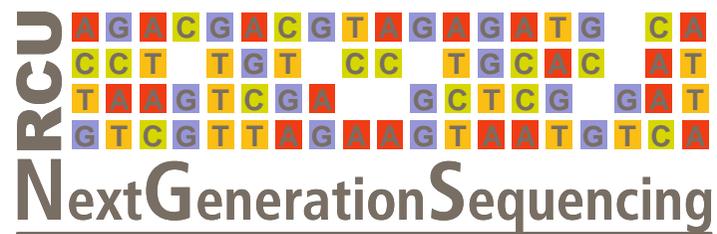


Neugründung der Research Core Unit NGS an der MHH



Gespräch mit Präsidenten – Agenda

- 1) Aktueller Stand der Research Core Unit NGS
- 2) Großgeräteantrag Illumina HiSeq 4000
- 3) Lichtenberg-Stiftungsprofessur Bioinformatik
- 4) Einbindung der TiHo
- 5) 3. Förderperiode des SFB900
- 6) Langfristiges Gesamtkonzept
- 7) Benötigte Ressourcen in 2015
- 8) Benötigte Ressourcen in 2016

Prämissen / Leitlinien

Im Rahmen dieser Initiative soll eine „echte Research Core Unit“ aufgebaut werden, die sich primär am Bedarfsaufkommen innerhalb der MHH ausrichtet.

Die Hauptaufgabe der Core Unit besteht darin, allen Gruppen der MHH den prinzipiellen Zugang zur NGS-Technologie zu ermöglichen.

Gleichzeitig gilt, dass dieser Zugang einer adäquaten Steuerung unterliegen muss.

Die Leitungsgruppe erarbeitet und vertritt diese Steuerung und stellt eine angemessene Transparenz des zugrunde liegenden Regelwerks sicher.

- Integration und Bündelung von Expertise
- Service-Aspekt ist zentral (echte Core Unit – European Science Foundation!)
- Qualitätssicherung
- Wachsende Expertise (Vermeidung von „Wissensdiffusion“)
- Offenheit: Transparente Strukturen und „schlanke“ Entscheidungsprozesse

Vereinbarungen und bisher erreichte Ziele

- Konstituierung der Leitungsgruppe abgeschlossen
- 14-tägige Treffen der Leitungsgruppe (bislang 5 Sitzungen)
- Entscheidungsfindung einvernehmlich (bislang immer möglich)
- Konkrete Aufgabenteilung in Leitungsgruppe festgelegt
- Infrastrukturrahmen erarbeitet
 - Logo
 - RCU.NGS@mh-hannover.de
 - Share-Laufwerk zum Datenaustausch
 - Homepage (erste Version kurz vor Freischaltung)
 - Virtual Research Center (fest geplant)
- Abfrage zur (Mit-)Nutzung dezentraler Sequencer durchgeführt
- Abfrage zu konkretem Bedarf an NGS-Datenauswertekursen durchgeführt
- Konzept zum Umgang mit NGS-Projektanfragen erarbeitet
- Offizieller „Startschuss“ bei MHH-weiter Infoveranstaltung am 2. März 2015

Grundkonzept

- 5 Teilgebiete
 - Genomics, Transcriptomics, Epigenomics, Pathogenomics, Clinical Specimens
- 5 Mitglieder des Leitungsteams arbeitsteilig, verantwortungsteilig
 - L. Wiehlmann, O. Dittrich-Breiholz., H. Frieling, S. Suerbaum, T. Illig
- 1 Sprecher
 - O. Dittrich-Breiholz
- Arbeitsplan (2015)
 - Infrastrukturrahmen, Betreuung- und Durchführung von Projekten, Bioinformatik-Kurse
- Konsistentes Gesamtkonzept (2016-2018)
 - Core-Personal, Illumina HiSeq 4000, TiHo-Anbindung, Stiftungsprofessur Bioinformatik

Gesamtkonzept (2015 - 2016)

2015

- Nutzer
 - Expertise + Erfahrung
 - Rückmeldungen
- Leitungsgruppe
 - Expertise + Erfahrung
 - Infrastrukturrahmen
 - Bedarfsabfragen
 - Projektbetreuung
 - Bioinformatik-Kurse
 - Experimentelle Durchführung
 - Beantragung / Aushandlung von Ressourcen

2016

- Core Personal

▪ Großgerät

- Illumina HiSeq 4000

▪ Verbundinitiativen

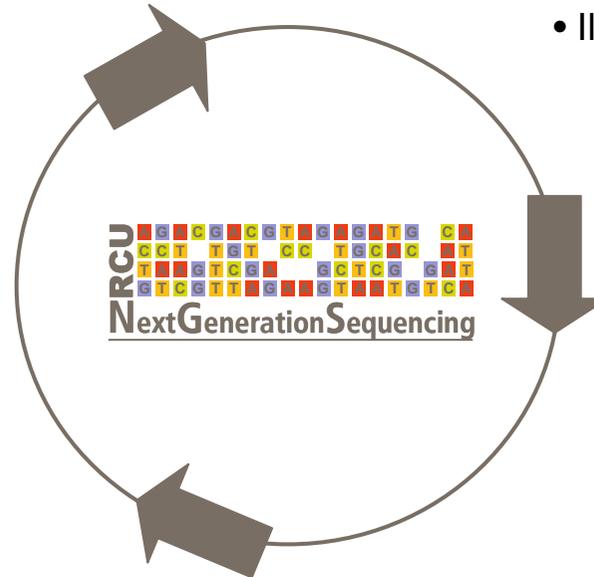
- Anbindung
- Strukturstärkung

▪ Anbindung TiHo

- W2 Professur Bioinformatik
- (Illumina NextSeq?)

▪ Stiftungsprofessur Bioinformatik

- Sequenz-basierte Bioinformatik (MHH)
- Leitungsgruppe



Lichtenberg Stiftungsprofessur (Grundlagen und Kriterien)

▪ Grundlagen

- Volkswagen-Stiftung
- Förderangebot fachlich offen (Geistes-, Gesellschafts-, Ingenieur-, Naturwissenschaften, Medizin)
- Zielgruppe: W1- oder W2-Professur mit "Tenure-Track Option"
- Maximal 7 Professuren pro Ausschreibung (Deutschland-weit)
- Fördervolumen 0,8 - 1,5 Millionen Euro für 5 Jahre (Option: + 3 Jahre „degressiv“)
- Flexibel einsetzbar, z.B.: 1xW2 + 1xPostDoc + 1 Doktorand + 1 TA + Sachmittel
- Harmonische Einpassung des Forschungsgegenstandes in MHH-Forschungslandschaft
- Evaluation zu Beginn des 5. Jahres durch Stiftung, Hochschule, Gutachter

▪ Kandidat/in

- Herausragend qualifizierte (Nachwuchs-)Wissenschaftler(in)
- Innovatives Forschungsthema ("Cutting Edge" – "Zwischen den Disziplinen angesiedelt")
- W1: Promotion i.d.R. nicht länger als 4 Jahre zurück – mind. 1 Wechsel des Forschungsumfeldes
- W2: Promotion i.d.R. nicht länger als 7 Jahre zurück – Zielgruppe: "Auslandsrückkehrer"

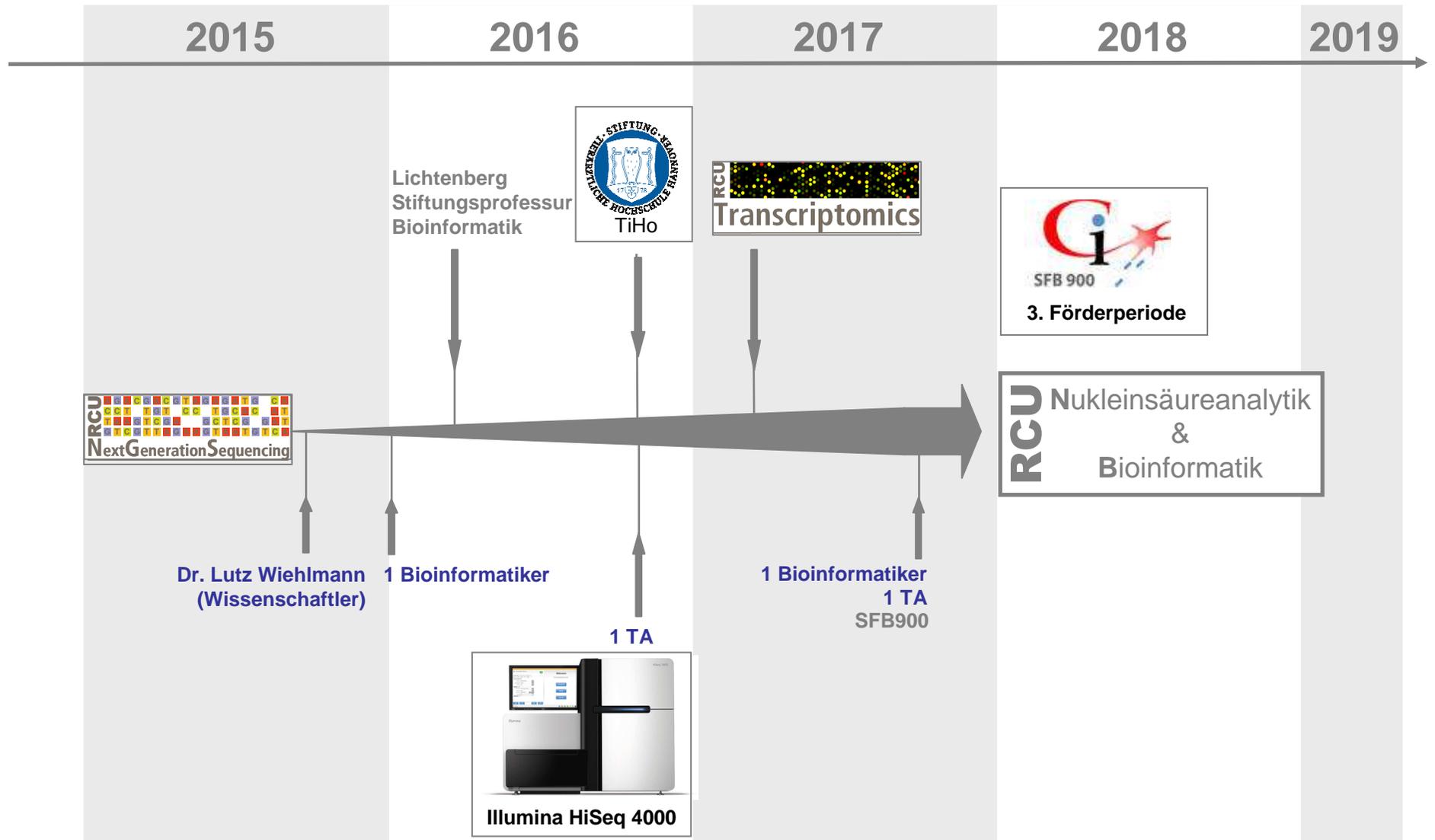
▪ Zusätzliche Kriterien aus Sicht der MHH und der Core Unit NGS

- Mitarbeit im Leitungsteam der Core Unit NGS (Übernahme des Bereiches „Bioinformatik“)
- Ausbau der Sequenzbasierten Bioinformatik an der MHH

Lichtenberg Stiftungsprofessur (Zeitplan)

- Gespräch mit Präsidenten: 18. Februar 2015
 - Unterstützung des Vorhabens durch MHH-Leitung
 - Diskussion zum Gesamtkonzept (Einpassung in NGS Core Unit und MHH-Forschungslandschaft)
- Fertigstellung der Ausschreibung bis zum 28. Februar 2015
 - Ausschreibung für Projektskizzen (MHH-intern und MHH-extern)
- Eingang von Projektskizzen, Deadline 28. März 2015
- Festlegung auf geeigneten Kandidaten bis 15. April 2015
 - Sichtung von Projektskizzen, CVs, Publikationslisten
 - Einladung, persönliche Auswahlgespräche
 - Einbindung von Präsidium und Forschungsdekanat in Kandidatenauswahl
- Antragstellung bis zum 1. Juni 2015 (Zeitraumen 6 ½ Wochen)
 - Antrag durch Kandidaten/in
 - Begleitendes Schreiben durch Präsidium (Gesamtkonzept – Zuarbeit durch Core Unit NGS)
- Entscheidung der Lichtenberg-Stiftung bis Anfang 2016 erwartet

Gesamtkonzept (2015 - 2018)



Ausblick Core Unit Nukleinsäureanalytik und Bioinformatik

- Vollständig konstituiert Anfang 2018
- 9 Mitarbeiter(innen)
 - 1 Wissenschaftler, 1 Bioinformatiker (RCU-NGS Core Personal)
 - 1 TA (RCU-NGS Core Personal – Illumina HiSeq 4000)
 - 1 Stelle (Lichtenberg Stiftungsprofessur: ½ W2, ½ E13)
 - 3 Stellen (RCU Transcriptomics: 1 E14, 1 Bioinformatiker, 1 TA)
 - 2 Stellen (SFB900: 1 Bioinformatiker, 1 TA)
- Leitung durch „Doppelspitze“
 - 1 Leitungsperson (Nukleinsäureanalytik - aus Kreis derzeitiger Leitungsgruppe)
 - 1 Leitungsperson Lichtenberg-Stipendiat (Bioinformatik)
- Steering Committee
 - Leitung (Doppelspitze)
 - Einbindung derzeitiger Leitungsgruppe RCU-NGS
 - Einbindung der Forschungsdekanin
- Instituts-unabhängiger Status
 - Direkt dem Präsidium unterstellt
 - Eigene OE, eigenes LOM

Personalbesetzungen von NGS Core Units



Leitung



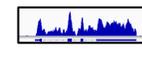
Wissenschaftler/in



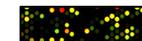
Bioinformatiker/in / IT-Spezialist/in / Biotechnologie-Ingenieur/in



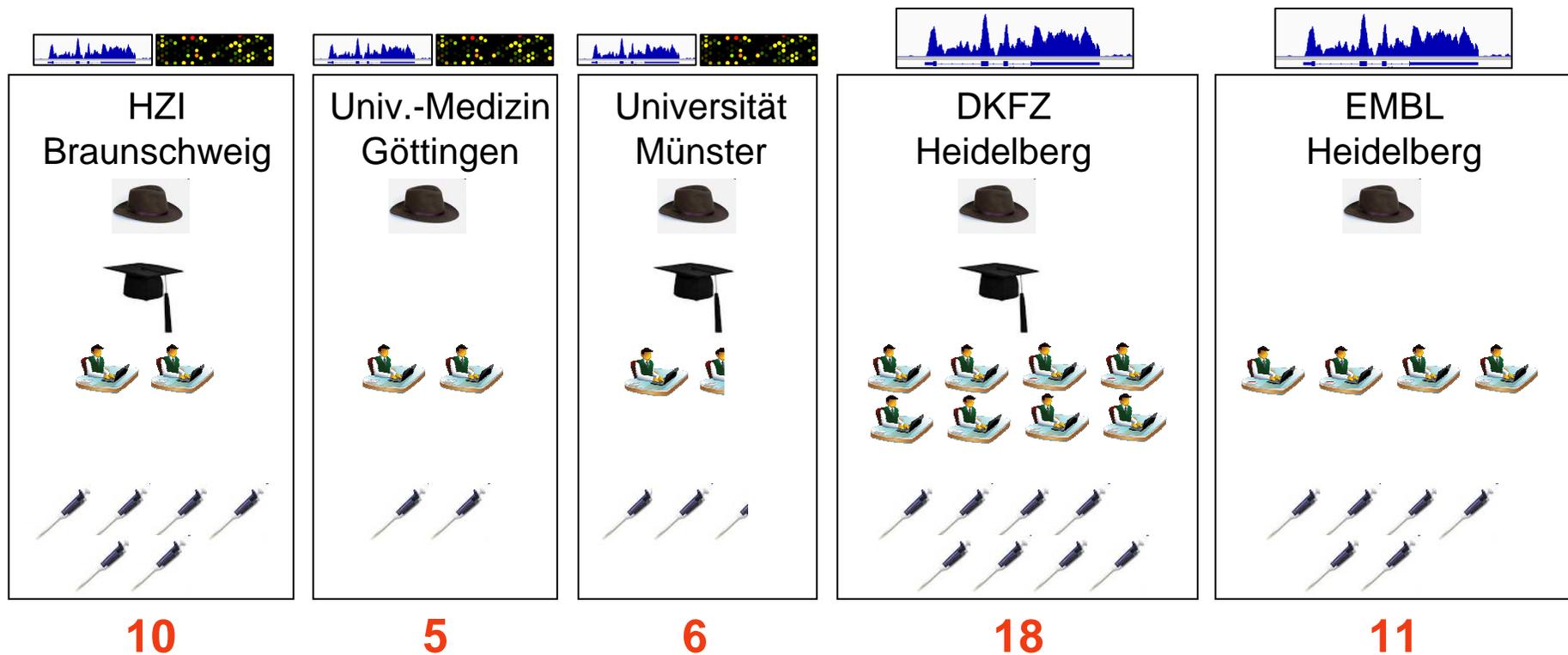
TA



NGS



Microarrays



Anzahl Gesamtstellen

Erforderliches Budget in 2015

- **Wartungsvertragskosten:** keine
 - noch keine Core-Unit-eigenen Geräte

- **Materialkosten:** keine
 - ausgeglichene Materialkostenbilanz angestrebt

- **Leasing von 8 Desktop-PCs (ZIMt):** 768,- Euro
 - Durchführung von Bioinformatik-Kursen (8 Teilnehmer)

- **Budget zur Einladung von NGS-Experten / Gastreferenten:** 3000,- Euro
 - Durchführung von Bioinformatik-Seminaren / Workshops

- **1/2 Wissenschaftlerstelle:** E13 / 2
 - Dr. Lutz Wiehlmann ab Juli 2015

Erforderliches Budget in 2016

- **Wartungsvertragskosten:** keine
 - Illumina HiSeq 4000 im ersten Jahr Wartungskostenfrei
 - Illumina HiSeq ab 2. Jahr (~2017) (~75.000,- Euro / Jahr)
- **Materialkosten:** 30.000,- Euro
 - Etablierung, Optimierung, Aufbau Materialstock
- **Leasing von 8 Desktop-PCs (ZIMt):** 768,- Euro
 - Durchführung von Bioinformatik-Kursen (8 Teilnehmer)
- **Budget zur Einladung von NGS-Experten / Gastreferenten:** 3000,- Euro
 - Durchführung von Bioinformatik-Seminaren / Workshops
- **1 Wissenschaftler + 1 Bioinformatiker:** 2 x E13
 - Dr. Lutz Wiehlmann
 - Bioinformatiker
- **1 TA:** E9
 - Bei erfolgreichem Großgeräteantrag (frühestens Ende 2016) (anteilig)