Patient*innen, die ausschließlich eine entzündungshemmende Behandlung erhielten, nur sporadisch das Auftreten neuer Varianten beobachtet werden.

Publikation

Andreas Heyer, Thomas Günther, Alexis Robitaille, Marc Lütgehetmann, Marylyn M. Addo, Dominik Jarczak, Stefan Kluge, Martin Aepfelbacher, Julian Schulze zur Wiesch, Nicole Fischer and Adam Grundhoff (2022). *Remdesivir-induced emergence of SARS-CoV-2 variants in patients with prolonged infection. Cell Reports Medicine, August 16, 2022.*





Programmbereiche

Das Forschungsprofil des LIV 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 LIV. Multidisziplinär und mithilfe modernster Technologien sowie von (Kleintier-)Infektionsmodellen sollen in den Programmbereichen grundlegende Virusspezies-übergreifende Mechanismen der Viruspathogenese identifiziert, in Therapieansätze überführt und in präklinischen Studien getestet werden.

Die Forschungsarbeiten im Programmbereich PB1 **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 PB2 **Innovative Therapieansätze** (Leitung: Prof. Dr. Marcus Altfeld) steht die translatorische 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 LIV stellen die vier übergeordneten Schwerpunktthemen (*Overarchings*) **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 LIV-Forschungseinheiten in gemeinsamen Fragestellungen zu bündeln und grundlegende, allgemeingültige Mechanismen der Virusvermehrung, Pathogenese und zellulären Virusabwehr labor- und virusspeziesübergreifend zu erforschen.

Determinanten des Wirtsspektrums

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 Viren unterschiedlicher Spezies im Verlauf der Evolution entwickelt haben, um intrazelluläre Wirtsbarrieren zu durchbrechen und sich somit an neue Wirte anzupassen. Mittels der am LIV 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

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 LIV entwickelten humanisierten Mausmodelle. Zudem werden Proben von Patientenkohorten genutzt, um virusspezifische und Impfstoff-induzierte Immunantworten zu untersuchen. Die trans-

lationalen 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 langfristig Voraussetzungen zu schaffen, um antivirale Therapiekonzepte in prä- und auch klinischen Studien am Standort zu testen.

Struktur und Dynamik viraler Morphogenese

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 speziesübergreifende Prinzipien abgeleitet werden. Darüber hinaus sollen die am LIV 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.

Virale Latenz & Persistenz

Das dritte übergeordnete Schwerpunktthema *Virale Latenz & 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, mithilfe 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.



Programmbereich-Sprecher

PB 1 *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* Prof. Dr. Wolfram Brune

PB 2 *Innovative Therapieansätze* Prof. Dr. Marcus Altfeld

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

Struktur Dynamik viraler Morphogenese Prof. Dr. Kay Grünewald/Dr. Charlotte Uetrecht

Virale Latenz & Persistenz Prof. Dr. Adam Grundhoff



Gruppenvorstellungen

Die Forschungseinheiten des LIVs gliedern sich aktuell in sechs **Forschungsabteilungen**, eine unabhängige **Forschungsgruppe** sowie drei unabhängige **Nachwuchsgruppen**. Dabei sind die Abteilungen und Forschungsgruppen als permanente Organisationseinheiten konzipiert, während die Nachwuchsgruppen seit 2010 auf Zeit und ohne Tenure Track Option eingerichtet sind, um in diesem Bereich langfristig die größtmögliche Flexibilität zu gewährleisten. Stand Ende 2022 hat das LIV zudem zwei **assoziierte Gruppen**.

Die Mischung permanenter und zeitlich begrenzter Forschungseinheiten schafft eine Organisationsstruktur von deutlichem Mehrwert, die eine breite Themen- und Technologiebasis als Kernstruktur des Instituts gewährleistet und gleichzeitig die Möglichkeit für kurzfristige Forschungstätigkeiten zu aktuellen Fragestellungen in der deutschen Gesundheitsforschung bietet. Hierdurch erreicht das LIV ein hohes Maß an Flexibilität, ohne dabei die Kontinuität seines Forschungsprofils zu vernachlässigen.

Abteilungen

Virus Immunologie

Gruppenleitung: Prof. Dr. Marcus Altfeld

Kurzvita

Seit 2017	Direktor, Institut für Immunologie, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf
Seit 2013	Leiter der Abteilung <i>Virus Immunologie</i> am LIV
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	PostDoc, Partners AIDS Research Center, Massachusetts General Hospital and Harvard
1997–1999	Resident, Medizinische Fakultät, Universitätskliniken Bonn
1998	Promotion (Dr. med.) in der Klinik I für Innere Medizin der Universität Köln



Mitarbeitende

Abteilungsleiter	Prof. Dr. Marcus Altfeld
Teamassistentz	Anja Lindemann
AG-Leitungen:	Dr. Angelique Hölzemer (AG <i>Infektion und Immunregulation</i>) & Dr. Dr. Madeleine Altfeld Bunders (AG <i>Immunogenese und Virale Infektionen</i> , seit 01.09.2023: Heisenberg-Professur mit assoziierter Arbeitsgruppe am LIV)
Wissenschaftler*innen	Dr. Tanja Barkhausen, Dr. Martin Baumdick, Dr. Felix Flomm, Dr. Dr. Angelique Hölzemer, Nneoma Iwu, Dr. Vinita Joshi, PD Dr. Christian Körner, Dr. Tobias Koyro, Dr. Leonore Mensching-Johnson, Dr. Andrea Piroso, Dr. Maria Pujantell Graell, Friederike Reinsberg, Dr. Sebastian Schloer, Dr. Nikolaos-Taxiarchis Skenteris, Dr. Britta Zecher
Promovierende	Maya Beiersdorfer, Janna Marieke Claussen, Janis Luca Dänekas, M. Sc. Pia Fittje, Benjamin Grünhagel, M. Sc. Kerri Hagemann, M. Sc. Johannes Höfle, M. Sc. Johannes Jung, M. Sc. Nils Dominik Lonken, Luisa Müller, M. Sc. Benedetta Padoan, Marek Pospisil, Vera Schwane, Sophia Swelim, B. Sc. Rebecca-Jo Thiele, M. Sc. Timo Trenkner, M.Sc. Sarah Vollmers, Annerose Ziegler
Diplomandin	Nadja Kleist
Technische Assistenz	Arne Düsedau, Jana Hennesen, Heike Hildebrandt, Christin Illig, Urte Matschl



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Thomas Dobner
- Prof. Dr. Adam Grundhoff
- Prof. Dr. Maya Topf

Externe Kooperationspartner*innen:

- Mary Carrington, Ph. D., National Cancer Institute, USA
- Prof. Dr. Frank Kirchhoff, Universität Ulm
- Prof. Dr. Maura Dandri-Petersen, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE)



Besonders nennenswerte Publikationen

- Fittje P et al. HIV-1 Nef-mediated downregulation of CD155 results in viral restriction by KIR2DL5+ NK cells. *PLoS Pathog.* 2022 Jun 24;18(6):e1010572.
- ADCC in SARS-CoV-2-infected individuals and vaccine recipients. *Eur J Immunol.* 2022 Aug;52(8):1297-1307.
- Jung JM et al. KIR3DS1 directs NK cell-mediated protection against human adenovirus infections. *Science Immunology.* 2021 Sep 17;6(63).

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Die Forschungsabteilung *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 immu-

nity. 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 outcome 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 2021 und 2022

- ERC Advanced Grant, welches die Rolle von HLA Klasse 2 Molekülen in der Regulation von NK Zellantworten gegen Viren untersucht
- DFG Forschungsgruppe 5068 zu geschlechterspezifischen Unterschieden in Immunantworten
- Gemeinsame Untersuchungen mit Prof. Dr. Dobner und Prof. Dr. Dr. Bunders zur NK Zell-vermittelten Kontrolle von Adenoviren

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

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.



Virus-Wirt-Interaktion

Gruppenleitung: Prof. Dr. Wolfram Brune



Kurzvita

Seit 2015	Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor des LIV
Seit 2010	Professor (W3) und Leiter der Abteilung <i>Virus-Wirt-Interaktion</i> am LIV
2005–2010	Leiter des Fachgebiets <i>Virale Infektionen</i> , 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 Dept. of Molecular Biology, Princeton University, USA
1996–2000	Wiss. Mitarbeiter am Max-von-Pettenkofer-Institut, LMU München
1995	Promotion (Dr. med.), Universität Heidelberg

Mitarbeitende

Abteilungsleiter	Prof. Dr. Wolfram Brune
Teamassistentz	Ina Podeschwa (seit 01.09.2022), Martina Hintz (bis Juli 2022)
Wissenschaftler*innen	Dr. Enrico Caragliano, Dr. Eléonore Ostermann, Dr. Ana Pinto
Promovierende	M. Sc. Giorgia Cimato, M. Sc. Yingqi Deng, M. Sc. Luís Fonseca Brito, Vincent Klatt, M. Sc. Jan Knickmann, Valentina König, M. Sc. Laura-Marie Luoto, M. Sc. Laura Staliunaite, M. Sc. Irke Waßmann, M. Sc. Linjiang Yang, M. Sc. Tianyu Zhang, M. Med. Xuan Zhou
Technische Angestellte	Michaela Bockelmann, Renke Brixel

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Die Abteilung *Virus-Wirt-Interaktion* beschäftigt sich mit 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 Schlüsselmoleküle 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 Program Area *Molecular Mechanisms of Viral Pathogenesis* as well as to the overar-

ching 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 2021 und 2022

- Entdeckung eines neuen Prinzips der Entstehung viraler Replikationskompartimente (Caragliano et al., *Cell Reports* 2022)
- Identifizierung eines neuen viralen Immunevasionsmechanismus (Deng et al., in revision)
- Beteiligung an einem DARPA-geförderten internationalen Konsortium zur Entwicklung einer übertragbarer Vakzine

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

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 Maus-Modell und die Analyse klinischer Proben umfasst. Zellkulturmodelle zur CMV-Infektion myeloider Zellen werden ebenfalls vermehrt genutzt werden, um Aufschlüsse über die Infektion dieser Zelltypen und ihre Rolle bei der Infektion zu gewinnen.



Auszeichnungen & Preise 2021/2022

- *Best Presentation Award, International CMV Workshop 2022, awarded to Enrico Caragliano*
- *Travel Award, DZIF Annual Meeting 2022, awarded to Tianyu Zhang*



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Adam Grundhoff
- Prof. Dr. Jens Bosse
- Prof. Dr. Kay Grünewald
- Prof. Dr. Marcus Altfeld

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Melanie Brinkmann, Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung, Braunschweig
- Prof. Dr. Thomas Schulz, Prof. Martin Messerle, Medizinische Hochschule Hannover
- Prof. Dr. Thomas Krey, Universität zu Lübeck
- Dr. Martin Empting, Helmholtz Institute for Pharmaceutical Research Saarland
- Prof. Dr. Stipan Jonjic, University of Rijeka, Kroatien
- Prof. Dr. Michael Jarvis, University of Plymouth, UK
- Prof. Dr. Andrew Davison, MRC Glasgow, UK
- Prof. Dr. Asisa Volz, TiHo Hannover
- Prof. Dr. Hartmut Schlüter, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Felix Stahl, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Petra Arck, UKE Hamburg
- Dr. Peter Hübener, UKE Hamburg
- Dr. Lisa Oestereich, BNITM Hamburg



Besonders nennenswerte Publikationen

- Caragliano E, Bonazza S, Frascaroli G, Tang J, Soh TK, Grünewald K, Bosse JB, Brune W (2022). Human cytomegalovirus forms phase-separated compartments at viral genomes to facilitate viral replication. *Cell Rep.* 2022 Mar 8;38(10):110469.
- Hinte F, Müller J, Brune W (2021). Viral mediated tethering to SEL1L facilitates ER-associated degradation of IRE1. *J Virol.*, 2021 Jan 20;95(8):e01990-20.
- Muscolino E, Castiglioni C, Brixel R, Frascaroli G, Brune W (2021). Species-Specific Inhibition of Necroptosis by HCMV UL36. *Viruses.* 2021 Oct 22;13(11):2134.

Virale Transformation

Gruppenleitung: Prof. Dr. Thomas Dobner



Kurzvita

Seit 2009	Wissenschaftlicher Direktor des LIV
Seit 2006	Professor (W3) und Leiter der Abteilung <i>Virale Transformation</i> am LIV
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	PostDoc, Department of Molecular Biology, Princeton University, USA
1990	Promotion (Dr. rer. nat.) Universität München (LMU)

Mitarbeitende

Abteilungsleiter	Prof. Dr. Thomas Dobner
Teamassistentz	Edda Renz
Wissenschaftler*innen	Dr. Luca Bertzbach, Dr. Paloma Hildalgo, Dr. Wing Hang Ip, Dr. Konstantin von Stromberg
Promovierende	M. Sc. Laura Seddar
Technische Assistenz	Gabriele Dobner, M. Sc. Britta Gornott, Dipl. Chem. Tina Meyer

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Die Forschungsabteilung *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 & 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 Latency and Persistence* and *Structure and Dynamics of Viral Morphogenesis*, while the increasingly translational research work is located in the second program area *Innovative Antiviral Therapies*.

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- Das DNA-bindende Protein (DBP) humaner Adenoviren reguliert den späten, lytischen Infektionsverlauf über die Etablierung viraler DBP-positiver Replikationskompartimente
- Identifizierung und Charakterisierung eines neuen Replikationskompartiments im Zellkern Adenovirus-infizierter Zellen
- NK-Zellen schützen vor Adenovirus-Infektionen durch den aktivierenden NK-Zellrezeptor KIR3DS1

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Auf der Grundlage der in den vergangenen Jahren erzielten Ergebnisse werden die Forschungsarbeiten in drei Schwerpunktbereichen fortgesetzt. Dazu zählen 1.) die Entwicklung niedermolekularer Inhibitoren humaner Adenoviren, 2.) die Untersuchungen zur epigenetischen Regulation der zellulären und viralen Transkriptionskontrolle und 3.) 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 Organoiden ermöglichen.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Marcus Altfeld
- Prof. Dr. Madeleine Altfeld-Bunders
- Prof. Dr. Kay Grünewald

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Anja Ehrhardt, Universität Witten/Herdecke
- Prof. Dr. Nicole Fischer, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Ramón González, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Mexico
- Prof. Dr. Roger Grand, University of Birmingham, CRC Institute for Cancer Studies, UK
- Dr. Adriana Kajon, Lovelace respiratory Research Institute, Albuquerque, New Mexico, USA
- Prof. Dr. Tamar Kleinberger, Technion, Israel Institute of Technology, Haifa, Israel
- Prof. Dr. Sabrina Schreiner, Institut für Virologie, Freiburg



Besonders nennenswerte Publikationen

- Jung JM, Ching W, Baumdick ME, Hofmann-Sieber H, Bosse JB, Koyro T, Möller KJ, Wegner L, Niehrs A, Russu K, Ohms M, Zhang W, Ehrhardt A, Duisters K, Spierings E, Hölzemer A, Körner C, Jansen SA, Peine S, Königs I, Lütgehetmann M, Perez D, Reinshagen K, Lindemans CA, Altfeld M, Belderbos M, Dobner T, Bunders MJ. 2021. KIR3DS1 directs NK cell-mediated protection against human adenovirus infections. *Sci Immunol.* 6(63):eabe2942.
- Boddin J, Ip WH, Wilkens B, von Stromberg K, Ching W, Koyuncu E, Bertzbach LD, Dobner T. 2022. A Single Amino Acid Switch in the Adenoviral DNA Binding Protein Abrogates Replication Center Formation and Productive Viral Infection. *mBio.* 13(2):e0014422.
- Kolbe V, Ip WH, Kieweg-Thompson L, Lang J, Gruhne J, Meyer T, Wilkens B, Schie M, Thünauer R, Schreiner S, Bertzbach LD, Rodríguez E, Dobner T. 2022. Conserved E1B-55K SUMOylation in Different Human Adenovirus Species Is a Potent Regulator of Intracellular Localization. *J Virol.* 96(3):e0083821.

Virale Zoonosen – One Health

Gruppenleitung: Prof. Dr. Gülşah Gabriel



Kurzvita

Seit 2018	Leiterin der Abteilung <i>Virale Zoonosen – One Health</i> am <i>Leibniz Institut für Virologie</i> , Hamburg
Seit 2018	W3-Professorin für Virologie an der Tierärztlichen Hochschule Hannover
2014–2018	Leiterin der Forschungsgruppe <i>Virale Zoonosen</i> und <i>Adaptation</i> am <i>Heinrich-Pette-Institut, Leibniz Institut für Experimentelle Virologie</i>
2014–2018	W2 Professorin für Virale Zoonosen Universität zu Lübeck
2009–2013	Leiterin der Emmy Noether Nachwuchsgruppe (DFG) <i>Influenza Pathogenese</i> <i>Heinrich-Pette-Institut, Leibniz Institut für Experimentelle Virologie</i>
2007–2009	Postdoc, Sir William Dunn School of Pathology, Universität Oxford, Großbritannien
2006–2007	Postdoc, Institut für Virologie, Philipps Universität Marburg, Deutschland

Mitarbeitende

Abteilungsleiterin	Prof. Dr. Gülşah Gabriel
Teamassistentz	Dipl. Biol. Ute Neumann
Wissenschaftler*innen	Dr. Amirah Al Jawazneh, Dr. Sebastian Beck, Dr. Nancy Mounogou Kouassi, Dr. Zoé Schmal, Dr. Stephanie Stanelle-Bertram
Promovierende	M. Sc. Tian Bai, M.Sc. Victoria Pfordt, B. Sc. Fabian David Stoll
Technische Assistenz	Annette Gries, Hanna Jania, Marina Kaiser, Anna Lüttjohann, Dipl. Bio. Ing. Ursula Müller, Jenny Ruschinski

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. Wildenten und andere Wasservögel sind das Reservoir, in dem alle bisher bekannten 16 HA- und 9 NA-Subtypen zirkulieren. Gelegentlich können aber 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.

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. Migratory birds are considered the natural reservoir of all influenza A viruses harboring 16 HA and 9 NA subtypes. 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.

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- Seit 2021: Mitglied der Leopoldina Arbeitsgruppe COVID-19 und Antiviralia

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

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

In den letzten Jahren wurde das Repertoire der Abteilung durch weitere respiratorische Viren, wie zum Beispiel SARS-CoV-2 und RSV, 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 Pathogenese für diese Viren und für eine zukünftige Therapieentwicklung erweitert werden.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Adam Grundhoff

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Ulrich Schaible, Prof. Dr. Susanne Kraus-Etschmann, Dr. Michael Wegmann, Forschungszentrum Borstel
- Prof. Dr. Jörg Heeren, Prof. Dr. Benjamin Ondruschka, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Ab Osterhaus, Prof. Dr. Wolfgang Baumgärtner, Prof. Dr. Silke Rautenschlein, Prof. Dr. Franziska Richter, Prof. Dr. Maren Köckritz von Blickwede, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
- Prof. Dr. Tobias Welte, Medizinische Hochschule Hannover
- Prof. Dr. Hiroshi Nishiura, Kyoto University



Besonders nennenswerte Publikationen

- Bai T, Chen Y, Beck S, Stanelle-Bertram S, Mounogou NK, Chen T, Dong J, Schneider B, Jia T, Yang J, Wang L, Meinhardt A, Zapf A, Kreienbrock L, Wang D, Shu Y and Gabriel G. (2022). Low testosterone levels in H7N9 infected men correlate with high cytokine responses and lethal outcome: a retrospective cohort study. *Nat Commun*, 13(1):6936.
- Zickler M, Stanelle-Bertram S, Ehret S, Heinrich F, Lange P, Schaumburg B, Mounogou Kouassi N, Beck S, Jäckstein MY, Mann O, Krasemann S, Schröder M, Jarczак D, Nierhaus A, Kluge S, Peschka M, (...), Ondruschka B, Heeren J*, Gabriel G* (2021). Replication of SARS-CoV-2 in adipose tissue determines organ and systemic lipid metabolism in hamsters and humans. *equally contributed. *Cell Metab*. 34(1):1-2.
- Schroeder M, Schaumburg B, Mueller Z, Parplys A, Jarczак D, Roedl K, Nierhaus A, de Heer G, Grensemann J, Schneider B, Stoll F, Bai T, Jacobsen H, Zickler M, Stanelle-Bertram S, Klaetschke K, Renné T, (...), Kluge S* & Gabriel G* (2021). High estradiol and low testosterone levels are associated with critical illness in male but not in female COVID-19 patients: a retrospective cohort study. *equally contributed. *Emerg Microbes Infect*. 2021 Dec;10(1):1807-1818.

Strukturelle Zellbiologie der Viren

Gruppenleitung: Prof. Dr. Kay Grünewald



Kurzvita

- | | |
|-----------|---|
| 2022–2023 | Wissenschaftlicher Direktor des Centre for Structural Systems Biology (CSSB), Hamburg |
| 2020–2021 | Stellvertretender Wissenschaftlicher Direktor des Centre for Structural Systems Biology (CSSB), Hamburg |
| Seit 2017 | Professor für Strukturelle Virologie (W3), Institut für Biochemie und Molekularbiologie, Universität Hamburg und Leiter der Forschungsabteilung <i>Strukturelle Zellbiologie der Viren</i> am <i>Leibniz-Institut für Virologie</i> (LIV, ehemals HPI), Hamburg |
| 2017–2027 | Gastprofessor für <i>Structural Cell Biology</i> , Universität Oxford, UK |
| Seit 2014 | Direktoriumsmitglied am Centre for Structural Systems Biology (CSSB), Direktor der Multi-User-Kryo-EM-Technologieplattform und Co-Direktor der Core Facility Advanced Light and Fluorescence Microscopy (ALFM), Hamburg |
| 2013–2018 | Assoziierter Wissenschaftler, Diamond Light Source, Harwell, UK |
| 2013–2017 | Professor für <i>Structural Cell Biology</i> , Universität Oxford, UK |
| 2009–2017 | Gruppenleiter und Leiter des Oxford Particle Imaging Centre (OPIC), Universität Oxford, Division of Structural Biology, Wellcome Centre for Human Genetics, Oxford, UK |
| 2004–2009 | Emmy-Noether-Nachwuchsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für Biochemie, Martinsried |
| 2004 | Wissenschaftler am Max-Planck-Institut für Biochemie, Martinsried |
| 2002–2003 | Postdoktorand an den National Institutes of Health (NIH), Laboratory of Structural Biology Research, Bethesda, USA |
| 2001 | Postdoktorand an der Friedrich-Schiller-Universität Jena und am Max-Planck-Institut für Biochemie, Martinsried |

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 ist derzeit nur rudimentär verstanden. Viren und deren Interaktionen mit Wirtszellen stellen ein attraktives Modellsystem zur Analyse von makromolekularen Interaktionen dar. Die Aufklärung der dynamischen Virus-Wirt-Interaktionen und der zugrunde liegenden Mechanismen ist 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 Arbeitsgruppe verwendet dazu die Kryo-Elektronentomografie (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 amorpher Eises, sorgt für einen ausgezeichneten Strukturerehalt 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 macromole-

cular 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 group applies cryo-electron tomography (cryoET) 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 2021 und 2022

Die Identifikation von Molekülen in elektronentomografischen Datensätzen ist eine der großen Herausforderungen bei der Analyse von KryoET-Daten. Unsere Arbeitsgruppe hat dazu in Zusammenarbeit mit Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern der Universität Oxford (UK) eine Methode entwickelt, die funktionalisierte DNA-Origamis in der Form von ‚Straßenschildern‘ (*signposts*) verwendet. So konnten wir Proteine auf komplexen Zelloberflächen identifizieren. Die daraus resultierende Publikation (Silvester *et al.* (2021) *Cell* 184(4):1110-1121.e16.) wurde 2022 mit dem „Outstanding Paper Award (OPA)“ der Europäischen Mikroskopischen Gesellschaft (EMS) in der Kategorie „*Instrumentation and Technique Development*“ ausgezeichnet.

Gefördert durch das Leibniz SAW Programm haben wir in Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen von Maria Rosenthal (BNITM, Hamburg) und Stephen Cusack (EMBL, Grenoble) weitere der multifunktionalen L-Proteine von Bunyaviren strukturell charakterisiert.



Besonders nennenswerte Publikationen

- Villalta A, Schmitt A, Estrozi LF, Quemín ERJ, Alempic JM, Lartigue A, Pražák V, Belmudes L, Vasishtan D, Colmant AMG, Honor FA, Couté Y, Grünwald K, Abergel C. (2022) *The giant mimivirus 1.2 Mb genome is elegantly organized into a 30-nm diameter helical protein shield.* *Elife* 11:e77607.
- Kouba T, Vogel D, Thorkelsson SR, Quemín ERJ, Williams HM, Milewski M, Busch C, Günther S, Grünwald K, Rosenthal M, Cusack S (2021) *Conformational changes in Lassa virus L protein associated with promoter binding and RNA synthesis activity.* *Nat Commun.* 12(1):7018.
- Silvester E, Vollmer B, Pražák V, Vasishtan D, Machala EA, Whittle C, Black S, Bath J, Turberfield AJ, Grünwald K, Baker LA (2021) *DNA origami signposts for identifying proteins on cell membranes by electron cryotomography.* *Cell* 184(4):1110-1121.e16.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Jens Bosse
- Prof. Dr. Wolfram Brune
- Prof. Dr. Thomas Dobner
- Prof. Dr. Maya Topf

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Lindsay Baker, Universität Oxford, UK
- Prof. Dr. Montse Barcena, Leiden, NL
- Prof. Dr. Stephen Cusack, EMBL Grenoble, France
- Prof. Dr. Ileana M. Cristea, Princeton University, USA
- Prof. Dr. Tim Gilberger, BNITM/UHH/CSSB, Hamburg
- Prof. Dr. Dirk Görlich, MPI Göttingen, DE
- Prof. Dr. Rainer Kaufmann, UHH/CSSB, Hamburg, DE
- Prof. Dr. Thomas Krey, Universität zu Lübeck, DE
- Prof. Dr. Thomas C. Mettenleiter, FLI Riems, Greifswald, DE
- Prof. Dr. Félix A. Rey und Dr. Marija Backovic, Institut Pasteur, Paris, France
- Prof. Dr. Carol Robinson, Universität Oxford, UK
- Dr. Maria Rosenthal und Prof. Dr. Stephan Günther, BNITM, Hamburg, DE
- Prof. Dr. Kostas Thalassinos, University College London, UK
- Prof. Dr. Harald Wodrich, Université de Bordeaux, France



Auszeichnungen & Preise 2021/2022

- Marie Skłodowska-Curie Individual Fellowship Award 2022 an Dr. Emily Machala
- Wellcome Trust „Early Career Award“ 2022 an Dr. Emma Silvester für eigene Arbeitsgruppe am Kavli Institut der Universität Oxford, UK
- European Microscopy Society (EMS) „Outstanding Paper Award (OPA)“ 2022 in der Kategorie „Instrumentation and Technique Development“ für Silvester et al. 2021 *Cell* 184(4):1110-1121
- ATIP-Avenir Award 2022 als Nachwuchsgruppenleiterin am I2BC Paris-Saclay, Frankreich an Dr. Emmanuelle Quemin
- Klaus Tschira Boost Fund Award 2021 an Dr. Emmanuelle Quemin
- Gruppenleiterposition 2021 an Dr. Lindsay Baker am Kavli Institut der Universität Oxford, UK

So konnten wir verschiedene Konformationsänderungen im L-Protein des Lassa-Virus, dem Verursacher von schweren hämorrhagischen Fiebrern, verschiedenen Funktionszuständen, zum Beispiel Promotor-Bindung oder RNA-Synthese, zuordnen (Kouba *et al.* (2021) *Nat Commun.* 12(1):7018.).

In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von Chantal Abergal (CNRS/Aix-Marseille Universität, Marseille) konnte die Architektur des Mimivirus, einem Vertreter der sehr großen DNA-Viren, sowie die intravirale Organisation seines Genoms in Form einer Helix von 30 nm Durchmesser aufgeklärt werden (Villalta *et al.* (2022) *Elife* 11:e77607).

Auch die Kooperation mit Arbeitsgruppen am CSSB haben wir weiter vertieft. Besonders zu nennen sind hier die Arbeiten gemeinsam mit der Gruppe von Tim Gilberger (BNITM/UHH, Hamburg) zum Parasiten *Plasmodium falciparum*, dem Erreger der Malaria. Hier haben wir gemeinsam Veränderungen der subzellulären Architektur im Verlauf der verschiedenen Stadien des Lebenszyklus dieses eukaryotischen Pathogens untersucht: Unter anderem konnten wir eine unerwartete Variabilität im molekularen Aufbau der Zytoskelettelemente (Mikrotubuli) aufzeigen. Zudem hat unsere Arbeitsgruppe gemeinsam mit Meytal Landau (Tecnon, Haifa) während und nach ihrem ‚Sabbatical‘ am CSSB eine viel beachtete Studie zur Struktur zweier antimikrobieller cross- β amyloid Fibrillen aus Amphibien veröffentlicht (Bücker *et al.* (2022) *Nat. Commun.* 13(1):4356.).

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Die molekularen Mechanismen, die zu Membranmodulationen im Verlauf der zellulären Infektion von Herpes-, Bunya- und Adenoviren führen, stehen auch künftig im Mittelpunkt. Die

Gruppe arbeitet weiter 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 einschließlich von Poxviren wie Vaccinia-Virus wird ein aktuelles Arbeitsthema bleiben. Entlang der biologischen Fragestellungen werden auch neuartige methodische Ansätze entwickelt und verfeinert, beispielsweise Labelling mit DNA-Origami-Nanostrukturen, Arbeitsabläufe für effizientere korrelative Kryo-Mikroskopie sowie die Etablierung von KryoET-Arbeitsabläufen auch für komplexere biologische Untersuchungssysteme wie Organoide.

Zu letzterem Aspekt arbeiten wir eng zusammen mit Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern am LIV und am UKE und deren einschlägiger vorhandener Expertise. Dazu werden auch auf unserer Seite die bisherigen Arbeitsabläufe in der KryoET angepasst und ausgeweitet (sogenannte „waffle method“ sowie „lift-out technique“). Gleichzeitig wird die Arbeit an Neuronen als relevante Wirtszellen für neurotrope Herpesviren in bereits bestehenden Kollaborationen forciert. Darüber hinaus werden wir die Forschung an neu auftretenden Viren (Bunya-, Arenaviren) intensivieren (Teilprojekt in DFG SFB-Antrag gestellt; ERC Synergie-Grant zur Thematik beantragt; hämorrhagische Fieber verursachende Viren als ein Fokus im Exzellenzclusterantrag „Gateways to Health“ der UHH, bei dem K. Grünwald Sprecher ist) und von *in vitro* auf zelluläre Studien ausweiten. Ebenso werden wir Synergien mit Gruppen am LIV, die an Flaviviren arbeiten, nutzen, um mit diesen gemeinsam Wege für subzelluläre Interaktionsstudien anzugehen. Das in naher Zukunft bereitstehende Labor der biologischen Schutzstufe 3 (BSL-3) am CSSB, mit

dedizierten Möglichkeiten für *state-of-the-art* Imaging-Technologien einschließlich KryoEM und KryoET, wird die Forschung der Gruppe nachhaltig unterstützen und beeinflussen. Nicht zuletzt wurden im Berichtszeitraum Arbeiten zur Aufklärung der Struktur des Terminase-Proteins des humanen Cytomegalie-Virus begonnen. Dieses stellt das Zielmolekül für den jüngst

zugelassenen antiviralen Wirkstoff *Letermovir* dar. Die Arbeiten sollen in Zukunft mit Partnern von der Medizinischen Hochschule Hannover und dem Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung in Braunschweig im Rahmen des DZIF (Deutsches Zentrum für Infektionsforschung) vertieft werden.

Mitarbeitende

Abteilungsleiter	Prof. Dr. Kay Grünewald
Stellv. Abteilungsleiter	Dr. Christoph Hagen
Teamassistenten	Susanne Sindermann (seit 10/2022), Debora Lage (bis 07/2022)
Projektkoordination	Dr. Frederike Ahr (bis 11/2022), Dr. Ronja Markworth (seit 01/2023)
Wissenschaftler*innen	Dr. Lindsay Baker (bis 08/2021), Dr. Susan Black (bis 08/2022), Dr. Robert Bücker (bis 10/2021), Cornelia Cazey (Gast), Dr. Josie Ferreira (bis 02/2022), Dr. Linda Franken (bis 04/2022), Dr. Jan Hellert, Dr. Ulrike Laugks (Gast), Tim Laugks (Gast), Dr. Wolfgang Lugmayr (Gast), Dr. Emily Machala (seit 03/2023 Gast), Dr. Vojtěch Pražák, Dr. Emmanuelle Quemin (bis 11/2021), Dr. Carolin Seuring (Gast), Dr. Emma Silvester (bis 08/2022), Dr. Daven Vasishtan (bis 08/2022), Dr. Benjamin Vollmer (seit 04/2022 Gast), Dr. Harry Williams (Gast)
Promovierende	Tim Benecke (Gast), Simon Corroyer-Dulmont, Henriette Ebel, Clara Andrea Feldmann, Robert Gebauer, Yuhao Han, Yuliia Mironova, Rene Rosch (Gast), Karin Ruban (Gast), Sigurður Rafn Þorkelsson (bis 08/2022)
Studierende/Praktikanten	Märit-Runa Jönsson (seit 04/2023), Paul Meyfarth, Fanny Ott (seit 08/2023), Marcel Zimmeck (bis 05/2023)
Technische Assistenz	Julia Sandberg (bis 03/2023), Simone Träger (seit 04/2023)

Assoziierte Technologieplattform Mikroskopie und Bildanalyse (TP-MIA)

Leiter Technologieplattform Lichtmikroskopie	Dr. Roland Thünauer
Leiter Technologieplattform Elektronenmikroskopie	Dr. Rudolph Reimer
Wissenschaftler*innen	Dr. Christian Conze (seit 11/2022), Dr. Marcel Schie (bis 04/2023)
Promovierende	Florian Sommer
Technische Assistenz	Sebastian Kühn, Carola Schneider, Marc Steinmeyer

Integrative Virologie

Gruppenleitung: Prof. Dr. Maya Topf



Kurzvita

Seit 2020

Leiterin der Abteilung *Integrative Virologie* am *Leibniz-Institut für Virologie* (LIV), Hamburg (Teil des *Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT*, 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) IS

2013–2016

Reader am ISMB

2012–2013

Lecturer am ISMB

2006–2012

Career Development Fellow am ISMB

2003–2006

Postdoktorandin am Department of Biopharmaceutical Sciences an der University of California San Francisco (UCSF)

2002

Promotion im Fach Chemie an der University of Oxford

Mitarbeitende

Abteilungsleiterin	Prof. Dr. Maya Topf
Teamassistentz	Dr. Laetitia Adler-Ohde
Wissenschaftler*innen	Dr. Joseph Beton, Dr. Manaz Kaleel, Dr. Aaron Sweeney, Dr. Sanjana Nair, Dr. Matthias Pfeifer (UKE, LIV Gast), Dr. Mauro Maiorca (UKE, LIV Gast), Dr. Karen Manalastas-Cantos (UHH, LIV Gast), Dr. Guendalina Marini (UKE, LIV Gast)
Promovierende	Thomas Mulvaney, Luca Genz
Technische Assistenz	Birgit Märtens

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes:

Die Gruppe um Prof. Maya Topf hat sich auf integrative Modellierungsmethoden spezialisiert, die darauf abzielen, die Strukturen großer makromolekularer Komplexe, insbesondere von Viren, aufzuklären. Ihre Forschungsansätze zielen darauf ab, die Kluft zwischen der molekularen und der zellulären Ebene zu überbrücken, indem experimentelle Daten besser interpretiert werden. Sie analysieren auch Protein-Protein-Interaktionsnetzwerke, verwenden KI-basierte Ansätze zur Vorhersage und Bewertung von Strukturmodellen und entwerfen Experimente zur Überprüfung der Modelle. Darüber hinaus entwickeln sie Methoden für das Andocken kleiner Moleküle. Derzeit konzentriert sich ihre Forschung auf Daten aus Kryo-EM, Kryo-ET und Massenspektrometrie und wird auf Herpesviren und Arenaviren angewandt. Ein weiteres Thema sind porenbildende Proteine aus der MACPF-Familie.

Die Gruppe befasst sich mit folgenden Schlüsselfragen:

1. Wie können wir mehr Informationen aus experimentellen Daten extrahieren, z. B. aus niedrig aufgelösten KryoEM-Karten oder aus der Crosslinking-Massenspektrometrie?
2. Können wir neue Komplexe aus Protein-Protein-Interaktionsnetzwerken (PPI) identifizieren und ihre Struktur vorhersagen?
3. Können wir das Andocken kleiner Moleküle und das virtuelle Screening mithilfe niedrig aufgelöster KryoEM-Daten verbessern?
4. Können wir KI-basierte Ansätze mit unseren biophysikalischen Berechnungsmethoden kombinieren, um deren Leistung zu verbessern?

Die Gruppe legt Wert auf offene Wissenschaft und stellt die von ihr entwickelten Pakete, darunter TEMPy, Flex-EM, RIBFIND und TEMPy-REFF, als Teil der CCP-EM-Software-Suite und auf ihrer Website zur Verfügung. TEMPy, eine Python-Bibliothek, ermöglicht die Anpassung, Analyse und Bewertung von atomaren Strukturen in Dichtekarten. Sie wird zum Beispiel für die Modellbewertung bei Kryo-EM-Modellierungsaufgaben und von der Elektronenmikroskopie-Datenbank (EMDB) verwendet. Sie integrieren auch Informationen aus der vernetzten Massenspektrometrie in ihre Modellierungspipeline. Ihre Tools können PPI-Netzwerke kartieren, vorhersagen und die entsprechenden Strukturmodelle bewerten.

Synopsis of the scientific working field

The Topf group specializes in integrative modelling methods, aiming to elucidate the structures of large macromolecular complexes, especially from viruses. Their approaches aim to bridge the gap between molecular and cellular levels by better interpreting experimental data. They also analyze protein-protein interaction networks, use AI-based approaches to predict and assess structural models, and design experiments to test the models. Additionally, they develop methods for small molecule docking. At present, their research focuses on data from cryoEM, cryoET, and Mass Spectrometry, and is applied to herpesviruses and arenaviruses. Additional topic is pore-forming proteins from the MACPF family.



Besonders nennenswerte Publikationen

- Malhotra S, Joseph AP, Thiyagalingam J, Topf M. (2021) Assessment of protein-protein interfaces in cryo-EM derived assemblies. *Nat Commun* doi.org/10.1038/s41467-021-23692-x.
- Cragnolini T, Sahota H, Joseph AP, Sweeney A, Malhotra S, Vasishtan D, Topf M (2021) TEMPy2: A Python library with improved 3D electron microscopy density-fitting and validation workflows. *Acta Crystallogr Sect D Struct Biol* 77:41–47.
- Cragnolini T, Kryshtafovych A, Topf M. (2021) *Proteins* 89:1949–1958. Cryo-EM targets in CASP14.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Kay Grünwald
- Prof. Dr. Charlotte Uterrecht
- Prof. Dr. Jens Bosse

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Helen Saibil, Birkbeck University of London
- Prof. Dr. Manju Kurian, University College London
- Prof. Dr. Konstantinos Thalassinou, University College London
- Prof. Dr. Thomas Krey, Universität Lübeck
- Dr. Martyn Winn, Science and Technology Facilities Council Swindon Wiltshire

The group addresses key questions:

1. How can we extract more information from experimental data, such as low-resolution cryoEM maps or crosslinking mass spectrometry?
2. Can we identify new complexes from protein-protein interaction (PPI) networks and predict their structure?
3. Can we improve small molecule docking and virtual screening using low resolution cryoEM data?
4. Can we combine AI-based approaches with our computational biophysical methods to improve their performance?

The group values open science and shares their developed packages, including TEMPy, Flex-EM, RIBFIND, and TEMPy-REFF, as part of the CCP-EM software suite and on their website. TEMPy, a Python library, enables fitting, analyzing, and assessing atomic structures in density maps. It is used for example for model assessment in cryo-EM modelling challenges and by the Electron Microscopy Data Bank (EMDB). They also integrate crosslinking mass spectrometry information into their modelling pipeline. Their computational tools can map and predict PPI networks and assess the corresponding structural models.

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

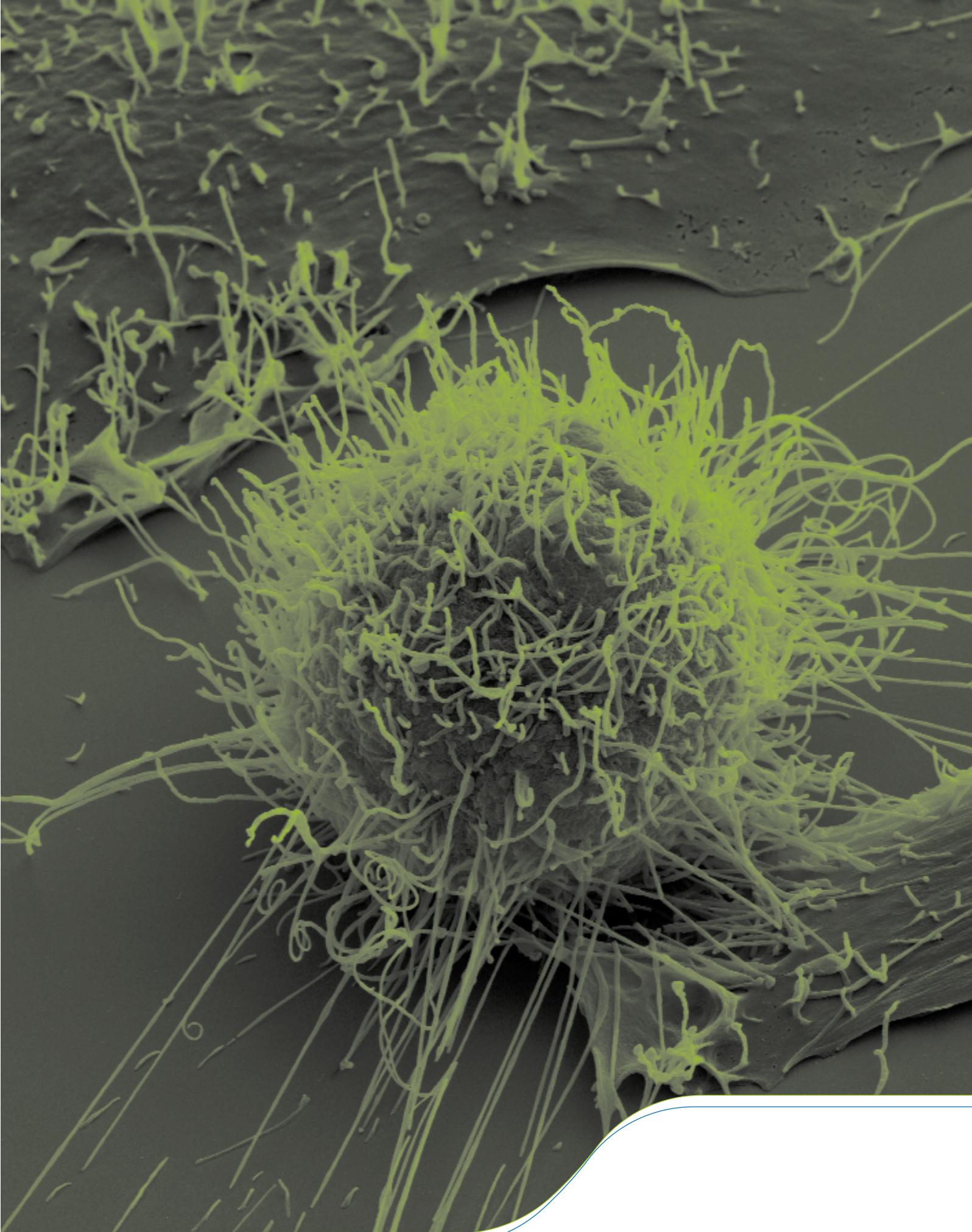
- Co-organiser of CASP15, Dec 2022 (<https://predictioncenter.org/casp15/index.cgi>)
- Co-organiser, EMBO practical course - Practical Integrative Structural Biology, Hamburg Nov 2022

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Unsere Forschungsvision besteht darin, den Bereich der integrativen Strukturmodellierung voranzutreiben, die verschiedene Datenquellen kombiniert, um genaue und umfassende Modelle von Makromolekülverbän-

den zu erstellen. Konkret wenden wir unsere Ansätze zur Untersuchung verschiedener Virusfamilien an, insbesondere Herpesviren und Arenaviren. Im Folgenden sind die spezifischen Meilensteine für die nächsten 3 Jahre aufgeführt:

1. Virus-Baugruppen: Das Verständnis der Struktur und Funktion von Viren ist ein Schlüsselaspekt unserer Forschungsvision. Wir werden Ansätze entwickeln, um nicht nur intravirale Protein-Protein-Interaktionsnetzwerke, sondern auch Virus-Wirt-Netzwerke vorherzusagen. Wir werden neue rechnerische Ansätze erforschen, um die Netzwerke zu clustern und sie mithilfe von KI-basierten Ansätzen, wie AlphaFold2, strukturell zu modellieren.
2. Integrative Modellierung: Wir werden weitere Fortschritte auf dem Gebiet der Kryo-EM-Karten und der Modellvalidierung erzielen, um die Genauigkeit und Zuverlässigkeit der Analyse und Interpretation von Kryo-EM-Daten zu verbessern. Neue Software, die in der Gruppe entwickelt wird, soll der Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden. Außerdem werden wir neue Scores entwickeln, um Modelle anhand von Daten aus der Vernetzungsmassenspektrometrie und der Wasserstoffaustauschmassenspektrometrie zu bewerten.
3. KryoEM und Arzneimittelentdeckung: Wir werden unsere Berechnungspipeline weiterentwickeln, um KryoEM-Daten für das Andocken kleiner Moleküle und das virtuelle Screening zu nutzen. Darüber hinaus werden wir unsere Nasslabor-Assays weiter optimieren, um die Wechselwirkungen zwischen Proteinen, Peptiden und kleinen Molekülen zu testen, und sie anzuwenden, um die Hemmung von Komplexen zu testen, die von Viren (z. B. vom Lassa-Virus) gebildet werden.



Forschungsgruppe

Virus Genomik

Gruppenleitung: Prof. Dr. Adam Grundhoff



Kurzvita

Seit 2013	Professor für Virus Genomik am <i>Leibniz-Institut für Virologie</i> (LIV), Hamburg
Seit 2011	Leiter der Forschungsgruppe <i>Virus Genomik</i> und Leiter der Technologieplattform <i>Hochdurchsatz-Sequenzierung</i> am <i>Leibniz-Institut für Virologie</i> (LIV), Hamburg
2005–2011	Unabhängiger Nachwuchsgruppenleiter am <i>Leibniz-Institut für Virologie</i> (LIV)
2004–2005	Assistant Specialist an der G.W. Hooper Foundation, Department of Microbiology, University of California, San Francisco, USA
1999–2004	HHMI Post-doctoral 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

Mitarbeitende

Forschungsgruppenleiter	Prof. Dr. Adam Grundhoff
Teamassistentz	Christine Block
Wissenschaftler*innen	Dr. Thomas Günther, Dr. Simon Weißmann, PD Dr. Nicole Fischer (Gast)
Bioinformatiker	Dr. Alexis Robitaille
Promovierende	M. Sc. Romina Vargas Ayala, M. Sc. Heidi Meißner, M. Sc. Jacqueline Nakel, M. Sc. Jan Knickmann (Ko-Betreuung mit W. Brune)
Master Student*innen	Emilie Egert, Armin Günther, Henry Scheibel
Technische Assistenz	Marion Ziegler

Technologieplattform Hochdurchsatz-Sequenzierung

Wissenschaftler	Dr. Patrick Blümke (seit 2022)
Bioinformatiker	Dr. Sanamjeet Virdi
Technische Assistenz	Susanne Hoibian, Kerstin Reumann

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Die Forschungsgruppe *Virus Genomik* untersucht genetische, epigenetische und post-transkriptionelle Regulationsmechanismen tumorigener Herpes- und Polyomaviren. Dazu werden experimentelle Infektions- und Latenzmodelle in Verbindung mit systembiologischen Analysemethoden eingesetzt. Das Ziel der Forschung in den beiden Programmbereichen *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese* und *Innovative Therapieansätze* ist es, mithilfe vergleichender Untersuchungen allgemeingültige Prinzipien der viralen Persistenz und Pathogenese abzuleiten, welche nachfolgend zur Entwicklung neuer Interventionsstrategien genutzt werden können. Darüber hinaus nutzt die Gruppe ihre analytische Expertise, um zusammen mit der angeschlossenen Technologieplattform *Hochdurchsatz-Sequenzierung* virale Erreger in klinischen Proben zu untersuchen, etwa zur Aufklärung von Ausbruchsgeschehen oder zur Identifizierung von unbekanntem Pathogenen.

Synopsis of the scientific working field

The research group *Virus Genomics* investigates genetic, epigenetic and post-transcriptional regulatory mechanisms of tumorigenic herpes- and polyomaviruses. To this end, experimental infection and latency models are used in conjunction with systems biology analysis methods. The aim of the research in the two program areas *Molecular Mechanisms of Viral Pathogenesis* and *Innovative Antiviral Therapies* is to derive generally applicable principles of viral persistence and pathogenesis, which can subsequently be used to develop new intervention strategies. In addition, together with the associated technology platform *High-Throughput Sequencing*, the group uses its analytical expertise to investigate viral pathogens in clinical

samples, for example to elucidate outbreak events or to identify unknown pathogens.

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- Projektförderung zur vergleichenden Untersuchung der Rolle epigenetischer Latenzmechanismen innerhalb der DFG Forschungsgruppe FOR 5200, DEEP-DV (Disrupt, Evade, Exploit – Gene expression and host response programming in DNA virus infection; Sprecherinnen N. Fischer und M. Brinkmann)
- Sequenzierung viraler Genome in rund 19.000 Proben im Rahmen der 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
- Fortlaufende Unterstützung der Hamburger Gesundheitsbehörden bei der Aufklärung von SARS-CoV-2 Ausbrüchen in Schulen, Kindertagesstätten, Altenheimen und Krankenhäusern
- DFG-gefördertes Projekt zur Untersuchung des Ursprungs von SARS-CoV-2 Varianten in Langzeit-infizierten Patienten (Heyer, Günther et al., Cell Rep Med 2022)

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Während der Pandemie machte die Analyse von SARS-CoV-2 Varianten einen wesentlichen Teil der Tätigkeiten der Gruppe aus. Demgegenüber wird der Schwerpunkt der Forschungsaktivitäten in den kommenden Jahren wieder auf der Erforschung humanpathogener Herpes- und Polymaviren liegen. Dabei beabsichtigt die Gruppe insbesondere, ihre Forschung auf weitere Erreger (z. B. EBV) auszuweiten, um mithilfe vergleichender Untersuchungen fundamentale Latenzmechanismen zu identifizieren. Ein weiterer, durch das DZIF geförderter Schwerpunkt wird in der Optimierung antiviraler Substanzen zur Inhibition humaner Polyomaviren bestehen.



Besonders nennenswerte Publikationen

- Heyer A, Günther T, Robitaille A, Lütgehetmann M, Addo MM, Jarczak D, Kluge S, Aepfelbacher M, Schulze Zur Wiesch J, Fischer N, Grundhoff A. Remdesivir-induced emergence of SARS-CoV2 variants in patients with prolonged infection. *Cell Rep Med.* 2022 Sep 20;3(9):100735.
- Nakel J, Robitaille A, Günther T, Rosenau L, Czech-Sioli M, Plenge-Bönig A, Bühler S, Wille A, Jakubowski E, Pruskil S, Wahlen M, Indenbirken D, Nörz D, Lütgehetmann M, Aepfelbacher M, Grundhoff A*, Grolle B*, Fischer N* (*co-correspondence). Comparing susceptibility and contagiousness in concurrent outbreaks with a non-VOC and the VOC SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in daycare centers in Hamburg, Germany. *Int J Hyg Environ Health.* 2022 Mar;240:113928.
- Czech-Sioli M, Günther T, Robitaille A, Roggenkamp H, Büttner H, Indenbirken D, Christner M, Lütgehetmann M, Knobloch J, Aepfelbacher M, Grundhoff A, Fischer N. Integration of Sequencing and Epidemiologic Data for Surveillance of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Infections in a Tertiary-Care Hospital. *Clin Infect Dis.* 2023 Feb 8;76(3):e263-e273.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Dr. Dr. Ulrike Lange
- Prof. Dr. Wolfram Brune
- Prof. Dr. Kay Grünewald
- Prof. Dr. Marcus Altfeld
- Prof. Dr. Gülşah Gabriel
- Prof. Dr. Thomas Dobner

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Nicole Fischer, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Jens Bosse, CSSB/Medizinische Hochschule Hannover
- Prof. Dr. Abel Viejo-Borbolla, Medizinische Hochschule Hannover
- Prof. Dr. Päivi Ojala, University of Helsinki, Finland
- Prof. Dr. Jo Parish, University of Birmingham, UK
- Prof. Dr. Eva Gottwein, Northwestern University, Chicago, USA
- Prof. Dr. Christian Münz, Universität Zürich, Schweiz
- Prof. Dr. Melanie Brinkmann, Technische Universität Braunschweig
- Prof. Dr. Christopher Sullivan, University of Texas, Austin, USA
- Prof. Dr. Thomas Schulz, Medizinische Hochschule Hannover

Nachwuchsgruppen

Genomik Retroviraler Infektionen

Gruppenleiter/in: PD Dr. Dr. Ulrike Lange



Kurzvita

Seit 2022	Leiterin der BMBF-Nachwuchsgruppe <i>Genomik Retroviraler Infektionen</i> am LIV, Hamburg
2022	Habilitation, Medizinische Fakultät, Universität Hamburg
2015–2022	Clinician Scientist, Abteilung <i>Antivirale Strategien</i> , LIV, Hamburg
2017–2022	Fachärztin Anästhesiologie, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf
2011–2017	Facharztausbildung Anästhesiologie, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf
2012	Promotion (Dr.med.), Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik/Universität Freiburg
2010	Staatsexamen und Approbation Humanmedizin, Universität Freiburg
2007	Promotion (PhD) in Developmental Biology, University of Cambridge, UK

Mitarbeitende

Wissenschaftler	Dr. Martin Hamann
Promovierende	M. Sc. Maisha Adiba, M. Sc. Lisa Brauckmann,
Studierende	B.Sc. Jannis Christensen, B.Sc. Paula Rieck
Technische Assistenz	Bettina Abel, Christina Herrde

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Retroviren, wie das Humane Immundefizienz Virus (HIV), vermehren sich durch den Einbau viral-abstammender DNA in das Genom der Zielzelle. Dadurch persistieren sie nach einer Infektion lebenslang in den Zielzellen. Neben zeitgenössischen exogenen Retroviren, zum Beispiel HIV, existieren in unserem Genom auch endogene Retroviren als Relikte uralter retroviraler Infektionen im Rahmen der menschlichen Evolution.

Die Nachwuchsgruppe beschäftigt sich mit der Frage, inwieweit exogene und endogene Retroviren die Funktion des Zielgenoms beeinflussen und *vice versa*. Wir erforschen die molekularen Mechanismen, wodurch retrovirale Elemente Aktivitäten des Zielgenoms verändern und somit physiologische Prozesse der Wirtszelle beeinflussen und zu Pathologien führen können. Wir verwenden dafür unter anderem experimentelle Methoden, die auf Hochdurchsatzsequenzierungen basieren und eine genomweite Analyse epigenetischer und transkriptioneller Zustände erlauben. Unsere Arbeit hat das Ziel, neue Strategien zur Beherrschung retroviraler Infektionen aufzuzeigen.

Synopsis of the scientific working field

Retroviruses, such as the Human Immunodeficiency virus (HIV), replicate by incorporating viral-derived DNA into the genome of the target cell. As a result, these viruses persist life-long after infection. In addition to contemporary exogenous retroviruses, such as HIV, endogenous retroviruses also

exist in the human genome as relicts of ancient retroviral infections during human evolution.

The junior research group examines to what extent exogenous and endogenous retroviruses influence the function of target genomes and vice versa. We investigate the molecular mechanisms by which retroviral elements can alter activities of the genome and thus influence physiological processes of the host cell that might lead to pathologies. To this end, we use amongst other experimental methods that employ high-throughput next generation sequencing and allow genome-wide analysis of epigenetic and transcriptional states. Our work aims to identify new strategies to control retroviral infections.

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- Einwerbung der BMBF Förderung *Nachwuchsgruppe in der Infektionsforschung* (2 Mio. € Förderumfang)
- Aufbau der eigenen Forschungsgruppe *Genomik Retroviraler Infektionen* am *Leibniz Institut für Virologie* in Hamburg
- Partner im NIH-geförderten Verbund *HOPE Martin Delaney Collaboratory for HIV Cure*

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Aktuell hat die Forschungsgruppe zwei Arbeitsschwerpunkte: Zum einen untersucht sie aberrante Gentranskripte in der chronischen HIV-Infektion mittels verschiedener Zellmodelle. Zum anderen wurden bioinformatische Methoden etabliert, um die Regulation von endogenen Retroviren in HIV Zielzellen des Immunsystems zu analysieren.



Besonders nennenswerte Publikation

- Hamann MV, Ehmele P, Verdikt R, Bialek-Waldmann JK, Virdi S, Günther T, Van Lint C, Grundhoff A, Hauber J, Lange UC (2021). *Transcriptional behavior of the HIV-1 promoter in context of the BACH2 prominent proviral integration gene. Virus Res.* 293:198260.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Adam Grundhoff
- Dr. Pietro Scaturro

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Melanie Ott, Gladstone Institutes, USA
- Prof. Dr. Priti Kumar, Yale University, USA
- Prof. Dr. Carine Van Lint, Université Libre de Bruxelles, Belgien
- Dr. Angelique Hölzemer, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Eva Tollosa, UKE Hamburg

Systembiologie der Arboviren

Gruppenleitung Dr. Pietro Scaturro



Kurzvita

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

Mitarbeitende

Nachwuchsgruppenleiter	Dr. Pietro Scaturro
Wissenschaftler*innen	Dr. Simon Dörner, Dr. Sreejith Rajasekharan, Dr. Ilnaz Soleimani Mashhadi, Dr. Lucas Wilken
Promovierende	M. Sc. Charlotte Flory, M. Sc. Yen-Chia Lin, M. Sc. Katharina Overhoff, M. Sc. Stefan Pfister, M. Sc. Marius Lauffer
Technische Assistentin	Margarita Iskhakova
Gast-Wissenschaftlerin	M. Sc. Jana Hey
Studentin	Lida Eliza Joseph

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 setzen sie modernste auf „Bottom-up“-Massenspektrometrie (MS) basierende Methoden, hochauflösende Bildgebungsverfahren und Ansätze der molekularen Virologie ein (Programmbereich *Molekulare Mechanismen der Viruspathogenese*).

Hauptziel der Forschungseinheit ist es, das komplexe Zusammenspiel zwischen verschiedenen Arboviren und ihren Säugetier- und Arthropodenwirten besser zu verstehen, aber auch die biologischen Prozesse von Arboviren abbilden zu können und neue sub- und pan-arbovirale Angriffspunkte 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 arbovirus-

es 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 2021 und 2022

- Aufbau der Nachwuchsforschungsgruppe, BSL3+ Arbovirus-Labor und einer Hochdurchsatz-Massenspektrometer-Pipeline
- Start des BMBF-geförderten Projekts VirM-Scan (gemeinsames Kooperationsprojekt mit Prof. Dr. C. Uetrecht)

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

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. Darüber hinaus prüft die Gruppe die antivirale Aktivität neu entwickelter Hemmstoffe sowie rational konzipierter synthetischer Moleküle gegen ein breites Spektrum von Arboviren.



Besonders nennenswerte Publikationen

- Wanner N, Andrieux G, Badia-I-Mompel P, Edler C, Pfefflerle S, Lindenmeyer MT, Schmidt-Lauber C, Czogalla J, Wong MN, Okabayashi Y, Braun F, Lütgehetmann M, Meister E, Lu S, Noriega MLM, Günther T, Grundhoff A, Fischer N, Bräuninger H, Lindner D, Westermann D, Haas F, Roedel K, Kluge S, Addo MM, Huber S, Lohse AW, Reiser J, Ondruschka B, Sperhake JP, Saez-Rodriguez J, Boerries M, Hayek SS, Aepfelbacher M, Scaturro P, Puelles VG, Huber TB. *Molecular consequences of SARS-CoV-2 liver tropism*. *Nat Metab*. 2022 Mar;4(3):310-319.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Charlotte Uetrecht
- Prof. Dr. Kay Grünewald
- Dr. Dr. Ulrike Lange

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Alain Kohl, LSTM, Liverpool School of Tropical Medicine, UK
- Prof. Dr. Subhash Vasudevan, Duke-NUS Medical School, Singapore
- Prof. Dr. Jonas Schmidt-Chanasit, Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg
- Prof. Dr. Eva Harris, UC Berkeley, US
- Prof. Dr. Victor Puelles, UKE Hamburg
- Prof. Dr. Laurent Chatel-Chaix, INRS, Montreal, Canada

Zellbiologie der RNA-Viren

Gruppenleitung Dr. Gabrielle Vieyres



Kurzvita

Seit 2020

Leiterin der Nachwuchsgruppe *Zellbiologie der RNA-Viren* am LIV, Teil des *Leibniz-WissenschaftsCampus InterACT*

2011–2020

Postdoktorandin am Institut für Experimentelle Virologie, Twincore Zentrum, Hannover (Pr. Th. 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)

Mitarbeitende

Nachwuchsgruppenleiter Dr. Gabrielle Vieyres

Promovierende Janina Conradi, M. Sc. Charlotte Flory, M. Sc. Isabelle Reichert, M. Sc. Laura Weber

Studentinnen B. Sc. Lina Schlaeger, B. Sc. Katharina Remstedt

Technische Assistenz Stefanie Rößler

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 RNA-Viren nutzen, sowie die Untersuchung ihres Potenzials als therapeutische Angriffspunkte. Zudem soll mithilfe von Viren als „Werkzeuge“ die komplexe Biologie der Zelle bei Gesunden und Erkrankten 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 po-

tential 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 2021 und 2022

- Masterarbeitsverteidigung von Katharina Remstedt, „Etablierung einer Screening-Plattform zur Untersuchung der Rolle der Lipidtropfen-Homöostase in der antiviralen angeborenen Immunantwort“
- Identifizierung des Lipidtropfen-Proteoms während einer angeborenen Immunantwort (Laura Weber, im Kooperation mit P. Scaturro)
- Identifizierung der Lipidveränderungen, die für die antivirale Wirkung einer übermäßiger Lipidtropfen-Biogenese verantwortlich sind (Isabelle Reichert, im Kooperation mit J. Heeren und C. Lauber)

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Unsere jüngsten Ergebnisse, die verschiedene Omics-Ansätze integrieren, haben ein neues Licht auf unser Verständnis der Zellkompartimentierung während der viralen Infektion und der angeborenen Immunantwort des Wirts geworfen. Insbesondere haben wir massive proteomische Veränderungen an der Lipidtröpfchen-Organellen während der Interferon-Antwort festgestellt, die es uns nun ermöglichen, die Rolle dieser Organellen bei der antiviralen Wirtsabwehr gezielt zu untersuchen. Außerdem setzen wir neue Technologien wie die *Laser Capture Microdissection* ein, um die Kompartimentalisierung und Heterogenität der Infektion auf multizellulärer Ebene zu entschlüsseln.



Besonders nennenswerte Publikationen

- *The role of human lipoproteins for hepatitis C virus persistence. Current Opinion in Virology* (2023). Vieyres G, Pietschmann T.
- *The Railmap of Type I Interferon Induction: Subcellular Network Plan and How Viruses Can Change Tracks. Cells* (2022). Weber L., Vieyres G.
- *PicPreview and PicSummary: Two Timesaving Plugins for the Fluorescence Microscopist. Cells* (2021). Vieyres G.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner:

- Dr. Pietro Scaturro
- Dr. Roland Thunauer und Dr. Marcel Schie
- Prof. Dr. Markus Altfeld

Externe Kooperationspartner*innen:

- Prof. Dr. Jörg Heeren, UKE Hamburg
- Jun.-Prof. Dr. Chris Lauber, Twincore Zentrum, Hannover
- Prof. Dr. Nicole Fischer, UKE Hamburg



Auszeichnungen & Preise 2021/2022

- *Science-Slam-Preis 2023 von der Jungen Gesellschaft für Virologie* an M.Sc. Janina Conradi
- *DAAD Reisestipendium zum „Molecular and Cellular Biology of Lipids“ Gordon Research Conference für M.Sc. Isabelle Reichert*

Assoziierte Gruppen

Quantitative und Molekulare Virologie

Gruppenleitung: Prof. Dr. Jens Bernhard Bosse



Kurzvita

Seit 2020	W1-Professor für Quantitative Virologie, RESIST-Exzellenzcluster an der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) am Centre for Structural Systems Biology (CSSB) & assoziiert am LIV
2018–2020	Leitung Lichtmikroskopie und Nikon Center of Excellence, LIV
2016–2020	Leitung der Arbeitsgruppe <i>Quantitative Virologie</i> , Abteilung <i>Strukturelle Zellbiologie von Viren</i> , LIV
2015–2016	DFG Return Fellow, LIV
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)

Mitarbeitende

Gruppenleiter	Prof. Dr. Jens Bernhard Bosse
Wissenschaftler*innen	Enrico Caragliano (seit 06/2023, davor PhD), Heidi Meier (bis 06/2022), Timothy Soh
Promovierende	Felix Flomm (bis 08/2022), Yannik Jensen (seit 01/2023), Dörte Stalling, Jonas Schröder, Saskia Sanders, Alice Grün, Julian Kraft (seit 10/2023)
Technische Mitarbeiter*innen	Marten Danneberg (seit 09/2023), Elena Kotova
Studentin	Sofia Ognibene

Kurzbeschreibung des Forschungsfeldes

Unsere Forschung konzentriert sich auf die Analyse der räumlich-zeitlichen Orchestrierung der viralen Morphogenese, um zu verstehen, wie Protein-Interaktionsnetzwerke in einer lebenden Zelle funktionieren. Wir nutzen die einzigartigen Bildgebungsressourcen für native, virusinfizierte Proben unter S2- und S3-Biosicherheitsbedingungen am CSSB, LIV und weiteren Partnerinstitutionen, um komplexe Wirt-Pathogen-Interaktionen im Kontext einzelner lebender Zellen quantitativ zu sezieren. Unser Ziel ist es, Virus-Wirt- und Virus-Virus-Protein-Protein-Interaktionen mit vierdimensionalen Informationen aus lebenden Zellen zu integrieren, um die spezifischen Funktionen essenzieller molekularer Komplexe im Raum und in der Zeit in ihrer nativen Umgebung zu untersuchen. Zu diesem Zweck setzen wir intensiv auf modernste Methoden der Lebendzell-Bildgebung und der Bildanalyse, die Echtzeit-Volumeninformationen von ganzen infizierten Zellen liefern. Darüber hinaus nutzen wir jetzt Proteinstrukturvorhersagen kompletter viraler Proteome (www.bosse-lab.org/herpesfolds) und Protein-Protein-Interaktionsnetzwerke, um kritische Interaktionen zu identifizieren, die in lebenden, infizierten Zellen untersucht werden können. Unser Ansatz wird von einem starken Interesse an der Grundlagenforschung angetrieben, hat jedoch das Potenzial, Engpässe in der Virusproduktivität zu identifizieren, die als Angriffspunkte für Interventionen dienen können. Tatsächlich verfolgen wir aktiv ein solches Projekt in

einem kürzlich finanzierten DZIF-Projekt in Zusammenarbeit mit Gruppen am CSSB, dem HZI und der MHH.

Synopsis of the scientific working field

Our research focuses on illuminating the spatiotemporal orchestration of viral morphogenesis to understand how protein interaction networks function over space and time in a living cell. We employ the unique imaging resources for native, virus-infected samples under S2 and S3 biosafety conditions at the CSSB and at the partner institutions to quantitatively dissect complex host-pathogen interactions in the context of individual living cells. We aim to integrate virus-host and virus-virus protein-protein interactions with 4-dimensional information from living cells to examine the specific functions of essential molecular complexes over time and space in their native environment. To this end, we are heavily invested in cutting-edge live-cell imaging and image analysis that provide real-time volumetric as well as high-content information of whole infected cells. Moreover, we now employ protein structural predictions of complete viral proteomes (www.bosse-lab.org/herpesfolds) and protein-protein interaction networks to identify critical interactions that can be investigated in living, infected cells. Our approach is driven by a strong interest in basic research but has the potential to identify bottlenecks in virus productivity that can serve as targets for intervention. Indeed, we are actively following up with one complex in a recently funded DZIF project in collaboration with groups at CSSB, HZI and MHH.



Besonders nennenswerte Publikationen

- Borst EM, Harmening S, Sanders S, Caragliano E, Wagner K, Lenac Roviš T, Jonjić S, Bosse JB, Messerle M. A Unique Role of the Human Cytomegalovirus Small Capsid Protein in Capsid Assembly. *mBio*. 2022 Oct 26;13(5):e0100722.
- Caragliano E, Bonazza S, Frascaroli G, Tang J, Soh TK, Grünwald K, Bosse JB, Brune W. Human cytomegalovirus forms phase-separated compartments at viral genomes to facilitate viral replication. *Cell Rep*. 2022 Mar 8;38(10):110469.



Wichtigste Kooperationspartner*innen

- LIV/CSSB: Charlotte Uetrecht, Wolfram Brune, Adam Grundhoff, Maya Topf, Kay Grünewald
- FOR5200, RTG2771, RTG 2887, DZIF, UHH, MHH: Adam Grundhoff, Nicole Fischer, Chris Meier, Melanie Brinkmann, Lars Doelken, Thomas Krey, Martin Messerle, Thomas Schulz, Beate Sodeik

International:

- Kostas Thalassinou, Daphne Avgousti, Harald Wodrich, Maija Vihinen-Ranta



Auszeichnungen & Preise 2021/2022

- Felix Flomm: Travel grant zum International Herpesvirus Workshop
- Felix Flomm: Promotionstipendium der Studienstiftung des dt. Volkes

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- Einwerbung des Hamburg-X Verbundprojektes „Multiscale analysis of pathogen invasion strategies into clinically-relevant host cells“ als leitender Antragsteller
- Einwerbung eines Projekts innerhalb der DFG FOR 5200 DEEP-DV
- Einwerbung von zwei Projekten innerhalb des DFG RTGs 2771, eines davon mit Kay Grünewald
- Einwerbung eines Projektes im LFF Verbund „Cellular mechanisms of infections“ mit Charlotte Uetrecht

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Mit dem Aufkommen von robusten Strukturvorhersagemethoden wie AlphaFold2/AlphaFold Multimer, die zuverlässige Bewertungen der bereitgestellten Modelle ermöglichen, sind proteomweite in-silico-Strukturvorhersagen machbar geworden. Wir haben kürzlich Vorhersagen für Mitglieder aller Herpesvirus-Unterfamilien erstellt, die auf unserer Webseite (www.bosse-lab.org/herpesfolds) ver-

fugbar sind. Darüber hinaus haben wir in Zusammenarbeit mit dem Topf-Labor am LIV/CSSB über 15.000 Virus-Virus-Komplex-Vorhersagen basierend auf dem HV-INT PPI-Netzwerk durchgeführt. Jetzt entwickeln wir Ansätze, um diese Vorhersagen schnell experimentell und in lebenden Zellen mit Bildgebungstechniken zu testen. Unser Ziel ist es, Virus-Wirt- und Virus-Virus-Protein-Protein-Interaktionen mit vierdimensionalen Informationen aus lebenden Zellen zu integrieren und die spezifischen Funktionen essenzieller molekularer Komplexe im Raum und in der Zeit in ihrer nativen Umgebung zu untersuchen. Dieser Arbeitsablauf wird die strukturbasierte Hypothesengenerierung, die Bestätigung im Labor und die Identifikation von potentiellen pharmazeutischen Zielen weitgehend rationalisieren. Unsere Forschungsvision zielt darauf ab, ein detailliertes, räumlich-zeitlich aufgelöstes Verständnis von Wirt-Pathogen-Krankheitsnetzwerken zu liefern, das bei der Entwicklung von translationalen Ansätzen genutzt werden kann.

Dynamik viraler Strukturen

Gruppenleitung: Prof. Dr. Charlotte Uetrecht

Kurzvita

Seit 2021	W2 Professorin Biochemie, Fakultät V: Lebenswissenschaften, Universität Siegen am CSSB Centre for Structural Systems Biology, Deutsches Elektronen Synchrotron DESY & <i>Leibniz-Institut für Virologie</i> (LIV), Hamburg
2014–2021	Leiterin der Nachwuchsgruppe <i>Dynamik viraler Strukturen</i> , LIV, Hamburg
2011–2021	Gastwissenschaftlerin (angestellt 2013-2014) in der Sample Environment Gruppe, European XFEL GmbH, Schenefeld
2011–2013	PostDoc 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



Mitarbeitende

Assoziierte Gruppenleiterin	Prof. Dr. Charlotte Uetrecht
Wissenschaftler*innen	Dr. Tomislav Damjanovic, Dr. Simon Dörner, Dr. Alan Kádek, Dr. Thomas Kierspel, Dr. Janine-Denise Kopicki (seit 2023, davor PhD), Dr. Boris Krichel, Dr. Jocky Kung, Dr. Ronja Pogan (seit 2023, davor PhD), Dr. Ilnaz Soleimani Mashhadi
Promovierende	M. Sc. Luca Genz (mit AG Topf), M. Sc. Alice Grün, M. Sc. Marius Lauffer, M. Sc. Jennifer Rothe, Fatema-Aqila Said (seit 2023), M.Sc. Lennart Sängler, M. Sc. Kira Schamoni-Kast, M. Sc. Jonas Schröder, M. Sc. Lars Thiede
Wissenschaftliche Projektkoordinatorin	Lorenza D’Alessandro
Technische Assistenz	Jürgen Müller-Guhl, Sanne Ugelstad



Besonders nennenswerte Publikationen

- *Opening opportunities for Kd determination and screening of MHC peptide complexes.* Kopicki JD, Saikia A, Niebling S, Günther C, Anjanappa R, Garcia-Alai MM, Springer S, Uetrecht C. (2022) *Commun Biol*, 5:488, doi: 10.1038/s42003-022-03366-0.
- *Hallmarks of Alpha- and Betacoronavirus non-structural protein 7+8 complexes.* 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. (2021) *Sci Adv*, 7:eabf1004.
- *Glycan-induced protein dynamics in human norovirus P dimers depend on virus strain and deamidation status.* Dülfer J, Yan H, Brodmerkel MN, Creutzmacher R, Mallagaray A, Peters T, Coleman C, Marklund EG, Uetrecht C. (2021) *Molecules*, 26:2125.



Auszeichnungen & Preise 2021/2022

- *Mattauch-Herzog-Preis 2022 der DGMS an Charlotte Uetrecht*
- *2021 LIV Postdocpreis an Boris Krichel*

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

Besondere Erfolge in den Jahren 2021 und 2022

- 2022 BMBF VirMScan Projekt mit Pietro Scaturro
- 2022 RAC SAXFELS Projekt mit Carl Coleman und Erik Marklund, Uppsala, Schweden
- 2022 Beteiligung DFG GrK „Humans and microbes“ und Mitglied des Lenkungsausschusses
- 2022–2024 Analytical Chemistry Early Career Board, American Chemical Society
- 2022–2024 Sprecherin der Sektion „Molecular Biophysics“ der Deutschen Gesellschaft für Biophysik (DGfB)
- 2022 MSCA GF an Boris Krichel und MSCA IF an Alan Kadek
- 2021–2023 gewähltes Mitglied Virology Division, Microbiology Society, UK

Ausblick/Perspektiven/offene Forschungsfragen

Die Proof-of-Principle Experimente am European XFEL haben sich aufgrund der Pandemie verschoben und sind für 2024 geplant. Inzwischen konnten die Aktivitäten auf Basis von Vordaten auf andere MS-basierte Röntgenanwendungen ausgeweitet werden, wie auf die Top-Down Fragmentierung und Röntgenkleinwinkelstreuung von Proteinkomplexen. Hier wurden bereits Messungen am Synchrotron PETRA III durchgeführt.

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



Wichtigste Kooperationspartner*innen

Interne Kooperationspartner*innen:

- Prof. Thomas Dobner
- Dr. Pietro Scaturro
- Dr. Rudolph Reimer/Prof. Kay Grünewald
- Prof. Gülşah Gabriel
- Prof. Wolfram Brune
- Prof. Maya Topf

Externe Kooperationspartner*innen:

- Wouter H. Roos (Biophysik von Viren/Viruscan, Rijksuniversiteit Groningen, Niederlande)
- Montserrat Calleja und Javier Tamayo (Viruscan, CSIC, Spanien)
- Ivan Favero (Viruscan, Université Paris Diderot, Frankreich)
- Maurits van der Heiden (Viruscan, TNO, Niederlande)
- Vincent Agache (Viruscan, CEA-LETI, Frankreich)
- Rafael Delgado (Viruscan, SERMAS, Spanien)
- Dimitris Papanastasiou (Viruscan, MS SPIDOC und Visavix, Fasmatech, Griechenland)
- Jan Commandeur (Visavix und MS SPIDOC, MS Vision, Niederlande)
- Frank Sobott (MS von Membranproteinen, Universität Antwerpen, Belgien)
- Kasper D. Rand (HDX MS, UniversitÄT Kopenhagen, Dänemark)
- Lisa M. Jones (University of Maryland, USA)
- Günter Allmaier (GEMMA von Viruspartikeln, TU Wien, Österreich)
- Martin F. Jarrold (CDMS von Viruspartikeln, University of Indiana, US)
- Philippe Dugourd (MS SPIDOC, UCB Lyon, Frankreich)
- Perdita Barran (MS SPIDOC, University of Manchester, GB)
- Erik Marklund und Carl Caleman (MS SPIDOC, Uppsala University, Schweden)

- European XFEL GmbH
- Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf
- Universität Hamburg
- DESY, Hamburg
- EMBL Hamburg
- Universität zu Lübeck
- Universität Gießen
- DKFZ Heidelberg
- Universität Tübingen
- WW Universität Münster
- HH Universität Düsseldorf
- HZI Braunschweig, EMA Universität Greifswald
- BNITM, Hamburg
- CSSB, Hamburg
- Jacob's University Bremen
- FZB, Borstel
- Helmholtz Center Dresden-Rossendorf



Technologieplattformen

In den Jahren 2021 und 2022 hat das LIV 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 Forschungseinheiten assoziiert.

Ausgestattet mit neuesten Technologien ermöglichen sie die ganzheitliche Untersuchung von Infektionsprozessen durch Hochdurchsatz-Sequenzierverfahren, bioinformatische Analysemethoden, BSL2-/BSL3-Kleintierinfektionsmodelle und durch hochentwickelte Bildgebungstechnologien 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-Analyser und zwei High-End Sorter.

Für Analyse-Experimente im kleineren Maßstab steht 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 fünf Lasern ausgestattet, sodass mit diesen Geräten Messungen von 18 Parametern gleichzeitig möglich sind. Des Weiteren steht für die Verwendung vieler Fluorochromkombinationen ein Cytex Aurora mit drei Lasern und 34 Fluoreszenzkanälen bereit, der unter Verwendung der Vollspektrumtechnologie eine hohe Flexibilität bietet.

Daneben verfügt die Technologieplattform über ein FACS Aria Fusion mit fünf Lasern und 18 Parametern im S2-Labor sowie über ein FACS Fusion mit vier Lasern und 17 Parametern. Die Besonderheit bei diesem FACS Fusion ist der Aufstellungsort in einem Labor der Sicherheitsstufe S3** und die Ausstattung mit einer Sicherheitswerkbank der Schutzklasse 2, sodass 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.

Ansprechpartner

Dipl. Ing. Biotech. (FH) Arne Düsedau
Tel.: 040/48051-377
E-Mail: arne.duesedau@leibniz-liv.de

Weiterer Kontakt

Prof. Dr. Marcus Altfeld
Tel.: 040/48051-221
E-Mail: marcus.altfeld@leibniz-liv.de



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 Technologieplattform bietet vornehmlich Services für LIV-interne Projekte an, unterstützt jedoch auch eine Reihe kollaborativer Forschungsprojekte mit externen Partnern.

Routinemäßig werden folgende Sequenzieranalysen durchgeführt:

- Transkriptom-/Genexpressionsanalysen (mRNA-Seq)
- Sequenzierung von Gesamt-RNA viraler Genome (total RNA-Seq)
- Genomsequenzierung von aufgereinigten Viren und Bakterien bzw. Metagenomanalysen
- Epigenetische Analysen zur Bestimmung von DNA-Methylierung (z. B. EM-Seq, MeDIP-Seq), Chromatin-Accessibilität (ATAC-Seq) und DNA-Protein-Interaktionen (ChIP-Seq)
- Analyse von microRNAs und anderen kleinen RNA-Molekülen
- PCR Amplikon Sequenzierung, beispielsweise von 16S ribosomaler bakterieller RNA oder T-Zell-Rezeptoren
- Gezielte Sequenzierung genomischer Teilregionen (beispielsweise zur Identifizierung viraler Integrationsstellen)

Die Technologieplattform *Hochdurchsatz-Sequenzierung* ist mit state-of-the-art Sequenziergeräten der Firmen Illumina und Oxford Nanopore sowie mit Equipment zur Einzelzellanalyse des Herstellers 10X ausgestattet. Darüber hinaus verfügt die Technologieplattform über Hochleistungs-Rack-Server zur Datenanalyse und NAS-Servern zur redundanten Datenspeicherung, Archivierung und zum Datenaustausch mit externen Benutzern.

Ansprechpartner

Dr. Patrick Blümke
Tel.: 040/48051-376
E-Mail: NGS@leibniz-liv.de

Weiterer Kontakt

Prof. Dr. Adam Grundhoff
Tel.: 040/48051-275
E-Mail: adam.grundhoff@leibniz-liv.de



Kleintiermodelle

Die Technologieplattform *Kleintiermodelle* stellt Infrastruktur und Personal zur Verfügung, um Kleintiermodelle nach den Richtlinien des Tierschutzes, der Gentechnik und der Seuchenhygiene zur virologischen Grundlagen- und Therapieforschung einzusetzen.

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 stellt sie Ressourcen zur histologischen Aufarbeitung der Tierversuche zur Verfügung. 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 LIV.

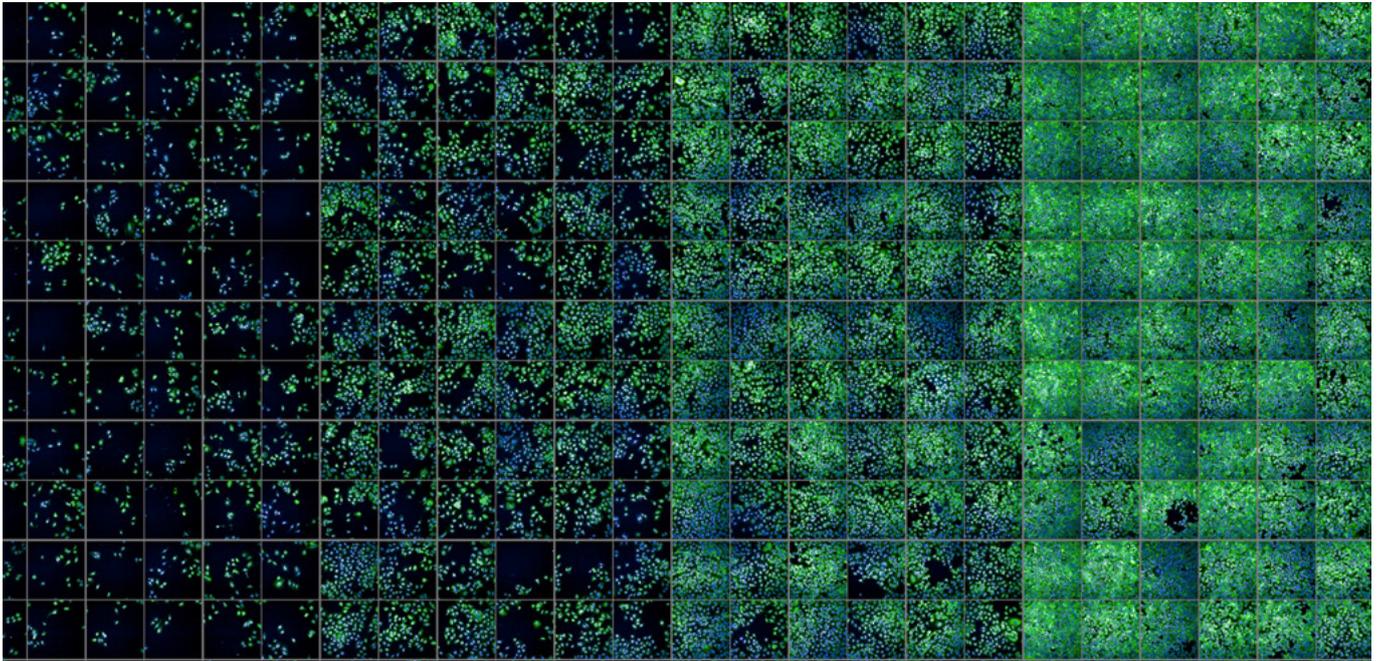
Das LIV hat sich der „Initiative Transparente Tierversuche“ angeschlossen. Dies ist eine Initiative von „Tierversuche verstehen“ und der Ständigen Senatskommission für tierexperimentelle Forschung der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) unter Mitwirkung der Allianz der Wissenschaftsorganisationen. Sie zielt darauf ab, die transparente und offene Diskussion zur Forschung mit Tieren weiter voranzutreiben.

Ansprechpartner

Dr. Oliver Strauch
Tel.: 040/48051-231
E-Mail: oliver.strauch@leibniz-liv.de



Initiative
Transparente
Tierversuche



Mikroskopie und Bildanalyse

Die Technologieplattform *Mikroskopie und Bildanalyse* (TPMIA) nutzt eine breite Palette licht- und elektronenmikroskopischer Techniken, um Virusinfektionen in Zell- und Gewebesystemen zu erforschen. Die Untersuchung des dynamischen Verlaufs der Viruspathogenese in einzelnen lebenden Zellen oder komplexeren Modellsystemen wie Organoiden erfordern eine anspruchsvolle Durchführung unterschiedlichster Präparations- und Mikroskopieverfahren in Laboren der biologischen Sicherheitsstufe (BSL) 2 und 3. Das angewendete Methodenspektrum reicht dabei von Durchlicht- und Fluoreszenzmikroskopie zur Untersuchung von Gewebeschnitten, über High-Content und High-Throughput Mikroskopieverfahren, welche das parallele Testen vieler Bedingungen erlauben, bis hin zu besonders hochauflösenden Ansätzen wie Einzelmolekül-Lokalisationsmikroskopie und 3D-EM-Methoden, die es beispielsweise ermöglichen die Interaktion von Virusmolekülen mit Molekülen der Wirtszellen darzustellen.

Die Technologieplattform ist ein integraler Bestandteil der Forschungsabteilung *Strukturelle Zellbiologie der Viren*. Mit der Infrastruktur der TPMIA und mit den komplementären Technologien zur Kryo-Mikroskopie am CSSB stehen für Forschende des LIV modernste bildgebende Ressourcen zur Verfügung, um struktur- und systembiologische Fragestellungen in der Virologie zu beantworten. Zusätzlich beherbergt die TPMIA das „Nikon Center of Excellence“ dem eine Kooperation mit dem Mikroskophersteller Nikon zugrunde liegt mit dem Ziel

den Forschenden am LIV Zugang zu neuester Mikroskopie Hard- und Software von Nikon zu ermöglichen.

Die TPMIA unterstützt Projekte sowohl von internen als auch externen Forschungsgruppen. Alle Forschungsabteilungen, Forschungsgruppen und Nachwuchsgruppen des LIV zählen zu den Nutzenden der TPMIA.

Darüber hinaus führt die TPMIA Projekte durch, in denen neue Technologien entwickelt werden. In dem Leibniz-Wettbewerb Projekt ‚*Novel ultrafast and versatile two photon excitation microscope for imaging of BSL3 pathogens*‘ wird seit 2022 ein neuartiges Zweiphotonenmikroskop entwickelt, das für den Einsatz in einem BSL3-Labor geeignet ist und schnelle Prozesse in Organoiden bei einer Infektion mit Viren abbilden kann.

Die TPMIA ist in fünf Projekten des *Leibniz-WissenschaftsCampus InterACt* unmittelbar als Kooperationspartner eingebunden und übernimmt jene Projektteile, bei denen bildgebende mikroskopische Verfahren eingesetzt und die damit generierten Daten analysiert werden.

In den Jahren 2021 und 2022 wurden folgende Geräte neu angeschafft, welche von der TPMIA betrieben werden:

- Thermo Fisher Cellinsight CX5 automatisiertes Mikroskop
- Leica LMD7 Laser-Mikrodissektions-Mikroskop
- Tescan Clara SEM
- Opera Phenix High-Content & High-Throughput Mikroskop (als Dauerleihgabe vom BNITM)

Ansprechpartner Elektronenmikroskopie

Dr. Rudolph Reimer

Tel.: 040/48051-254

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

Ansprechpartner Lichtmikroskopie

Dr. Roland Thünauer

Tel.: 040/48051-273

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

Dr. Christian Conze

Tel.: 040/48051-273

E-Mail: christian.conze@leibniz-liv.de

Weiterer Kontakt

Prof. Dr. Kay Grünewald

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

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



Die Förderung und Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses nehmen am LIV eine zentrale Rolle ein. Neben der Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses, die sich in strukturierte Doktorand*innenausbildung, LCI-Graduiertenschule und der Förderung von Postdoktorand*innen gliedert, bietet die Kaufmännische Abteilung des LIV die Möglichkeit einer Ausbildung zur Bürokauffrau bzw. beziehungsweise zum Bürokaufmann.

Nachwuchsförderung

LIV-Graduiertenschule

Die LIV-Graduiertenschule ist ein interdisziplinäres, strukturiertes Promotionsprogramm unter dem Dach des MIN-Graduiertenzentrums (UHH) für alle am LIV tätigen Doktorand*innen mit verbindlichen Richtlinien, die auf Grundlage der Vorgaben der Leibniz-Gemeinschaft zur Ausbildung von Graduierten entwickelt wurde.

Wir bieten unseren Doktorand*innen die Möglichkeit, Spitzenforschung in einem Weltklasseumfeld der Grundlagen- und translationalen Forschung in der Virologie zu betreiben. Unser Programm bietet eine multidisziplinäre Ausbildung, die junge Nachwuchswissenschaftler*innen auf eine erfolgreiche Karriere in der Infektionsforschung vorbereitet.

Die Promovierenden am LIV sind in eine strukturierte Doktorandenausbildung mit verbindlichen Promotionsrichtlinien eingebunden. Das dreijährige Ausbildungsprogramm des LIV ergänzt die Promotionsordnung der Universität Hamburg und schafft Rahmenbedingungen für selbstständiges, betreutes und planbares Arbeiten. In 2021 wurde das Promotionsprogramm des LIV neu strukturiert und setzt sich seitdem aus vier Säulen zusammen: interdisziplinäre Seminare (inkl. Curriculum), wissenschaftliche Seminare und Forschungsmethodik, Schlüsselqualifikationen sowie übergreifende Vernetzungsprogramme. Die regelmäßige Teilnahme am Doktoranden-curriculum sowie dem *LIV Institute Seminar*, dem gemeinsamen wöchentlichen Seminar der Doktorand*innen und Postdoktorand*innen, 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 *LIV Institute Seminar*. Ergänzend treffen sich die Promovierenden zu Methodenkursen, die zusammen mit dem Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin und dem Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum organisiert werden. Im zweijährigen Turnus findet ein *selbstorganisierter Young Scientist Retreat* und ein *Career Day* statt. Bis Herbst 2022 fand ein großer Teil dieser Veranstaltungen aufgrund der COVID-19-Pandemie online statt.

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

HRA – Hamburg Research Academy

Seit Januar 2022 ist das LIV assoziierter Partner an der HRA, einer hochschulübergreifende Einrichtung für Doktorand*innen und Nachwuchswissenschaftler*innen (Postdocs, Juniorprofessor*innen) in Hamburg. Die HRA bietet vielfältige Angebote zur Unterstützung, Weiterbildung und Vernetzung von Forschenden aller Disziplinen in den entscheidenden ersten Jahren ihrer Karriere, die allen Nachwuchswissenschaftler*innen des LIV zur Verfügung stehen.



UNTERSTÜTZEN
QUALIFIZIEREN
VERNETZEN

dynaMENT: Mentoring for Women in Natural Sciences

Zudem ist das LIV seit 2019 Partner bei dynaMENT, einem Mentoring-Programm für Doktorandinnen und Postdotorandinnen der Naturwissenschaften, die gezielt eine Karriere in der Wissenschaft anstreben. Das Programm ist ein Beitrag zur Erhöhung des Frauenanteils in Führungspositionen an Universitäten und Partnerinstitutionen und bietet hochvertrauliche Einzel-Mentoring-Sitzungen, Networking-Veranstaltungen und Trainings zur beruflichen und persönlichen Entwicklung an. LIV-Doktorandinnen können sich jährlich und LIV-Postdotorandinnen alle zwei Jahre um jeweils einen Platz im Programm bewerben.

Das LIV beteiligt sich seit 2014 außerdem am strukturierten Mentorinnen-Programm für Postdotorandinnen der Leibniz-Gemeinschaft und unterstützt interessierte Postdotorandinnen aktiv bei der Bewerbung.

LCI-Graduiertenschule

Neben der eigenen strukturierten Doktorandenausbildung (LIV-Graduiertenschule) ist das LIV auch Ausbildungspartner in der Leibniz-Graduiertenschule *Infection* des Forschungsverbundes Leibniz Center Infection (LCI). Den Stipendiat*innen wird neben einem interdisziplinären Lehr- und Ausbildungsprogramm in der Infektiologie die Möglichkeit ge-

boten, 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 LIV) 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. Es werden jedes Jahr zwei bis drei neue Doktorand*innen im Rahmen von LCI aufgenommen.



Förderung von Postdotoranden

Neben der Strukturierung und Qualitätssicherung in der Graduiertenausbildung sieht das LIV einen gesteigerten Bedarf der gezielten Förderung von Nachwuchskräften in der Zeit nach der Promotion. Seit 2018 ist die Hamburg Research Academy (HRA) zentrale Anlaufstelle für Promotionsinteressierte, Promovierende, Postgraduierte, Juniorprofessor*innen sowie deren wissenschaftlich Betreuende. Neben Workshop-Angeboten liefert sie Informationen und richtet zielgruppenspezifische Veranstaltungen

aus. Derzeit sind neun Hamburger Hochschulen in dem Verbund vertreten. Eine Beteiligung von außeruniversitären Institutionen ist seit 2021 ebenfalls möglich. Das LIV gehört seit Januar 2022 als assoziiertes Mitglied der HRA an, so dass zukünftig nicht mehr nur LIV-Doktorand*innen der Universität Hamburg, sondern auch die Postdoktorand*innen des LIV auf das umfangreiche Angebot der HRA zurückgreifen können.

Das *LIV Institute Seminar* gibt allen Postdoktorand*innen und Doktorand*innen 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.

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

Fragen an den wissenschaftlichen Nachwuchs

Am LIV wechseln jährlich die Sprecherinnen und Sprecher der Doktoranden sowie der Postdoktoranden. Sie repräsentieren und vertreten die Belange und Wünsche des wissenschaftlichen Nachwuchses beim Vorstand und im Kollegium. Charlotte Flory, Laura Weber, Laura Seddar und Laura Staliunaite sind seit 01.01.2023

als Doktorandensprecherinnen tätig. Ebenfalls seit Anfang 2023 besteht mit Dr. Andrea Pirosu und Dr. Sebastian Schloer ein Zweierteam für die Vertretung der Postdoktorand*innen.

Warum seid ihr Postdoktoranden- bzw. Doktoranden-Sprecherinnen geworden?

Charlotte Flory: „Als Doktorandensprecherinnen geben wir uns, dem wissenschaftlichen Nachwuchs, eine Stimme und damit die Möglichkeit, die Doktorandenausbildung am LIV aktiv mitzugestalten – und diese möchten wir nutzen! Mein persönliches Ziel war dabei insbesondere nach der Pandemie durch unsere umfassende Umfrage unter den Promovierenden sowie vermehrte Meetings herauszufinden, wo wir konkret ansetzen können, um wichtige Themen der Promovierenden sichtbar zu machen und um die Doktorandenausbildung für uns und für nachfolgenden Generationen kontinuierlich zu verbessern.“

Dr. Andrea Pirosu: „Diese Stelle war für mich besonders wichtig, weil man damit nicht nur den Kolleg*innen am Institut helfen kann, sondern auch die Institutspolitik besser versteht. Es ist wichtig für alle Wissenschaftlichen Mitarbeitenden eine Stimme zu bekommen, wenn etwas nicht optimal läuft und verbessert werden muss. Am Ende sind wir alle Teil einer fantastischen Community und alles funktioniert nur, wenn wir alle zusammenarbeiten.“



Doktorandensprecherinnen 2023: Laura Staliunaite, Laura Seddar, Charlotte Flory und Laura Weber

„Das LIV ist meiner Meinung nach ein toller Forschungsstandort, weil internationale Nachwuchswissenschaftler*innen hier die Möglichkeit bekommen, modernste Forschung zu betreiben, sich untereinander auszutauschen und durch Kooperationen mit anderen Instituten in der Welt der Wissenschaft Fuß zu fassen. Mit dem vielfältigen Graduiertenprogramm, welches die Teilnahme an Seminaren, Soft Skill Kursen und der Summer School beinhaltet, ermöglicht das LIV den Doktorand*innen, sich beruflich sowie persönlich weiterzuentwickeln.“

Laura Staliunaite, Doktorandensprecherin



Postdoktorandensprecher 2023: Dr. Andrea Piroso und Dr. Sebastian Schloer



„Das LIV bietet uns Postdocs die Möglichkeit, Forschung in einem international renommierten Institut zu betreiben und gerade die Vernetzung der einzelnen Arbeitsgruppen mit ihren vielfältigen Expertisen ergänzen sich hier besonders gut und ermöglichen eine hochkooperative Forschung. Die sehr gute Ausstattung der Abteilungen sowie die vorhandenen Strukturen mit den einzelnen Facilities wie FACS, Sequenzierungs- und Mikroskopfacility erzeugen eine exzellente wissenschaftliche Umgebung, in der wir als Postdocs ideale Rahmenbedingungen für die nächsten Karriereschritte vorfinden, sei es der Wechsel in die Industrie oder die akademische Laufbahn.“

Dr. Sebastian Schloer, Postdoktorandensprecher

Was genau sind eure Aufgabenbereiche?

Laura Weber: „Unsere Aufgaben als Doktorandensprecherinnen sind sehr vielfältig. Unsere wichtigste Aufgabe ist es, die Interessen der Promovierenden am LIV zu vertreten. Wir repräsentieren die Promovierenden in der Kollegiumssitzung und stehen im Austausch mit dem Vorstand, dem Betriebsrat und der Graduiertenschule, um die Promotionsbedingungen und das strukturierte Promotionsprogramm am LIV weiter zu verbessern. Zudem tragen wir zur Organisation von Veranstaltungen am Institut bei. Beim LIV Retreat 2023 organisierten und leiteten wir das Socializing Event und aktuell befinden wir uns in der Planungs- und Organisationsphase für den diesjährigen LIV PhD Career Day, welcher im Oktober stattfinden wird. Außerdem sind wir die Vertreterinnen des LIVs im Leibniz PhD Network und stehen allen Promovierenden jederzeit als Ansprechpartnerinnen zur Verfügung.“

Dr. Sebastian Schloer: „In unserer Funktion als Post-Doktorandensprecher sehen wir uns als Vertreter der Interessen der Postdocs am LIV. In dieser Funktion nehmen wir u. a. an den Kollegiumssitzungen teil und stehen dabei im engen Austausch mit dem Vorstand und dem Betriebsrat, um die Arbeitsbedingungen zu verbessern und auch die Bedürfnisse der Postdocs als wissenschaftliche Mitarbeiter zu artikulieren. Des Weiteren organisieren wir Veranstaltungen für die persönliche und berufliche Weiterbildung. Außerdem sehen wir uns auch als Ansprechpartner für Postdocs und ihre Probleme z. B. bei Diskriminierungen.“

Was war bisher euer größter Erfolg, auf welche Leistungen als Vertretung des wissenschaftlichen Nachwuchses am LIV seid ihr besonders stolz?

Laura Seddar: „Wir haben dieses Jahr erstmalig eine Umfrage aufgesetzt und unter den Doktoranden durchgeführt. Diese Daten sind enorm hilfreich, da wir sowohl von der Zufriedenheit mit dem wissenschaftlichen Standort und der Graduiertenschule erfahren haben als auch Herausforderungen aufdecken konnten, welche wir gezielt kommunizieren und anpacken. Weiterhin planen wir einen Career Day für diesen Herbst und hoffen auch da auf einen großen Erfolg!“

Dr. Andrea Piroso: „Wir haben viele internationale Postdocs am LIV und versuchen aktiv, dass wir solche Kolleg*innen besser integrieren können, damit sie sich hier wohl fühlen. Ich selbst bin zum Studium aus Italien nach Deutschland gekommen und mir hat es sehr geholfen, von erfahrenen Kolleg*innen an die Hand genommen zu werden. Ein Erfolg ist es für mich, dass wir es dieses Jahr erstmals geschafft haben, die PostDocs zusammenzubringen, um herauszufinden und zu verstehen, wo es welche Probleme gibt. Da PhDs und PostDocs viele Herausforderungen teilen, wollen wir in Zukunft enger mit den PhD-Reps zusammenarbeiten. Durch diesen Zusammenschluss können wir eine lautere Stimme am Institut werden und mehr auf die teilweise schwierigen Bedingungen für junge Forschende in der Wissenschaft aufmerksam machen.“

Nationalitäten des wissenschaftlichen Nachwuchses

Stand Ende 2022



Weltweit: 23

Europa: 12

Deutschland, Finnland, Frankreich (einschließlich Korsika), Großbritannien, Italien, Kroatien, Litauen, Österreich, Serbien, Spanien, Türkei, Ukraine

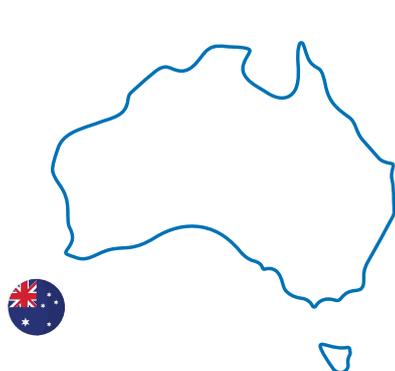


Nordamerika: 2

Südamerika: 1

Kanada, Mexiko

Peru

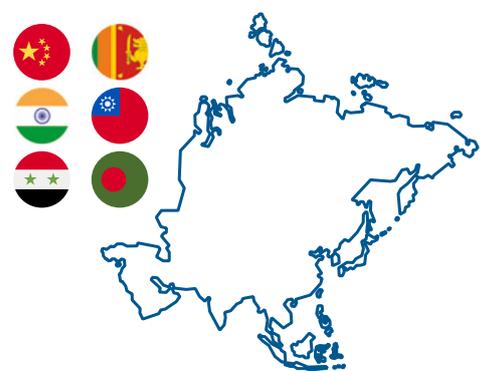


Australien: 1



Afrika: 2

Gabun



Asien: 6

Bangladesch, China, Indien (inkl. Sikkim und Goa), Sri Lanka, Syrien, Taiwan



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

Gleichstellung

Bereits seit einigen Jahren integriert das LIV seine Gleichstellungsarbeit in die strategische Weiterentwicklung des Instituts. Der Gleichstellungsplan des LIV, der erstmalig in 2009 verabschiedet wurde und seitdem regelmäßig aktualisiert und erweitert wird, dient als Indikator für nachhaltige, innovative und zielorientierte Maßnahmen zur Gleichstellung von Mann und Frau am Arbeitsplatz.

Erste Ansprechpartnerin ist Michaela Bockelmann, Technische Assistentin in der Abteilung *Virus-Wirt-Interaktion*. Im Januar 2023 hat Anna Lüttjohann, Technische Assistentin in der Abteilung *Virale Zoonosen – One Health*, das Amt als Elternzeitvertretung von Jennifer Schütte (seit 27.06.2022) aus dem Einkauf übernommen. Bis Juni 2022 war Katharina Kemps Stellvertretende Gleichstellungsbeauftragte.

Psychosoziale Beratung

Zusätzlich bietet das LIV initiiert durch die Gleichstellungsbeauftragten und dem LIV-Vorstand eine kostenlose psychosoziale Beratung an. Dieses Angebot soll Mitarbeitenden helfen, wenn sie persönliche Sorgen und Nöte belasten, sie sich psychisch beeinträchtigt fühlen, sie nach längerer Krankheit an den Arbeitsplatz zurückkehren, sie ihre Situation gerne mit einer unabhängigen Person besprechen möchten oder sie sich einem Fall von Mobbing oder persönlicher Diskrimi-

nierung ausgesetzt fühlen. Kontaktperson hierfür ist die Betriebsärztin des LIV Frau Dr. Gabriele Andersen.

Prädikat und Selbstverpflichtung

Das LIV ist Träger des Prädikats TOTAL E-QUALITY, einer Auszeichnung für den Einsatz auf dem Gebiet der Chancengleichheit und der Vereinbarkeit von Beruf und Familie. Es wurde vom Verein "Total E-Quality Deutschland e.V." ins Leben gerufen und wird an Unternehmen, Organisationen und Hochschulen vergeben, die sich in besonderem Maße für die Gleichstellung von Frauen und Männern in der Arbeitswelt engagieren. Das Prädikat wird in verschiedenen Kategorien vergeben und honoriert Maßnahmen und Initiativen zur Förderung der Chancengleichheit, Gleichstellung und Vereinbarkeit von Beruf und Familie. Zudem hat das LIV die Charta der Vielfalt unterzeichnet, eine Unternehmensinitiative zur Förderung von Vielfalt in Unternehmen und Institutionen. Die Charta ist eine Initiative, die 2006 ins Leben gerufen wurde und ist eine freiwillige Selbstverpflichtungserklärung. Unternehmen und Organisationen, die die Charta unterzeichnen, verpflichten sich, Vielfalt und Inklusion zu fördern und ein diskriminierungsfreies Arbeitsumfeld zu schaffen.



„Meine Motivation als Gleichstellungsbeauftragte an einem wissenschaftlichen Institut besteht darin, aktiv dazu beizutragen, dass alle Menschen, unabhängig von ihrem Geschlecht oder ihrer Herkunft, die gleichen Chancen und Möglichkeiten haben, ihre Fähigkeiten und Talente zu entfalten und in der Wissenschaft erfolgreich zu sein. Eine inklusive und vielfältige Arbeitsumgebung ist nicht nur ethisch richtig, sondern auch der Schlüssel zu innovativem Denken und exzellenter Forschung.“

Anna Lüttjohann, Gleichstellungsbeauftragte



Gleichstellungsbeauftragte: Anna Lüttjohann und Michaela Bockelmann

Beschwerdestelle

Die Beschwerdestelle am LIV wurde eingerichtet, um jegliche Diskriminierungen am Arbeitsplatz aus rassistisch motivierten Gründen, Gründen des Geschlechts, der Religion oder Weltanschauung, einer Behinderung, des Alters, der sexuellen Identität zu verhindern oder, wenn bereits geschehen, zu beseitigen.

Beschäftigte, die sich direkt oder indirekt aus den oben genannten Gründen diskriminiert fühlen, werden dringend gebeten, die Beschwerdestelle umgehend zu kontaktieren. Jede Kontaktaufnahme und alle Untersuchungen

werden strikt vertraulich behandelt. Aus diesem Grund ist eine persönliche Kontaktaufnahme der digitalen vorzuziehen. Gemeinsam mit dem angesprochenen Mitglied der Beschwerdestelle werden die weiteren Schritte besprochen und mögliche Lösungen eingeleitet.

Mitglieder der Beschwerdestelle sind Katja Linke (bis Mai 2022), die Gleichstellungsbeauftragten, die Betriebsärztin Frau Dr. Gabriele Andersen und der Betriebsrat. Weitere Mitglieder sind die Mitarbeitenden der Personalabteilung und die Ombudsperson.

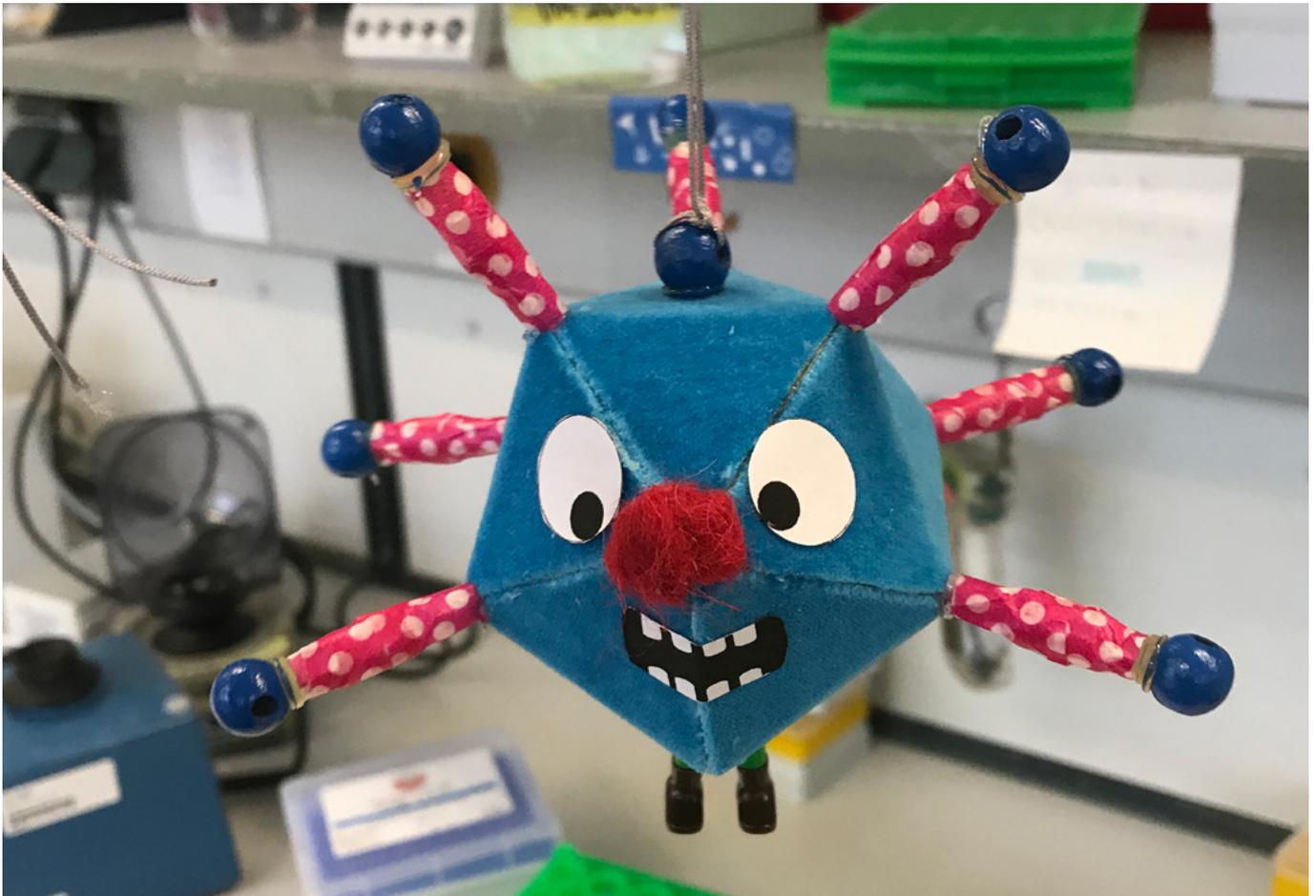
Betreuungsangebot Voioo

Dem LIV 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 mit der voioo GmbH eine Kooperation geschlossen – einem Unternehmen, das Veranstaltungen, Betreuungsangebote und Expertenberatung für Familien anbietet.

Kinder-Notfall- Betreuung

Das LIV bietet in Kooperation mit dem Notmütterdienst, Familien- und Seniorenhilfe e.V. individuelle Betreuungslösungen für Kinder von Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern an, wenn die eigene Kinderbetreuung durch Kita, Schule, Familie und Bekannte ausfällt.

voioo



Leibniz-Institut für



Verwaltung

Bis Mai 2023 war Katja Linke Administrative Direktorin des LIV. Sie hat das LIV nach viereinhalb Jahren verlassen, um wieder in der Hamburger Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung und Bezirke (BWFGB) tätig zu sein.

Seit 1. September 2023 leitet Dagmar Schröder-Huse als Administrative Direktorin unsere kaufmännische Abteilung sowie den wissenschaftsunterstützenden Bereich. Frau Schröder-Huse bringt umfangreiche Erfahrung und Fachwissen im Bereich der Verwaltung und Organisation mit. Sie war in den letzten Jahren als Leiterin der Verwaltung und Technischen Services am *Max-Planck-Institut für Struktur und Dynamik der Materie* tätig und verfügt über einen beeindruckenden Hintergrund im Management von öffentlich sowie privat finanzierten Einrichtungen.

Ein Blick zurück auf die letzten beiden Institutsjahre:

Katja Linke: „Die letzten Institutsjahre waren vor allem durch die Corona-Pandemie und zuletzt durch die Energiekrise geprägt. Dies war eine sehr anspruchsvolle Zeit für das Institut, in der mitunter schnelles Handeln erforderlich war.“

Das Institut hat es in dieser Zeit dennoch geschafft, seine Forschungsleistungen zu steigern und ich bin stolz auf die Kolleginnen und Kollegen der wissenschaftsunterstützenden Bereiche und der Administration, die die Wissenschaft in dieser Zeit weiterhin vollends unterstützen konnten. Mein Eindruck ist, dass wir gestärkt aus diesen Jahren herausgehen können, in dem Wissen, dass wir auch Krisen meistern, wenn wir uns auf unsere Stärken besinnen.“

Sind wir agiler und digitaler geworden? Wenn ja, in welchem Bereich?

Katja Linke: „Wir haben in den letzten Jahren – nicht zuletzt auch durch die Krisen ausgelöst – viel getan, um die Prozesse für beide Standorte effektiver aufzustellen. Neben der Einführung von mobiler Arbeit und Labfolder sowie der Umstellung unseres Forschungsinformationssystems auf UniversiS, gab es viele weitere Schritte, Verfahren digitaler und schneller zu gestalten. Das waren meines Erachtens nur erste Schritte in diese Richtung. Um weiter ein zeitgemäßes Arbeiten zu ermöglichen, muss dieser

Digitalisierungsprozess auch in den nächsten Jahren fortgeführt werden.“

Worin liegen die zukünftigen Herausforderungen für die Administration des Instituts?

Dagmar Schröder-Huse: „Das wirtschaftliche und gesellschaftliche Umfeld wird aufgrund des anhaltenden Ukraine-Kriegs sowie der Energiekrise unverändert dynamisch bleiben. Dies wird sich in fortlaufenden Preissteigerungen und Lieferengpässen niederschlagen, die uns vor Herausforderungen stellen.“

Insbesondere im Personalbereich werden wir aufgrund der bevorstehenden Tariferhöhungen mit erheblichen Kostensteigerungen rechnen müssen, die nicht vollständig durch die Steigerungsrate der institutionellen Zuwendung kompensiert werden können. Das erfordert von uns eine sehr sorgfältige finanzielle Planung.

Zugleich ist es unerlässlich, weitere Investitionen in die Digitalisierung zu tätigen. Dies ermöglicht nicht nur eine effizientere Gestaltung unserer Verwaltungsprozesse, sondern trägt auch dazu bei, den steigenden Compliance-Anforderungen gerecht zu werden.

Darüber hinaus wollen wir unseren CO₂-Fußabdruck weiter reduzieren und nachhaltige Praktiken initiieren, um unseren Beitrag zur Bekämpfung der Klimakrise zu leisten und langfristig Kosten einzusparen.“



Katja Linke, Administrative Direktorin bis Mai 2023

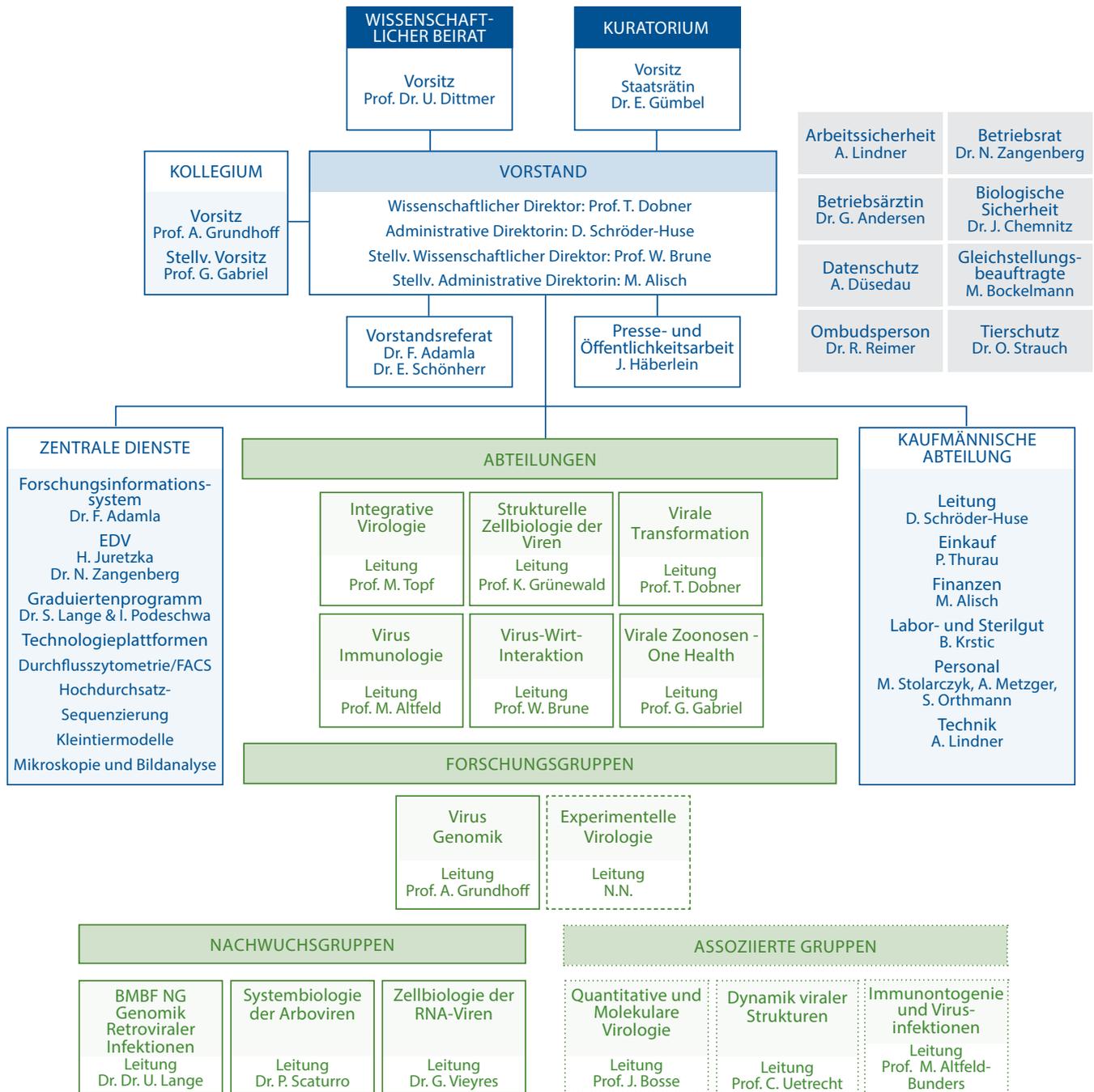


Dagmar Schröder-Huse, Administrative Direktorin seit September 2023



Anhang

Organigramm



Budget 2021

Einnahmen		Ausgaben			
		Personalkosten	Sachkosten	Investitionen	Gesamtwert
Institutionelle Förderung	15.309.928	8.820.712	4.691.535	1.807.140	15.319.387
Z-Projekte	8.242.054	3.350.201	2.757.319	1.479.166	7.586.685
SB-Projekte	223.076	12.749	9.417	0	22.165
wirtsch. Bereich	356.622	139.614	321.399	10.568	471.581
Summe Drittmittel	8.821.752	3.502.564	3.088.134	1.489.734	8.080.432
Gesamtes LIV	24.131.680	12.323.276	7.779.669	3.296.874	23.399.819
davon:					
Bereich Grundfinanzierung	15.309.928	2.077.387	1.031.988	72.953	3.182.328
Bereich Gebäude und Technik	0	273.133	1.139.373	772.385	2.184.891
Bereich Wissenschaft	0	6.470.191	2.520.174	961.803	9.952.168
Summe Inst. Förderung	15.309.928	8.820.712	4.691.535	1.807.140	15.319.387
Förderung durch Leibniz	291.233	185.830	27.911	0	213.741
Europäische Förderungen	583.878	510.199	161.956	46.084	718.239
außereuropäische Förderung	157.506	97.623	17.213	0	114.837
Bundesförderung	1.093.108	229.895	211.709	75.955	517.559
Förderung durch DZIF	538.515	252.219	184.245	92.130	528.593
Landesförderung	4.057.985	974.979	1.689.218	1.254.997	3.919.193
Dt. Forschungsgemeinschaft	978.680	577.255	329.214	0	906.469
Förd. durch weitere Stiftungen	271.673	315.427	68.271	0	383.698
Industriekooperationen	223.076	139.614	23.468	10.568	173.651
diverse Mittelgeber	272.477	219.523	77.844	10.000	307.368
wirtsch. Bereich	353.622	0	297.085	0	297.085
Summe Drittmittel	8.821.752	3.502.564	3.088.134	1.489.734	8.080.432

Budget 2022

Einnahmen		Ausgaben			
		Personalkosten	Sachkosten	Investitionen	Gesamtwert
Institutionelle Förderung	13.701.208	8.731.917	4.387.621	427.586	13.547.124
Z-Projekte	9.406.263	3.370.305	3.262.150	3.407.773	10.040.228
SB-Projekte	395.119	0	2.367	0	2.367
wirtsch. Bereich	291.242	-24.584	237.012	4.500	216.928
Summe Drittmittel	10.092.624	3.345.721	3.501.529	3.412.273	10.259.523
Gesamtes LIV	23.793.832	12.077.638	7.889.150	3.839.859	23.806.647
davon:					
Bereich Grundfinanzierung	13.701.208	2.422.889	1.086.746	57.515	3.567.149
Bereich Gebäude und Technik	0	292.845	544.714	10.523	848.082
Bereich Wissenschaft	0	6.016.183	2.756.161	359.549	9.131.893
Summe Inst. Förderung	13.701.208	8.731.917	4.387.621	427.586	13.547.124
Förderung durch Leibniz	504.620	425.063	47.051	16.391	488.505
Europäische Förderungen	779.320	467.944	109.976	0	577.921
außereuropäische Förderung	108.423	97.123	44.692	0	141.815
Bundesförderung	3.059.669	813.902	382.236	2.150.575	3.346.713
Förderung durch DZIF	91.846	53.564	28.852	0	82.417
Landesförderung	2.976.750	368.556	1.552.915	1.237.094	3.158.566
Dt. Forschungsgemeinschaft	1.020.194	549.406	767.268	0	1.316.673
Förd. durch weitere Stiftungen	233.775	99.905	169.766	0	269.671
Industriekooperationen	174.056	63.542	93.025	0	156.567
diverse Mittelgeber	1.042.308	406.716	69.539	3.713	479.968
wirtsch. Bereich	289.292	0	236.208	4.500	240.708
Summe Drittmittel	10.280.251	3.345.721	3.501.529	3.412.273	10.259.523

Publikationen

2022

- Albrecht M, Pagenkemper M, Wiessner C, Spohn M, Lütgehetmann M, Jacobsen H, Gabriel G, Zazara DE, Haertel C, Hecher K, Diemert A, Arck PC (2022). Infant immunity against viral infections is advanced by the placenta-dependent vertical transfer of maternal antibodies. *Vaccine*. 2022 Mar 8;40(11):1563-1571.
- Alemán MV, Bertzbach LD, Speiseder T, Ip WH, González RA, Dobner T (2022). Global Transcriptome Analyses of Cellular and Viral mRNAs during HAdV-C5 Infection Highlight New Aspects of Viral mRNA Biogenesis and Cytoplasmic Viral mRNA Accumulations *Viruses*. 2022; 14(11):2428.
- Astafyeva Y, Gurschke M, Qi M, Bergmann L, Indenbirken D, de Grahl I, Katzowitzsch E, Reumann S, Hanelt D, Alawi M, Streit WR, Krohn I (2022). Microalgae and Bacteria Interaction-Evidence for Division of Diligence in the Alga Microbiota. *Microbiol Spectr*. 2022 Aug 31;10(4):e0063322.
- Bai T, Chen Y, Beck S, Stanelle-Bertram S, Kouassi Mounogou N, Chen T, Dong J, Schneider B, Jia T, Yang J, Wang L, Meinhardt A, Zapf A, Kreienbrock L, Wang D, Shu Y, Gabriel G (2022). H7N9 avian influenza virus infection in men is associated with testosterone depletion. *Nat Commun* 13, 6936.
- Baier C, Huang J, Reumann K, Indenbirken D, Thol F, Koenecke C, Ebadi E, Heim A, Bange FC, Haid S, Pietschmann T, Fischer N (2022). Target capture sequencing reveals a monoclonal outbreak of respiratory syncytial virus B infections among adult hematologic patients. *Antimicrob Resist Infect Control*. 2022 Jun 21;11(1):88.
- Bauer A, Frascaroli G, Walther P (2022). Megapinosomes and homologous structures in hematopoietic cells. *Histochem Cell Biol*. 2022 Jul 12.
- Boddin J, Ip WH, Wilkens B, von Stromberg K, Ching W, Koyuncu E, Bertzbach LD, Dobner T (2022). A Single Amino Acid Switch in the Adenoviral DNA Binding Protein Abrogates Replication Center Formation and Productive Viral Infection. *mBio*. 2022 Apr 26;13(2):e0014422.
- Borst EM, Harmening S, Sanders S, Caragliano E, Wagner K, Lenac Roviš T, Jonjić S, Bosse JB, Messerle M (2022). Unique Role of the Human Cytomegalovirus Small Capsid Protein in Capsid Assembly. *mBio*. 2022 Sep 6:e0100722.
- Braun SA, Bauer AT, Németh C, Rózsa A, Rusch L, Erpenbeck L, Schloer S, Silling S, Metzke D, Gerber PA, Schneider SW, Gyulai R, Homey B. (2022). Immunothrombotic Mechanisms Induced by Ingenol Mebutate Lead to Rapid Necrosis and Clearance of Anogenital Warts. *Int J Mol Sci*. 2022 Nov 2;23(21):13377.
- Brinkmann NM, Hoffmann C, Wurr S, Pallasch E, Hinzmann J, Ostermann E, Brune W, Eskes ME, Jungblut L, Günther S, Unrau L, Oestereich L (2022). Understanding Host-Virus Interactions: Assessment of Innate Immune Responses in *Mastomys natalensis* Cells after Arenavirus Infection. *Viruses*. 2022 Sep 8;14(9):1986.
- Brižić I, Lisnić B, Krstanović F, Brune W, Hengel H, Jonjić S (2022). Mouse Models for Cytomegalovirus Infections in Newborns and Adults. *Curr Protoc*. 2022 Sep;2(9):e537.
- Brodmerkel MN, De Santis E, Utrecht C, Coleman C, Marklund EG (2022). Stability and conformational memory of electrosprayed and rehydrated bacteriophage MS2 virus coat proteins. *Curr Res Struct Biol*. 2022 Nov 4;4:338-348.
- Bücker R, Seuring C, Cazey C, Veith K, García-Alai M, Grünewald K, Landau M (2022). The Cryo-EM structures of two amphibian antimicrobial cross- β amyloid fibrils. *Nat Commun*. 2022 Jul 27;13(1):4356.
- Caragliano E, Bonazza S, Frascaroli G, Tang J, Soh TK, Grünewald K, Bosse JB, Brune W (2022). Human cytomegalovirus forms phase-separated compartments at viral genomes to facilitate viral replication. *Cell Rep*. 2022 Mar 8;38(10):110469.
- Caragliano E, Brune W, Bosse JB (2022). Herpesvirus Replication Compartments: Dynamic Biomolecular Condensates? *Viruses*. 2022 May 4;14(5):960.
- Carlsen L, Büttner H, Christner M, Franke G, Indenbirken D, Knobling B, Lütgehetmann M, Knobloch J (2022). High burden and diversity of carbapenemase-producing Enterobacterales observed in wastewater of a tertiary care hospital in Germany. *Int J Hyg Environ Health*. 2022 May;242:113968.
- Ciurkiewicz M, Armando F, Schreiner T, de Buhr N, Pilchová V, Krupp-Buzimikic V, Gabriel G, von Köckritz-Blickwede M, Baumgärtner W, Schulz C, Gerhäuser I (2022). Ferrets are valuable models for SARS-CoV-2 research. *Vet Pathol*. 2022 Jul;59(4):661-672.
- Cords L, Knapp M, Woost R, Schulte S, Kummer S, Ackermann C, Beisel C, Peine S, Johansson AM, Kwok WW, Günther T, Fischer N, Wittner M, Addo MM, Huber S, Schulze Zur Wiesch J (2022). High and Sustained Ex Vivo Frequency but Altered Phenotype of SARS-CoV-2-Specific CD4⁺ T-Cells in an Anti-CD20-Treated Patient with Prolonged COVID-19. *Viruses*. 2022 Jun 10;14(6):1265.
- Cords L, Woost R, Kummer S, Brehm TT, Kluge S, Schmiedel S, Jordan S, Lohse AW, Altfeld M, Addo MM, Schulze zur Wiesch J, Beisel C (2022). Frequency of IRF5⁺ dendritic cells is associated with the TLR7-induced inflammatory cytokine response in SARS-CoV-2 infection *Cytokine* 162 156109
- Creutznacher R, Maass T, Dülfer J, Feldmann C, Hartmann V, Lane MS, Knickmann J, Westermann LT, Thiede L, Smith TJ, Utrecht C, Mallagaray A, Waudby CA, Taube S, Peters T (2022). Distinct dissociation rates of murine and human norovirus P-domain dimers suggest a role of dimer stability in virus-host interactions. *Commun Biol*. 2022 Jun 9;5(1):563.
- Creutznacher R, Maass T, Veselkova B, Ssebyatika G, Krey T, Empting M, Tautz N, Frank M, Kölbl K, Utrecht C, Peters T (2022). NMR Experiments Provide Insights into Ligand-Binding to the SARS-CoV-2 Spike Protein Receptor-Binding Domain. *J Am Chem Soc*. 2022 Jul 13.
- Czech-Sioli M, Günther T, Robitaille A, Roggenkamp H, Büttner H, Indenbirken D, Christner M, Lütgehetmann M, Knobloch J, Aepfelbacher M, Grundhoff A, Fischer N

- (2022). Integration of sequencing and epidemiological data for surveillance of SARS-CoV-2 infections in a tertiary-care hospital. *Clin Infect Dis*. 2022 Jun 19:ciac484.
- De Buhr N, Parplys AC, Schroeder M, Henneck T, Schaumburg B, Stanelle-Bertram S, Jarczak D, Nierhaus A, Hiller J, Peine S, Kluge S, Klingel K, Gabriel G, von Köckritz-Blickwede M (2022). Impaired Degradation of Neutrophil Extracellular Traps: A Possible Severity Factor of Elderly Male COVID-19 Patients. *J Innate Immun*. 2022;14(5):461-476.
- De Melo GD, Hellert J, Gupta R, Corti D, Bourhy H. (2022). Monoclonal antibodies against rabies: current uses in prophylaxis and in therapy. *Curr Opin Virol*. 2022 Apr;53:101204.
- Dirscherl C, Löchte S, Hein Z, Kopicki JD, Harders AR, Linden N, Karner A, Preiner J, Weghuber J, Garcia-Alai M, Uetrecht C, Zacharias M, Piehler J, Lanzerstorfer P, Springer S (2022). Dissociation of $\beta 2m$ from MHC class I triggers formation of noncovalent transient heavy chain dimers. *J Cell Sci*. 2022 May 1;135(9):jcs259489.
- Ebel H, Benecke T, Vollmer B. (2022). Stabilisation of Viral Membrane Fusion Proteins in Prefusion Conformation by Structure-Based Design for Structure Determination and Vaccine Development. *Viruses*. 2022 Aug 18;14(8):1816.
- Engelmann C, Schuhmachers P, Zdimerova H, Viridi S, Hauri-Hohl M, Pachlopnik Schmid J, Grundhoff A, Marsh RA, Wong WW, Münz C (2022). Epstein Barr virus-mediated transformation of B cells from XIAP-deficient patients leads to increased expression of the tumor suppressor CADM1. *Cell Death Dis*. 2022 Oct 22;13(10):892.
- Faist A, Schloer S, Mecate-Zambrano A, Janowski J, Schreiber A, Boergeling Y, Conrad BCG, Kumar S, Toebben L, Schughart K, Baumgardt M, Kessler M, Hoenzke K, Hocke A, Trautmann M, Hartmann W, Kato H, Rescher U, Christersson A, Kuehn J, Mellmann A, Wolff T (2022). Inhibition of p38 signaling curtails the SARS-CoV-2 induced inflammatory response but retains the IFN-dependent antiviral defense of the lung epithelial barrier. *Antiviral Res*. 2022 Nov 21;209:105475.
- Fiedler M, Ip WH, Hofmann-Sieber H, Wilkens B, Nkrumah FK, Zhang W, Ehrhardt A, Bertzbach LD, Dobner T (2022). Protein-Protein Interactions Facilitate E4orf6-Dependent Regulation of E1B-55K SUMOylation in HAdV-C5 Infection. *Viruses*. 2022 Feb 24;14(3):463.
- Fittje P, Haelzemer A, Garcia-Beltran WF, Vollmers S, Niehrs A, Hagemann K, Martrus G, Körner C, Kirchhoff F, Sauter D, Altfeld M (2022). HIV-1 Nef-mediated downregulation of CD155 results in viral restriction by KIR2DL5+ NK cells. *PLoS Pathog*. 2022 Jun 24;18(6):e1010572.
- Flomm FJ, Soh TK, Schneider C, Wedemann L, Britt HM, Thalassinis K, Pftzner S, Reimer R, Grünewald K, Bosse JB (2022). Intermittent bulk release of human cytomegalovirus. *PLoS Pathog*. 2022 Aug 4;18(8):e1010575.
- Franken LE, Rosch R, Laugks U, Grünewald K (2022). Protocol for live-cell fluorescence-guided cryoFIB-milling and electron cryotomography of virus-infected cells. *STAR Protoc*. 2022 Sep 21;3(4):101696.
- Garcia-Beltran WF, St Denis KJ, Hoelzemer A, Lam EC, Nitido AD, Sheehan ML, Berrios C, Ofoman O, Chang CC, Hauser BM, Feldman J, Roederer AL, Gregory DJ, Poznansky MC, Schmidt AG, Iafrate AJ, Naranbhai V, Balazs AB (2022). mRNA-based COVID-19 vaccine boosters induce neutralizing immunity against SARS-CoV-2 Omicron variant. *Cell*. 2022 Jan 6:S0092-8674(21)01496-3.
- Hagemann K, Riecken K, Jung J, Hildebrandt H, Menzel S, Bunders M, Fehse B, Koch-Nolte F, Heinrich F, Peine S, Schulze Zur Wiesch J, Brehm TT, Addo MM, Lütgehetmann M, Altfeld M (2022). Natural killer cell-mediated ADCC in SARS-CoV-2-infected individuals and vaccine recipients. *Eur J Immunol*. 2022 Aug;52(8):1297-1307.
- Hansen CT, Kleint C, Böhnke S, Klose L, Adam-Beyer N, Sass K, Zitoun R, Sander SG, Indenbirken D, Dittmar T, Koschinsky A & Perner M (2022). Impact of high Fe-concentrations on microbial community structure and dissolved organics in hydrothermal plumes: an experimental study *Scientific Reports* 12, 20723 (2022).
- Hartmann W, Brunn ML, Stetter N, Gabriel G, Breloer M (2022). Pre-existing helminth infection impairs the efficacy of adjuvanted influenza vaccination in mice. *PLoS One*. 2022 Mar 31;17(3):e0266456.
- Heinrich F, Romich C, Zimmermann T, Knipf I, Fitzek A, Steurer S, Glatzel M, Nörz D, Günther T, Czech-Sioli M, Fischer N, Grundhoff A, Lütgehetmann M, Ondruschka B (2022). Dying of VOC-202012/01 - multimodal investigations in a death case of the SARS-CoV-2 variant. *Int J Legal Med*. 2022 Jan;136(1):193-202.
- Heyer A, Günther T, Robitaille A, Lütgehetmann M, Addo MM, Jarczak D, Kluge S, Aepfelbacher M, Schulze Zur Wiesch J, Fischer N, Grundhoff A (2022). Remdesivir-induced emergence of SARS-CoV2 variants in patients with prolonged infection. *Cell Rep Med*. 2022 Aug 16:100735.
- Hidalgo P, Garcés Y, Mundo E, López RE, Bertzbach LD, Dobner T, González RA (2022). E1B-55K is a phosphorylation-dependent transcriptional and post-transcriptional regulator of viral gene expression in HAdV-C5 infection. *J Virol*. 2022 Mar 9;96(5):e0206221.
- Hoen L, Rudisch C, Wick M, Indenbirken D, Grundhoff A, Wegwitz F, Kalkhof S, Hildebrand J (2022). Osmotic Stress Interferes with DNA Damage Response and H2AX Phosphorylation in Human Keratinocytes. *Cells*. 2022 Mar 11;11(6):959.
- Höfle J, Trenkner T, Kleist N, Schwane V, Vollmers S, Barcelona B, Niehrs A, Fittje P, Huynh-Tran VH, Sauter J, Schmidt AH, Peine S, Hoelzemer A, Richert L, Altfeld M, Körner C (2022). Engagement of TRAIL triggers degranulation and IFN γ production in human natural killer cells. *EMBO Rep*. 2022 Jun 27:e54133.
- Houwaart T, Belhaj S, Tawalbeh E, (...), German COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) (2022). Integrated genomic surveillance enables tracing of person-to-person SARS-CoV-2 transmission chains during community transmission and reveals extensive onward

- transmission of travel-imported infections, Germany, June to July 2021. *Euro Surveill.* 2022 Oct;27(43).
- Ivanova ME, Lukoyanova N, Malhotra S, Topf M, Trapani JA, Voskoboinik I, Saibil HR (2022). The pore conformation of lymphocyte perforin. *Sci Adv.* 2022 Feb 11;8(6):eabk3147.
- Käufer C, Schreiber CS, Hartke AS, Denden I, Stanelle-Bertram S, Beck S, Kouassi NM, Beythien G, Becker K, Schreiner T, Schaumburg B, Beineke A, Baumgärtner W, Gabriel G, Richter F (2022). Microgliosis and neuronal proteinopathy in brain persist beyond viral clearance in SARS-CoV-2 hamster model. *EBioMedicine.* 2022 May;79:103999.
- Kolbe V, Ip WH, Kieweg-Thompson L, Lang J, Gruhne J, Meyer T, Wilkens B, Schie M, Thünauer R, Schreiner S, Bertzbach LD, Rodríguez E, Dobner T (2022). Conserved E1B-55K SUMOylation in different human adenovirus species is a potent regulator of intracellular localization. *J Virol.* 2022 Feb 9;96(3):e0083821.
- Konietzny A, Grendel J, Kadek A, Bucher M, Han Y, Hertrich N, Dekkers DHW, Demmers JAA, Grünewald K, Utrecht C, Mikhaylova M (2022). Caldendrin and myosin V regulate synaptic spine apparatus localization via ER stabilization in dendritic spines. *EMBO J.* 2022 Feb 15;41(4):e106523.
- Kopicki JD, Saikia A, Niebling S, Günther C, Anjanappa R, Garcia-Alai M, Springer S, Utrecht C (2022). Opening opportunities for Kd determination and screening of MHC peptide complexes. *Commun Biol.* 2022 May 23;5(1):488.
- Krasemann S, Dittmayer C, von Stillfried S, Meinhardt J, (...), Stanelle-Bertram S, Gabriel G, (...), Ondruschka B, Ochs M, Stenzel W, Heppner FL, Boor P, Radbruch H, Laue M, Glatzel M (2022). Assessing and improving the validity of COVID-19 autopsy studies - A multicentre approach to establish essential standards for immunohistochemical and ultrastructural analyses. *EBioMedicine.* 2022 Aug 2;83:104193.
- Maass T, Westermann LT, Creutzmacher R, Mallagaray A, Dülfer J, Utrecht C, Peters T (2022). Assignment of Ala, Ile, LeuproS, Met, and ValproS methyl groups of the protruding domain of murine norovirus capsid protein VP1 using methyl-methyl NOEs, site directed mutagenesis, and pseudocontact shifts. *Biomol NMR Assign.* 2022 Jan 20.
- Mai J, Stubbe M, Hofmann S, Masser S, Dobner T, Boutell C, Groitl P, Schreiner S (2022). PML Alternative Splice Products Differentially Regulate HAdV Productive Infection. *Microbiol Spectr.* 2022 Aug 31;10(4):e0078522.
- Márquez V, Ballesteros G, Dobner T, González RA (2022). Adipocyte commitment of 3T3-L1 cells is required to support human adenovirus 36 productive replication concurrent with altered lipid and glucose metabolism. *Front Cell Infect Microbiol.* 2022 Sep 27; 12:1016200.
- Mekni-Toujani M, Mousavizadeh L, Gallo A, Ghram A (2022). Thymus capitatus flavonoids inhibit infection of Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus. *FEBS Open Bio.* 2022 Jun;12(6):1166-1177.
- Mensching L, Hoelzemer A (2022). NK Cells, Monocytes and Macrophages in HIV-1 Control: Impact of Innate Immune Responses. *Front Immunol.* 2022 May 27;13:883728.
- Müller AL, Casar C, Preti M, Krzikalla D, Gottwick C, Averhoff P, Rosenstiel P, Gelderblom M, Altfeld M, Lohse AW, Steinmann S, Sebode M, Krause J, Schwinge D, Schramm C, Carambia A, Herkel J (2022). Inflammatory type 2 conventional dendritic cells contribute to murine and human cholangitis. *J Hepatol.* 2022 Jul 4:S0168-8278(22)02923-3.
- Nakel J, Robitaille A, Günther T, Rosenau L, Czech-Sioli M, Plenge-Bönig A, Bühler S, Wille A, Jakubowski E, Pruskil S, Wahlen M, Indenbirken D, Nörz D, Lütgehetmann M, Aepfelbacher M, Grundhoff A, Grolle B, Fischer N (2022). Comparing susceptibility and contagiousness in concurrent outbreaks with a non-VOC and the VOC SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in daycare centers in Hamburg, Germany. *Int J Hyg Environ Health.* 2022 Mar;240:113928.
- Nette F, Guerra de Souza AC, Laskay T, Ohms M, Dömer D, Drömann D, Rapoport DH (2022). Method for simultaneous tracking of thousands of unlabeled cells within a transparent 3D matrix. *PLoS One.* 2022 Jun 24;17(6):e0270456.
- Nickel L, Sünderhauf A, Rawish E, Stölting I, Derer S, Thorns C, Matschl U, Othman A, Sina C, Raasch W (2022). The AT1 Receptor Blocker Telmisartan Reduces Intestinal Mucus Thickness in Obese Mice. *Front Pharmacol.* 2022 Mar 31;13:815353.
- Niebling S, Veith K, Vollmer B, Lizarrondo J, Burastero O, Schiller J, Struve García A, Lewe P, Seuring C, Witt S, García-Alai M. (2022). Biophysical Screening Pipeline for Cryo-EM Grid Preparation of Membrane Proteins. *Front Mol Biosci.* 2022 Jun 23;9:882288.
- Nörz D, Brehm TT, Tang HT, Grewe I, Hermanussen L, Matthews H, Pestel J, Degen O, Günther T, Grundhoff A, Fischer N, Addo MM, (...), Schulze Zur Wiesch J, Schmiedel S, Lütgehetmann M (2022). Clinical characteristics and comparison of longitudinal qPCR results from different specimen types in a cohort of ambulatory and hospitalized patients infected with monkeypox virus. *J Clin Virol.* 2022 Oct;155:105254.
- Nörz D, Grunwald M, Tang HT, Weinschenk C, Günther T, Robitaille A, Giersch K, Fischer N, Grundhoff A, Aepfelbacher M, Pfeifferle S, Lütgehetmann M (2022). Clinical Evaluation of a Fully-Automated High-Throughput Multiplex Screening-Assay to Detect and Differentiate the SARS-CoV-2 B.1.1.529 (Omicron) and B.1.617.2 (Delta) Lineage Variants. *Viruses.* 2022 Mar 15;14(3):608.
- Perner M, Wallmann K, Adam-Beyer N, Hepach H, Laufer-Meiser K, Böhnke S, Diercks I, Bange HW, Indenbirken D, Nikeleit V, Bryce C, Kappler A, Engel A, Scholz F. (2022). Environmental changes affect the microbial release of hydrogen sulfide and methane from sediments at Boknis Eck (SW Baltic Sea). *Front Microbiol.* 2022 Dec 21;13:1096062.
- Polubothu S, Bender N, Muthiah S, Zecchin D, Demetriou C, Martin SB, Malhotra S, Travnickova J, Zeng Z, Böhm M, Barbarot S, Cottrell C, Davies O, Baselga E, Burrows NP, Carmignac V, Diaz JS, Fink C, (...), Topf M, Rajan N, Drolet B, Kinsler VA (2022). PTPN11 mosaicism causes a spectrum of pigmentary

- and vascular neurocutaneous disorders and predisposes to melanoma. *J Invest Dermatol.* 2022 Dec 22:S0022-202X(22)02891-3.
- Reid KM, Spaul R, Salian S, Barwick K, (...), Topf M, Grozeva D, Carss K, (...), Campeau PM, Harvey RJ, Kurian MA (2022). MED27, SLC6A7, and MPPE1 Variants in a Complex Neurodevelopmental Disorder with Severe Dystonia. *Mov Disord.* 2022 Jul 25.
- Ricklefs FL, Maire CL, Wollmann K, Dührsen L, Fita KD, Sahm F, Herold-Mende C, von Deimling A, Kolbe K, Holz M, Bergmann L, Fuh MM, Schlüter H, Alawi M, Reimer R, Sven P, Glatzel M, Westphal M, Lamszus K (2022). Diagnostic potential of extracellular vesicles in meningioma patients. *Neuro Oncol.* 2022 May 12:noac127.
- Sampson O, Lim N, White J, Vieira V, Klöverpris H, Adland E, Conlon C, Skelly D, Jones L, Stafford L, Jansen A, Barnes E, Dunachie S, Frater J, Klenerman P, Altfeld M, Goulder P (2022). A simple, robust flow cytometry-based whole blood assay for investigating sex differential interferon alpha production by plasmacytoid dendritic cells. *J Immunol Methods.* 2022 Mar 24:113263.
- Schlemeyer T, Ohnezeit D, Viridi S, Körner C, Weißelberg S, Starzonek S, Schumacher U, Grundhoff A, Indenbirken D, Albertini S, Fischer N (2022). Merkel cell carcinoma and immune evasion: Merkel cell polyomavirus small T-antigen induced surface changes can be reverted by therapeutic intervention. *J Invest Dermatol.* 2022 May 27:S0022-202X(22)00404-3.
- Schloer S, Goretzko J, Rescher U (2022). Repurposing Antifungals for Host-Directed Antiviral Therapy? *Pharmaceuticals (Basel).* 2022 Feb 10;15(2):212.
- Schloer S, Treuherz D, Faist A, Witt M, Wunderlich K, Wiewrodt R, Wiebe K, Barth P, Wälzlein JH, Kummer S, Balkema-Buschmann A, Ludwig S, Brunotte L, Rescher U (2022). 3D ex vivo tissue platforms to investigate the early phases of influenza A virus- and SARS-CoV-2-induced respiratory diseases. *Emerg Microbes Infect.* 2022 Aug 24:1-30.
- Schreiber A, Ambrosy B, Planz O, Schloer S, Rescher U, Ludwig S (2022). The MEK1/2 Inhibitor ATR-002 (Zapnometinib) Synergistically Potentiates the Antiviral Effect of Direct-Acting Anti-SARS-CoV-2 Drugs. *Pharmaceutics.* 2022 Aug 25;14(9):1776.
- Schreiner T, Allnoch L, Beythien G, Marek K, Becker K, Schaudien D, Stanelle-Bertram S, Schaumburg B, Mounogou Kouassi N, Beck S, Zickler M, Gabriel G, Baumgärtner W, Armando F, Ciurkiewicz M (2022). SARS-CoV-2 Infection Dysregulates Cilia and Basal Cell Homeostasis in the Respiratory Epithelium of Hamsters. *Int J Mol Sci.* 2022 May 4;23(9):5124.
- Shukla S, Komarek J, Novakova Z, Nedvedova J, Ustinova K, Vankova P, Kadek A, Uetrecht C, Mertens H, Barinka C (2022). In-solution structure and oligomerization of human histone deacetylase 6 - an integrative approach. *FEBS J.* 2022 Sep 5.
- Sirocko KT, Angstmann H, Papenmeier S, Wagner C, Spohn M, Indenbirken D, Ehrhardt B, Kovacevic D, Hammer B, Svanes C, Rabe KF, Roeder T, Uliczka K, Krauss-Etschmann S (2022). Early-life exposure to tobacco smoke alters airway signaling pathways and later mortality in *D. melanogaster*. *Environ Pollut.* 2022 Jun 30:119696.
- Soloviev Z, Bullock JMA, James JMB, Sauerwein AC, Nettleship JE, Owens RJ, Hansen DF, Topf M, Thalassinis K (2022). Structural mass spectrometry decodes domain interaction and dynamics of the full-length Human Histone Deacetylase 2. *Biochim Biophys Acta Proteins Proteom.* 2022 Jan 17:140759.
- Thuenauer R, Kühn K, Guo Y, Kotsis F, Xu M, Trefzer A, Altmann S, Wehrum S, Heshmatpour N, Faust B, Landi A, Diedrich B, Dengjel J, Kuehn EW, Imberty A, Römer W (2022). The Lectin LecB Induces Patches with Basolateral Characteristics at the Apical Membrane to Promote *Pseudomonas aeruginosa* Host Cell Invasion. *mBio.* 2022 Jun 28;13(3):e0081922.
- Vázquez CA, Widerspick L, Thuenauer R, Schneider C, Reimer R, Neira P, Olal C, Heung M, Niemetz L, Lawrence P, Kucinskaite-Kodze I, Redecke L, Escudero-Pérez B (2022). Nipah Virus Infection Generates Ordered Structures in Cellulo. *Viruses.* 2022 Jul 12;14(7):1523.
- Villalta A, Schmitt A, Estrozi LF, Quemini ERI, Alempic JM, Lartigue A, Pražák V, Belmudes L, Vasishtan D, Colmant AMG, Honoré FA, Couté Y, Grünewald K, Abergel C. (2022). The giant mimivirus 1.2 Mb genome is elegantly organized into a 30-nm diameter helical protein shield. *Elife.* 2022 Jul 28;11:e77607.
- Vollmers S, Lobermeyer A, Niehrs A, Fittje P, Indenbirken D, Nakel J, Viridi S, Brias S, Trenkner T, Sauer G, Peine S, Behrens GMN, Lehmann C, Meurer A, Pauli R, Postel N, Roeder J, Scholten S, (...), Hoelzemer A, Altfeld M, Körner C (2022). Host KIR/HLA-C Genotypes Determine HIV-Mediated Changes of the NK Cell Repertoire and Are Associated With Vpu Sequence Variations Impacting Downmodulation of HLA-C. *Front Immunol.* 2022 Jul 15;13:922252.
- Von Woedtko T, Gabriel G, Schaible UE, Bekeschus S (2022). Oral SARS-CoV-2 reduction by local treatment: A plasmatechnology application? *Plasma Processes and Polymers*
- Walker A, Houwaart T, Finzer P, Ehlkes L, Tyshaiyeva A, Damagnez M, Strelow D, Duplessis A, Nicolai J, Wienemann T, Tamayo T, Kohns Vasconcelos M, Hülse L, Hoffmann K, Lübke N, Hauka S, (...); German COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) (2022). Characterization of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Infection Clusters Based on Integrated Genomic Surveillance, Outbreak Analysis and Contact Tracing in an Urban Setting. *Clin Infect Dis.* 2022 Mar 23;74(6):1039-1046.
- Wanner N, Andrieux G, Badia-I-Mompel P, Edler C, Pfefferte S, Lindenmeyer MT, Schmidt-Lauber C, Czogalla J, Wong MN, Okabayashi Y, Braun F, Lütgehetmann M, Meister E, Lu S, Noriega MLM, Günther T, Grundhoff A, (...), Scaturro P, Puelles VG, Huber TB (2022). Molecular consequences of SARS-CoV-2 liver tropism. *Nat Metab.* 2022 Mar;4(3):310-319.
- Weber L, Vieyres G (2022). The Railmap of Type I Interferon Induction: Subcellular Network Plan and How Viruses Can Change Tracks. *Cells.* 2022 Oct 6;11(19):3149.
- Wedemann L, Flomm FJ, Bosse JB (2022). The unconventional way out - Egress of HCMV through multiviral bodies. *Mol Microbiol.*

2022 May 23.

- You Y, Conradie AM, Kheimar A, Bertzbach LD, Kaufer BB (2022). The Marek's Disease Virus Unique Gene MDV082 Is Dispensable for Virus Replication but Contributes to a Rapid Disease Onset. *J Virol.* 2021 Jul 12;95(15):e0013121.
- Zech ATL, Prondzynski M, Singh SR, Pietsch N, Orthey E, Alizoti E, Busch J, Madsen A, Behrens CS, Meyer-Jens M, Mearini G, Lemoine MD, Krämer E, Mosqueira D, Viridi S, Indenbirken D, (...), Hammer E, Schlossarek S, Carrier L (2022). ACTN2 Mutant Causes Proteopathy in Human iPSC-Derived Cardiomyocytes. *Cells.* 2022 Sep 2;11(17):2745.
- Zhu H, Fan Z, Song S, Eggert D, Liu Y, Shi W, Yuan Y, Kim KS, Grünwald M, Chen O (2022). Dual Atomic Coherence in the Self-Assembly of Patchy Heterostructural Nanocrystals. *ACS Nano.* 2022 Sep 1.
- Zickler M, Stanelle-Bertram S, Ehret S, Heinrich F, Lange P, Schaumburg B, Mounogou Kouassi N, Beck S, Jäckstein MY, Mann O, Krasemann S, Schröder M, Jarczak D, Nierhaus A, Kluge S, Peschka M, (...), Ondruschka B, Heeren J, Gabriel G (2022). Replication of SARS-CoV-2 in adipose tissue determines organ and systemic lipid metabolism in hamsters and humans. *Cell Metab.* 2022 Jan 4;34(1):1-2.
- ## 2021
- Aho V, Salminen S, Mattola S, Gupta A, Flomm F, Sodeik B, Bosse JB, Vihinen-Ranta M (2021). Infection-induced chromatin modifications facilitate translocation of herpes simplex virus capsids to the inner nuclear membrane. *PLoS Pathog.* 2021 Dec 15;17(12):e1010132.
- Alexander LT, Lepore R, Kryshtafovych A, Adamopoulos A, Alahuhta M, Arvin AM, Bomble YJ, Böttcher B, (...), Topf M, Tsutakawa SE, Valdivia-Delgado M, Schwede T (2021). Target highlights in CASP14: analysis of models by structure providers. *Proteins.* 2021 Dec;89(12):1647-1672.
- Allnoch L, Beythien G, Leitzen E, Becker K, Kaup F-J, Stanelle-Bertram S, Schaumburg B, Mounogou Kouassi N, Beck S, Zickler M, Herder V, Gabriel G, Baumgärtner W (2021). Vascular Inflammation Is Associated with electron microscopy density-fitting and validation workflows. *Acta Crystallogr D Struct Biol.* 2021 Jan 1;77(Pt 1):41-47.
- Dülfer J, Yan H, Brodmerkel MN, Creutzmacher R, Mallagaray A, Peters T, Coleman C, Marklund EG, Uetrecht C (2021). Glycan-Induced Protein Dynamics in Human Norovirus P Dimers Depend on Virus Strain and Deamidation Status. *Molecules.* 2021 Apr 7;26(8):2125.
- Ferguson J, Campos-León K, Pentland I, Stockton JD, Günther T, Beggs A, Grundhoff A, Roberts S, Noyvert B, Parish JL (2021). The chromatin insulator CTCF regulates HPV18 transcript splicing and differentiation-dependent late gene expression. *PLoS Pathog.* 2021 Nov 4;17(11):e1010032.
- Ferreira JL, Heincke D, Wichers JS, Liffner B, Wilson DW, Gilberger TW (2021). The Dynamic Roles of the Inner Membrane Complex in the Multiple Stages of the Malaria Parasite. *Front Cell Infect Microbiol.* 2021 Jan 8;10:611801.
- Fischer AW, Jaeckstein MY, Gottschling K, Heine M, Sass F, Mangels N, Schlein C, Worthmann A, Bruns OT, Yuan Y, Zhu H, Chen O, Ittrich H, Nilsson SK, Stefanicka P, Ukropec J, Balaz M, Dong H, Sun W, Reimer R, Scheja L, Heeren J (2021). Lysosomal lipoprotein processing in endothelial cells stimulates adipose tissue thermogenic adaptation. *Cell Metab.* 2021 Mar 2;33(3):547-564.e7.
- Frascaroli G, Sinzger C (2021). Distinct Properties of Human Cytomegalovirus Strains and the Appropriate Choice of Strains for Particular Studies. *Methods Mol Biol.* 2021;2244:19-38.
- Garcia G Jr, Sharma A, Ramaiah A, Sen C, Purkayastha A, Kohn DB, Parcels MS, Beck S, Kim H, Bakowski MA, Kirkpatrick MG, Riva L, Wolff KC, Han B, (...), Gabriel G, Bartenschlager R, Gomperts B, Svendsen CN, Betz UAK, Damoiseaux RD, Arumugaswami V (2021). Antiviral drug screen identifies DNA-damage response inhibitor as potent blocker of SARS-CoV-2 replication. *Cell Rep.* 2021 Mar 18:108940.
- Garcia-Beltran WF, Claiborne DT, Maldini CR, Phelps M, Vrbanac V, Karpel ME, Krupp KL, Power KA, Boutwell CL, Balazs AB, Tager AM, Altfeld M, Allen TM (2021). Innate Immune Reconstitution in Humanized Bone Marrow-
- Loss of Aquaporin 1 Expression on Endothelial Cells and Increased Fluid Leakage in SARS-CoV-2 Infected Golden Syrian Hamsters. *Viruses.* 2021 Apr 8;13(4):639.
- Becker K, Beythien G, de Buhr N, Stanelle-Bertram S, Tuku B, Kouassi NM, Beck S, Zickler M, Allnoch L, Gabriel G, von Köckritz-Blickwede M and Baumgärtner W (2021). Vasculitis and Neutrophil Extracellular Traps in Lungs of Golden Syrian Hamsters With SARS-CoV-2. *Front Immunol.* 2021 Apr 12;12:640842.
- Beckmann L, Künstner A, Freschi ML, Huber G, Stölting I, Ibrahim SM, Hirose M, Freitag M, Langan EA, Matschl U, Galuska CE, Fuchs B, Knobloch JK, Busch H, Raasch W (2021). Telmisartan induces a specific gut microbiota signature which may mediate its antiobesity effect. *Pharmacol Res.* 2021 Aug;170:105724.
- Bekere I, Huang J, Schnapp M, Rudolph M, Berneking L, Ruckdeschel K, Grundhoff A, Günther T, Fischer N, Aepfelbacher M (2021). Yersinia remodels epigenetic histone modifications in human macrophages. *PLoS Pathog.* 2021 Nov 18;17(11):e1010074.
- Bertzbach LD, Ip WH, Dobner T (2021). Animal Models in Human Adenovirus Research. *Biology (Basel).* 2021 Dec 1;10(12):1253.
- Beton JG, Moorehead R, Helfmann L, Gray R, Hoogenboom BW, Praveen Joseph A, Topf M, Pyne ALB (2021). TopoStats - a program for automated tracing of biomolecules from AFM images. *Methods.* 2021 Sep;193:68-79.
- Brehm TT, Pfefferle S, von Possel R, Kobbe R, Nörz D, Schmiedel S, Grundhoff A, Olearo F, Emmerich P, Robitaille A, Günther T, Braun P, Andersen G, Knobloch JK, Addo MM, Lohse AW, Aepfelbacher M, Fischer N, Schulze Zur Wiesch J, Lütgehetmann M (2021). SARS-CoV-2 Reinfection in a Healthcare Worker Despite the Presence of Detectable Neutralizing Antibodies. *Viruses.* 2021 Apr 12;13(4):661.
- Cragolini T, Kryshtafovych A, Topf M (2021). Cryo-EM targets in CASP14. *Proteins.* 2021 Dec;89(12):1949-1958.
- Cragolini T, Sahota H, Joseph AP, Sweeney A, Malhotra S, Vasishtan D, Topf M (2021). TEMPY2: a Python library with improved 3D

- Liver-Thymus (HuBLT) Mice Governs Adaptive Cellular Immune Function and Responses to HIV-1 Infection. *Front Immunol.* 2021 May 26;12:667393.
- Graf LM, Rosenkranz SC, Hölzemer A, Hagel C, Goebell E, Jordan S, Friese MA, Addo MM, Schulze Zur Wiesch J, Beisel C (2021). Clinical Presentation and Disease Course of 37 Consecutive Cases of Progressive Multifocal Leukoencephalopathy (PML) at a German Tertiary-Care Hospital: A Retrospective Observational Study. *Front Neurol.* 2021 Feb 4;12:632535.
- Günther S, Reinke PYA, Fernández-García Y, Lieske J, Lane TJ, Ginn HM, Koua FHM, Ehart C, Ewert W, Oberthuer D, Yefanov O, Meier S, Lorenzen K, Krichel B, Kopicki JD, (...), Hilgenfeld R, Utrecht C, (...), Pearson AR, Betzel C, Meents A (2021). X-ray screening identifies active site and allosteric inhibitors of SARS-CoV-2 main protease. *Science.* 2021 May 7;372(6542):642-646.
- Hagen SH, Hennesen J, Altfeld M (2021). Assessment of escape from X chromosome inactivation and gene expression in single human immune cells. *STAR Protoc.* 2021 Jul 20;2(3):100641.
- Hamann MV, Beschorner N, Vu XK, Hauber I, Lange UC, Traenkle B, Kaiser PD, Foth D, Schneider C, Büning H, Rothbauer U, Hauber J (2021). Improved targeting of human CD4+ T cells by nanobody-modified AAV2 gene therapy vectors. *PLoS One.* 2021 Dec 20;16(12):e0261269.
- Hamann MV, Ehmele P, Verdikt R, Bialek-Waldmann JK, Virdi S, Günther T, Van Lint C, Grundhoff A, Hauber J, Lange UC (2021). Transcriptional Behavior of the HIV-1 Promotor in Context of the BACH2 Prominent Proviral Integration gene. *Virus Res.* 2021 Feb;293:198260.
- Hambach J, Stähler T, Eden T, Wendt D, Tode N, Haag F, Tolosa E, Altfeld M, Fathi A, Dahlke C, Addo MM, Menzel S, Koch-Nolte F (2021). A simple, sensitive, and low-cost FACS assay for detecting antibodies against the native SARS-CoV-2 spike protein. *Immun Inflamm Dis.* 2021 Sep;9(3):905-917.
- Han H, Round E, Schubert R, Gül Y, Makroczyová J, Meza D, Heuser P, Aepfelbacher M, Barák I, Betzel C, Fromme P, Kursula I, Nissen P, Tereschenko E, Schulz J, Utrecht C, Ulicný J, Wilmanns M, Hajdu J, Lamzin VS, Lorenzen K (2021). The XBI BioLab for life science experiments at the European XFEL. *J Appl Crystallogr.* 2021 Feb 1;54(Pt 1):7-21.
- Heinrich F, Romich C, Zimmermann T, Kniep I, Fitzek A, Steurer S, Glatzel M, Nörz D, Günther T, Czech-Sioli M, Fischer N, Grundhoff A, Lütgehetmann M, Ondruschka B (2021). Dying of VOC-202012/01 - multimodal investigations in a death case of the SARS-CoV-2 variant. *Int J Legal Med.* 2021 Jun 5:1-10.
- Herker E, Vieyres G, Beller M, Kraemer N, Bohnert M (2021). Lipid Droplet Contact Sites in Health and Disease. *Trends Cell Biol.* 2021 May;31(5):345-358.
- Hidalgo P, Pimentel A, Mojica-Santamaría D, von Stromberg K, Hofmann-Sieber H, Lona-Arrona C, Dobner T, González RA (2021). Evidence that the Adenovirus Single-Stranded DNA Binding Protein Mediates the Assembly of Biomolecular Condensates to Form Viral Replication Compartments. *Viruses.* 2021 Sep 6;13(9):1778.
- Highton AJ, Schuster IS, Degli-Esposti MA, Altfeld M (2021). The role of natural killer cells in liver inflammation. *Semin Immunopathol.* 2021 Jul 7:1-15.
- Hinte F, Müller J, Brune W (2021). Viral mediated tethering to SEL1L facilitates ER-associated degradation of IRE1. *J Virol.* 2021 Jan 20;95(8):e01990-20.
- Holdhof D, Johann PD, Spohn M, Bockmayr M, Safaei S, Joshi P, Masliah-Planchon J, Ho B, Andrianteranagna M, (...), Indenbirken D, Foulkes WD, Bush JW, Creyten D, Kordes U, Frühwald MC, Hasselblatt M, Schüller U (2021). Atypical teratoid/rhabdoid tumors (ATRTs) with SMARCA4 mutation are molecularly distinct from SMARCB1-deficient cases. *Acta Neuropathol.* 2021 Feb;141(2):291-301.
- Holdhof D, Schoof M, Al-Kershī S, Spohn M, Kresbach C, Göbel C, Hellwig M, Indenbirken D, Moreno N, Kerl K, Schüller U (2021). Brahma-related gene 1 has time-specific roles during brain and eye development. *Development.* 2021 May 15;148(10):dev196147.
- Horvatits T, Wißmann JE, Johne R, Groschup MH, Gadicherla AK, Wiesch JSJ, Eiden M, Todt D, Reimer R, Dähnert L, Schöbel A, Horvatits K, Lübke R, Wolschke C, Ayuk F, Rybczynski M, Lohse AW, Addo MM, Herker E, Lütgehetmann M, Steinmann E, Pischke S (2021). Hepatitis E virus persists in the ejaculate of chronically infected men. *J Hepatol.* 2021 Jul;75(1):55-63.
- Iglesias P, Puller AC, Seoane M, Spohn M, Raasch S, Klokow M, Müller J, Burkhardt L, Indenbirken D, Horstmann MA (2021). Genome-wide interference of ZNF423 with B-lineage transcriptional circuitries in acute lymphoblastic leukemia. *Blood Adv.* 2021 Mar 9;5(5):1209-1223.
- Ip WH, Wilkens B, Solomatina A, Martin J, Melling M, Hidalgo P, Bertzbach LD, Speiseder T, Dobner T (2021). Differential Regulation of Cellular FAM111B by Human Adenovirus C Type 5 E1 Oncogenes. *Viruses.* 2021 May 28;13(6):1015.
- Jacobsen H, Walendy-Gnirß K, Tekin-Bubenheim N, Kouassi NM, Ben-Batalla I, Berenbrok N, Wolff M, Pinho dos Reis V, Zickler M, Scholl L, Gries A, Jania H, Kloetgen A, Düsedau A, Pilnitz-Stolze G, Jeridi A, Yildirim AÖ, Fuchs H, (...), Gabriel G (2021). Offspring born to influenza A virus infected pregnant mice have increased susceptibility to viral and bacterial infections in early life. *Nat Commun.* 2021 Aug 16;12(1):4957.
- Jung JM, Ching W, Baumdick ME, Hofmann-Sieber H, Bosse JB, Koyro T, Möller KJ, Wegner L, Niehrs A, Russu K, Ohms M, Zhang W, Ehrhardt A, Duisters K, Spierings E, Hölzemer A, Körner C, (...), Altfeld M, Belderbos M, Dobner T, Bunders MJ (2021). KIR3DS1 directs NK cell-mediated protection against human adenovirus infections. *Sci Immunol.* 2021 Sep 17;6(63):eabe2942.
- Kadek A, Lorenzen K, Utrecht C; for MS SPIDOC consortium (2021). In a flash of light: X-ray free electron lasers meet native mass spectrometry. *Drug Discov Today Technol.* 2021 Dec;39:89-99.
- Klein K, Hölzemer A, Wang T, Kim TE, Dugan HL, Jost S, Altfeld M, Garcia-Beltran WF (2021). A Genome-Wide CRISPR/Cas9-Based Screen Identifies Heparan Sulfate Proteoglycans as Ligands of Killer-Cell Immunoglobulin-Like Receptors. *Front Immunol.* 2021 Nov 30;12:798235.

- Konietzny A, Grendel J, Kadek A, Bucher M, Han Y, Hertrich N, Dekkers DHW, Demmers JAA, Grünewald K, Uetrecht C, Mikhaylova M (2021). Caldendrin and myosin V regulate synaptic spine apparatus localization via ER stabilization in dendritic spines. *EMBO J*. 2021 Dec 22:e106523.
- Kouba T, Vogel D, Thorkelsson SR, Quemini ERJ, Williams HM, Milewski M, Busch C, Günther S, Grünewald K, Rosenthal M & Cusack S (2021). Conformational changes in Lassa virus L protein associated with promoter binding and RNA synthesis activity. *Nat Commun*. 2021 Dec 2;12(1):7018.
- Koyro TF, Kraus E, Lunemann S, Hölzemer A, Wulf S, Jung J, Fittje P, Henseling F, Körner C, Huber TB, Grundhoff A, Wiech T, Panzer U, Fischer N, Altfeld M (2021). Upregulation of HLA-F expression by BK polyomavirus infection induces immune recognition by KIR3DS1-positive natural killer cells. *Kidney Int*. 2021 May;99(5):1140-1148.
- Krämer B, Knoll R, Bonaguro L, ToVinh M, Raabe J, Astaburuaga-García R, Schulte-Schrepping J, Kaiser KM, Rieke GJ, Bischoff J, Monin MB, (...), Sawitzki B; Deutsche COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI), Aschenbrenner AC, Schultze JL, Nattermann J (2021). Early IFN- α signatures and persistent dysfunction are distinguishing features of NK cells in severe COVID-19. *Immunity*. 2021 Nov 9;54(11):2650-2669.e14.
- 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 (2021). Hallmarks of Alpha- and Betacoronavirus non-structural protein 7+8 complexes. *Sci Adv*. 2021 Mar 3;7(10):eabf1004.
- Krohn I, Bergmann L, Qi M, Indenbirken D, Han Y, Perez-Garcia P, Katzowitsch E, Hägele B, Lübcke T, Siry C, Riemann R, Alawi M, Streit WR (2021). Deep (Meta)genomics and (Meta) transcriptome Analyses of Fungal and Bacteria Consortia From Aircraft Tanks and Kerosene Identify Key Genes in Fuel and Tank Corrosion. *Front Microbiol*. 2021 Oct 1;12:722259.
- Kryshchak A, Schwede T, Topf M, Fidelis K, Moulton J (2021). Critical Assessment of Methods of Protein Structure Prediction (CASP) - Round XIV. *Proteins*. 2021 Dec;89(12):1607-1617.
- Kveštak D, Juranić Lisnić V, Lisnić B, Tomac J, Golemac M, Brzić I, Indenbirken D, Cokarić Brdovčak M, Bernardini G, Krstanović F, Rožmanić C, Grundhoff A, Krmpotić A, Britt WJ, Jonjić S (2021). NK/ILC1 cells mediate neuroinflammation and brain pathology following congenital CMV infection. *J Exp Med*. 2021 May 3;218(5):e20201503.
- Laudenbach BT, Krey K, Emslander Q, Andersen LL, Reim A, Scaturro P, Mundigl S, Dächert C, Manske K, Moser M, Ludwig J, Wohlleber D, Kröger A, Binder M, Pichlmair A (2021). NUDT2 initiates viral RNA degradation by removal of 5'-phosphates. *Nat Commun*. 2021 Nov 25;12(1):6918.
- Lebedev T, Vagapova E, Spirin P, Rubtsov P, Astashkova O, Mikheeva A, Sorokin M, Vladimirova U, Suntsova M, Konovalov D, Roumiantsev A, Stocking C, Buzdin A, Prassolov V (2021). Growth factor signaling predicts therapy resistance mechanisms and defines neuroblastoma subtypes. *Oncogene*. 2021 Sep 23.
- Lizarrondo J, Klebl DP, Niebling S, Abella M, Schroer MA, Mertens HDT, Veith K, Thuenauer R, Svergun DI, Skrzynny M, Sobott F, Muench SP, Garcia-Alai MM (2021). Structure of the endocytic adaptor complex reveals the basis for efficient membrane anchoring during clathrin-mediated endocytosis. *Nat Commun*. 2021 May 17;12(1):2889.
- Maire CL, Fuh MM, Kaulich K, Fita KD, Stevic I, (...), Pereno V, Reimer R, Schlüter H, Westphal M, Schüller U, Lamszus K, Ricklefs FL (2021). Genome-wide methylation profiling of glioblastoma cell-derived extracellular vesicle DNA allows tumor classification. *Neuro Oncol*. 2021 Jul 1;23(7):1087-1099.
- Malhotra S, Joseph AP, Thiyaalingam J, Topf M (2021). Assessment of protein-protein interfaces in cryo-EM derived assemblies. *Nat Commun*. 2021 Jun 7;12(1):3399.
- Mdletshe N, Thobakgale C, Malaba TR, Madlala H, Myer L, Muema DM, Mogeni P, Gray CM, Altfeld M, Newell ML, Ndung'u T (2021). Low immune activation in early pregnancy is associated with preterm but not small-for-gestational age delivery in HIV infected women initiating antiretroviral therapy in pregnancy: a PIMS case-control study in Cape Town, South Africa. *Clin Infect Dis*. 2021 Dec 16;73(12):2205-2216.
- Meier K, Thorkelsson SR, Quemini ERJ, Rosenthal M (2021). Hantavirus Replication Cycle-An Updated Structural Virology Perspective. *Viruses*. 2021 Aug 6;13(8):1561.
- Mousavizadeh L, Ghasemi S (2021). Genotype and phenotype of COVID-19: Their roles in pathogenesis. *J Microbiol Immunol Infect*. 2021 Apr;54(2):159-163.
- Mousavizadeh L, Soltani R, Abedini K, Ghasemi S (2021). The Relation of the Viral Structure of SARS-CoV2, High-Risk Condition, and Plasma Levels of IL-4, IL-10, and IL-15 in COVID-19 Patients compared to SARS and MERS Infections. *Curr Mol Med*. 2021 Oct 4.
- Muscolino E, Castiglioni C, Brixel R, Frascaroli G, Brune W (2021). Species-Specific Inhibition of Necroptosis by HCMV UL36. *Viruses*. 2021 Oct 22;13(11):2134.
- Muscolino E, Luoto LM, Brune W (2021). Viral Induced Protein Aggregation: A Mechanism of Immune Evasion. *Int J Mol Sci*. 2021 Sep 6;22(17):9624.
- Naniima P, Naimo E, Koch S, Curth U, Alkharsah KR, Ströh LJ, Binz A, Beneke JM, Vollmer B, Böning H, Borst EM, Desai P, Bohne J, Messerle M, Bauerfeind R, Legrand P, Sodeik B, Schulz TF, Krey T (2021). Assembly of infectious Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus progeny requires formation of a pORF19 pentamer. *PLoS Biol*. 2021 Nov 4;19(11):e3001423.
- Nelson G, Boehm U, Bagley S, Bajcsy P, Bischof J, Brown CM, (...), Thuenauer R, Wilms CD, Wright GD, Nitschke R (2021). QUAREP-LiMi: A community-driven initiative to establish guidelines for quality assessment and reproducibility for instruments and images in light microscopy. *J Microsc*. 2021 Oct;284(1):56-73.
- Nörz D, Grunwald M, Tang HT, Olearo F, Günther T, Robitaille A, Fischer N, Grundhoff A, Aepfelbacher M, Pfefferle S, Lütgehetmann M (2021). Rapid Automated Screening for SARS-CoV-2 B.1.617 Lineage Variants (Delta/Kappa) through a Versatile Toolset of qPCR-Based SNP Detection. *Diagnostics (Basel)*. 2021 Oct 1;11(10):1818.
- Pearson VR, Bosse JB, Koyuncu OO, Scherer J, Toruno C, Robinson R, Abegglen LM, Schiffman JD, Enquist LW, Rall GF (2021).

- Identification of African Elephant Polyomavirus in wild elephants and the creation of a vector expressing its viral tumor antigens to transform elephant primary cells. *PLoS One*. 2021 Feb 5;16(2):e0244334.
- Peters T, Creutzmacher R, Maass T, Mallagaray A, Ogrissek P, Taube S, Thiede L, Uetrecht C (2021). Norovirus-glycan interactions - how strong are they really? *Biochem Soc Trans*. 2021 Dec 23:BST20210526.
- Pfefferle S, Guenther T, Kobbe R, Czech-Sioli M, Noerz D, Santer R, Oh J, Kluge S, Oestereich L, Peldschus K, Indenbirken D, Huang J, Grundhoff A, Aepfelbacher M, Knobloch J, Luetgehetmann M, Fischer N (2021). SARS-CoV-2 variant tracing within the first COVID-19 clusters in Northern Germany. *Clin Microbiol Infect*. 2021 Jan;27(1):130.e5-130.e8
- Pfützner S, Bosse JB, Hofmann-Sieber H, Flomm F, Reimer R, Dobner T, Grünewald K, Franken LE (2021). Human Adenovirus Type 5 Infection Leads to Nuclear Envelope Destabilization and Membrane Permeability Independently of Adenovirus Death Protein. *Int J Mol Sci*. 2021 Dec 2;22(23):13034.
- Poch T, Krause J, Casar C, Liwinski T, Glau L, Kaufmann M, Ahrenstorf AE, Hess LU, Ziegler AE, Martus G, Lunemann S, Sebode M, Li J, Schwinge D, Krebs CF, Franke A, Friese MA, Oldhafer KJ, Fischer L, Altfeld M, (...), Gagliani N, Schramm C (2021). Single-cell atlas of hepatic T cells reveals expansion of liver-resident naive-like CD4⁺ T cells in primary sclerosing cholangitis. *J Hepatol*. 2021 Aug;75(2):414-423.
- Pražák V, Grünewald K, Kaufmann R (2021). Correlative super-resolution fluorescence and electron cryo-microscopy based on cryo-SOFI. *Methods Cell Biol*. 2021;162:253-271.
- Rink MR, Baptista MAP, Flomm FJ, Hennig T, Whisnant AW, Wolf N, Seibel J, Dölken L, Bosse JB (2021). Concatemeric Broccoli reduces mRNA stability and induces aggregates. *PLoS One*. 2021 Aug 4;16(8):e0244166.
- Schneider E, Winzer R, Rissiek A, Ricklefs I, Meyer-Schwesinger C, Ricklefs FL, Bauche A, Behrends J, Reimer R, Brenna S, Wasielewski H, Lauten M, Rissiek B, Puig B, Cortesi F, Magnus T, Fliegert R, Müller CE, Gagliani N, Tolosa E (2021). CD73-mediated adenosine production by CD8 T cell-derived extracellular vesicles constitutes an intrinsic mechanism of immune suppression. *Nat Commun*. 2021 Oct 8;12(1):5911.
- Schreurs RRCE, Baumdick ME, Drewniak A, Bunders MJ (2021). In vitro co-culture of human intestinal organoids and lamina propria-derived CD4⁺ T cells. *STAR Protoc*. 2021 May 14;2(2):100519.
- Schreurs RRCE, Sagebiel AF, Steinert FL, Highton AJ, Klarenbeek PL, Drewniak A, Bakx R, The SML, Ribeiro CMS, Perez D, Reinshagen K, Geijtenbeek TBH, van Goudoever JB, Bunders MJ (2021). Intestinal CD8⁺ T cell responses are abundantly induced early in human development but show impaired cytotoxic effector capacities. *Mucosal Immunol*. 2021 May;14(3):605-614.
- Schroeder M, Schaumburg B, Mueller Z, Parplys A, Jarczak D, Roedl K, Nierhaus A, de Heer G, Grensemann J, Schneider B, Stoll F, Bai T, Jacobsen H, Zickler M, Stanelle-Bertram S, Klaetschke K, Renné T, (...), Kluge S & Gabriel G (2021). High estradiol and low testosterone levels are associated with critical illness in male but not in female COVID-19 patients: a retrospective cohort study. *Emerg Microbes Infect*. 2021 Dec;10(1):1807-1818.
- Silvester E, Vollmer B, Pražák V, Vasishatan D, Machala EA, Whittle C, Black S, Bath J, Turberfield AJ, Grünewald K, Baker LA (2021). DNA origami signposts for identifying proteins on cell membranes by electron cryotomography. *Cell*. 2021 Feb 18;184(4):1110-1121.e16.
- Simanjuntak Y, Schamoni-Kast K, Grün A, Uetrecht C, Scaturro P (2021). Top-Down and Bottom-Up Proteomics Methods to Study RNA Virus Biology. *Viruses*. 2021 Apr 13;13(4):668.
- Stanelle-Bertram S, Beck S, Mounogou Kouassi N, Schaumburg B, Stoll F, Bai T, Zickler M, Beythien G, Becker K, de la Roi M, Heinrich F, Schulz C, Sauter M, (...), Ondruschka B, Baumgärtner W, Klingel K, Gabriel G (2021). CYP19A1 mediated sex hormone metabolism promotes severe SARS-CoV-2 disease outcome in males. *Research Square [Preprint - Version 2]* 08 December 2021
- Stetter N, Hartmann W, Brunn ML, Stanelle-Bertram S, Gabriel G, Breloer M (2021). A Combination of Deworming and Prime-Boost Vaccination Regimen Restores Efficacy of Vaccination Against Influenza in Helminth-Infected Mice. *Front Immunol*. 2021 Dec 21;12:784141.
- 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 (2021). Interaction between magnesium and methylglyoxal in diabetic polyneuropathy and neuronal models. *Mol Metab*. 2021 Jan;43:101114.
- Stukalov A, Girault V, Grass V, Karayel O, Bergant V, Urban C, Haas DA, Huang Y, Oubraham L, Wang A, Hamad MS, Piras A, Hansen FM, Tanzer MC, Paron I, Zinzula L, Enghleitner T, Reinecke M, (...), Scaturro P, Mann M, Pichlmair A (2021). Multilevel proteomics reveals host perturbations by SARS-CoV-2 and SARS-CoV. *Nature*. 2021 Jun;594(7862):246-252.
- Štutić M, Cokarić Brdovčak M, Lisnić B, Materljan J, Juranić Lisnić V, Rožmanić C, Indenbirken D, Hiršl L, Busch DH, Brzić I, Krmpotić A, Jonjić S (2021). Memory CD8 T Cells Generated by Cytomegalovirus Vaccine Vector Expressing NKG2D Ligand Have Effector-Like Phenotype and Distinct Functional Features. *Front Immunol*. 2021 Jun 3;12:681380.
- Tallarek AC, Urbschat C, Fonseca Brito L, Stanelle-Bertram S, Krasemann S, Frascaroli G, Thiele K, Wiczorek A, Felber N, Lütgehetmann M, Markert UR, Hecher K, Brune W, Stahl F, Gabriel G, Diemert A, Arck PC (2021). Inefficient Placental Virus Replication and Absence of Neonatal Cell-Specific Immunity Upon Sars-CoV-2 Infection During Pregnancy. *Front Immunol*. 2021 Jun 3;12:698578.
- Tang J, Frascaroli G, Zhou X, Knickmann J, Brune W (2021). Cell Fusion and Syncytium Formation in Betaherpesvirus Infection. *Viruses*. 2021 Sep 30;13(10):1973.
- Tegtmeyer B, Vieyres G, Todt D, Lauber C, Ginkel C, Engelmann M, Herrmann M, Pfaller CK, Vondran FWR, Broering R, Vafadarnejad E, Saliba AE, Puff C, Baumgärtner W, Miskey C, Ivics Z, Steinmann E, Pietschmann T, Brown RJP (2021). Initial HCV infection of adult

hepatocytes triggers a temporally structured transcriptional program containing diverse pro- and anti-viral elements. *J Virol.* 2021 Mar 3;95(10):245-21.

Topf M, Rosta E, Bowman GR, Bonomi M (2021). Editorial: Experiments and Simulations: A Pas de Deux to Unravel Biological Function. *Front Mol Biosci.* 2021 Nov 29;8:799406.

Vallbracht M, Löttsch H, Klupp BG, Fuchs W, Vollmer B, Grünewald K, Backovic M, Rey FA, Mettenleiter TC (2021). In Vitro Viral Evolution Identifies a Critical Residue in the Alphaherpesvirus Fusion Glycoprotein B Ectodomain That Controls gH/gL-Independent Entry. *mBio.* 2021 May 4;12(3):e00557-21.

Vieyres G (2021). PicPreview and PicSummary: Two Timesaving Plugins for

the Fluorescence Microscopist. *Cells.* 2021 Apr 8;10(4):846.

Vollmers S, Lobermeyer A, Körner C (2021). The New Kid on the Block: HLA-C, a Key Regulator of Natural Killer Cells in Viral Immunity. *Cells.* 2021 Nov 10;10(11):3108.

von Wenserski L, Schultheiß C, Bolz S, Schliffke S, Simnica D, Willscher E, Gerull H, Wolters-Eisfeld G, Riecken K, Fehse B, Altfeld M, Nollau P, Binder M (2021). SLAMF receptors negatively regulate B cell receptor signaling in chronic lymphocytic leukemia via recruitment of prohibitin-2. *Leukemia.* 2021 Apr;35(4):1073-1086.

Yan H, Lockhauserbäumer J, Szekeres GP, Mallagaray A, Creutzmacher R, Taube S, Peters T, Pagel K, Uetrecht C (2021). Protein Secondary Structure Affects Glycan Clustering in Native Mass Spectrometry. *Life*

(Basel). 2021 Jun 11;11(6):554.

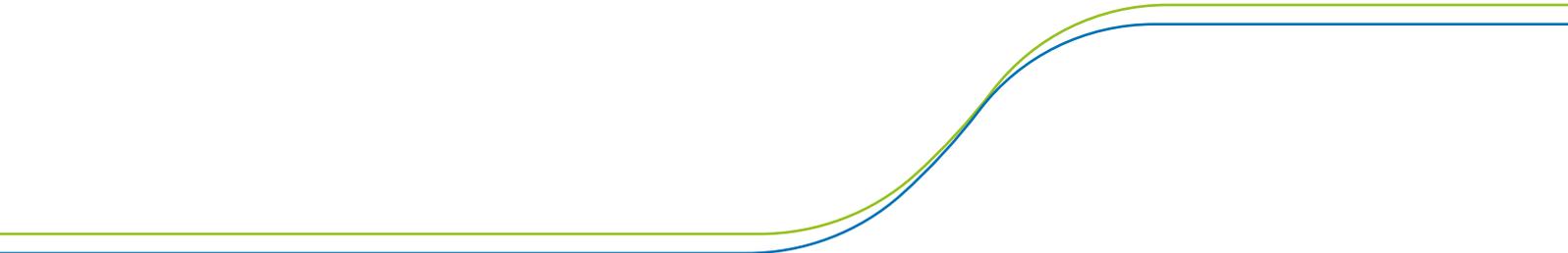
Zhu S, Stanslowsky N, Fernández-Trillo J, Mamo TM, Yu P, Kalmbach N, Ritter B, Eggenschwiler R, Ouwendijk WJD, Mzinza D, Tan L, Leffler A, Spohn M, Brown RJP, Kropp KA, Kaever V, Ha TC, Narayanan P, Grundhoff A, (...), Wegner F, Viejo-Borbolla A (2021). Generation of hiPSC-derived low threshold mechanoreceptors containing axonal termini resembling bulbous sensory nerve endings and expressing Piezo1 and Piezo2. *Stem Cell Res.* 2021 Oct;56:102535.

Ziegler MC, Naidoo K, Chapel A, Nkotwana S, Mann J, Mncube Z, Ismael N, Goulder P, Ndung'u T, Altfeld M, Thobakgale CF (2021). HIV-1 evades a gag mutation that abrogates KIR binding and disinhibits NK cells in infected individuals with KIR2DL2+/HLA-C*03: 04+ genotype. *AIDS.* 2021 Jan 1;35(1):151-154.

Danksagung

*Das LIV bedankt sich bei all seinen Freund*innen und Unterstützer*innen.*

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 (UHH),*
 - *die Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo),*
 - *das Centre for Structural Systems Biology (CSSB),*
 - *unsere LCI-Partner, das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) und das Forschungszentrum Borstel – Leibniz-Lungenzentrum (FZB),*
 - *unsere deutschlandweiten Leibniz-Partnerinstitute*
 - *und viele weitere!*
- 



Impressum & Kontakt

Leibniz-Institut für Virologie (LIV)
Martinistraße 52
20251 Hamburg
Telefon: 040/48051-0
Telefax: 040/48051-103

liv@leibniz-liv.de
www.leibniz-liv.de

Inhalt

Leibniz-Institut für Virologie (LIV)

Redaktion

Julia Häberlein
Referentin für Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Bilder

Außenaufnahmen: Udo Thomas, GARP
Portraits: Gisela Köhler Fotodesign
LIV: Franziska Ahnert-Michel, Julia Häberlein
Seite 10, Hamburg Karte blau: Adobe Stock, ii-graphics
Seite 11 & Seite 49, Portrait Prof. Dr. Charlotte Uetrecht: Marta Mayer, DESY
Seite 11, Promovendenpreis Johannes Jung: GfV
Seite 11, Preisverleihung Luca Bertzbach: Carmen Koerner & Cynthia Ruf, DVG
Seite 12, Highlights der Forschung 2021: Adobe Stock, katakari
Seite 15, Coronavirus: Adobe Stock, Alexander Limbach
Seite 16, Programmbereiche: Adobe Stock, j-mel
Seite 23, Mensch und Viren: Adobe Stock, peterschreiber.media
Seite 46, Portrait Prof. Dr. Jens B. Bosse: Karin Kaiser, MHH
Seite 54, DNA Base Alignment: Adobe Stock, taraki
Seite 55, Histologie Ratte: Adobe Stock, Volha
Seite 56, Compound Screening: Dr. Christian Conze
Seite 64, Gleichstellung: Adobe Stock, Molly Ferguson Art

Layout

MASTERMEDIA GmbH, Hamburg
www.mastermedia.de

