

RCU - Genomics

Verantwortlich: Dr. Oliver Dittrich-Breiholz

Tel.: 0511/532-5814 • E-Mail: dittrich.oliver@mh-hannover.de • www.mh-hannover.de/genomics.html

Keywords: Next Generation Sequencing, NGS, Exom, Transkriptom, Genom, ChIP, Epigenetics, Single Cell Analytik, Mikrobiom, Amplicon, Metagenom, Metagenomics, Bioinformatik, Hochdurchsatzsequenzierung, Illumina, Hochleistungsrechencluster, Galaxy, Analysepipeline

Organisationsstruktur der Research Core Unit Genomics (RCUG):

Seit Anfang 2017 steht die RCUG im Rahmen der MHH-Forschungsinfrastruktur für Planung und Durchführung moderner Sequenzierungsverfahren zur Verfügung. Das RCUG-Personal weist langjährige Erfahrung im entsprechenden Technologiebereich auf. Ein hohes Maß an Nutzerorientierung, Transparenz und Qualitätssicherung ist durch die Festlegung auf Service-Ausrichtung, institutionelle Unabhängigkeit sowie die Implementierung einer wissenschaftlichen Lenkungsgruppe gewährleistet.

Angebote Services der RCUG:

Das aktuelle Methodenspektrum der RCUG umfasst:

DNA-Analytik (DNA Fragmentierung und QC, Genom- und Exomsequenzierungen), Target Enrichment (Amplicon-, ChIP-, ATAC-Seq), epigenetische Analysen und Metagenomik, RNA-Analytik (RNA QC, mRNA-Microarrays, RNA-Seq zur Detektion von mRNA, smallRNA, microRNA), Single Cell Analytik (10x Genomics Plattform incl. Hashtag- und Zelloberflächenprotein-Nachweis) und Bioinformatik (Long Reads, Metagenome Amplicons, Resequenzierung, De-novo Assembly und SNP Detektion, Transkriptomanalytik, Microarrayanalyse, Epigenomik, Bereitstellung von Analyse- und Visualisierungsprogrammen, einer Galaxy- Plattform und Rechnerkapazität mittels High Performance Computing Cluster, Beratung bei Anträgen und Planungen). (Näheres: www.mhh.de/genomics/services).

Einbettung in Forschungsverbünde:

Die RCUG ist in den Exzellenzcluster Resist und in den SFB900 zentral eingebunden und unterstützt deren Forschergruppen bei NGS- Projekten.

Einbindung in Lehre:

Die RCUG ist in Vorlesungen, Seminare und Praktika der Studiengänge „Molekulare Medizin“, „Biomedizinische Datenwissenschaft“, „Biochemie“, „Biomedizin“, „BIOMEDAS“ und „Biologie“ (LUH) eingebunden:

Seminar und Tutorial „Transcriptomics“ (HBRS), Vorlesung und Praktikum in „Biostatistik, Omics und Big Data“ (Biochemie, Biomedizin, Biomedizinische Datenwissenschaft), Vorlesungen in „Molekulare Mikrobiologie“ (Biochemie), im „Isotopenkurs“ (Biochemie), in BIOMEDAS, und in „Molekulare Genetik“ (LUH).

RCUG-Nutzung im Jahr 2020:

Im Jahr 2020 wurden RCUG-Services im Rahmen von 623 Anfragen (Incidents) durch 133 Arbeitsgruppen aus 60 MHH-Abteilungen in Anspruch genommen. 278 dieser Incidents entfielen auf Laborprojekte. Dies spiegelt sich in stetig zunehmender Weise in Publikationen wider (siehe: www.mhh.de/genomics/publikationen).

RCUG-Zufriedenheitsumfrage im Jahr 2020:

Anonymisiert wurden die 133 MHH-Arbeitsgruppen befragt, deren Incidents in 2020 bearbeitet wurden. 109 AGs nahmen teil (82%), wovon 107 die Leistungen der RCUG als gut oder sehr gut bewerteten (98%) und 2 mit befriedigend (siehe: www.mhh.de/genomics/aktuelles).

Neue Entwicklungen und Etablierungen im Jahr 2020:

2020 lag ein Schwerpunkt der Applikationserweiterung auf der Etablierung des sogenannten „Cell-Hashing“ für single cell RNA-Seq-Analysen (scRNA-Seq). Die hierbei verwendeten HashTag-Antikörper binden an Epitope von Zelloberflächenproteinen, exprimiert auf nahezu jedem Zelltyp. Durch Einsatz dieser (mit unterschiedlichen Indices verknüpften) Antikörper können Proben für scRNA-Seq-Analysen gepoolt und später wieder bioinformatisch separiert werden (demultiplexing), so dass mehr als eine Zellpopulation pro Reaktion analysiert werden kann. Dies bedeutet eine enorme Kostenersparnis. Seit Etablierung der scRNA-Seq-Analytik an der MHH durch die RCUG im Jahr 2019 steigen die Projektanfragen für diese Applikation kontinuierlich (siehe: www.mhh.de/genomics/aktuelles).

Originalpublikationen

Cramer N, Fischer S, Hedtfeld S, Dorda M, Tümmler B. Intracolon competitive fitness of longitudinal cystic fibrosis *Pseudomonas aeruginosa* airway isolates in liquid cultures. *Environ.Microbiol.* 2020;22(7):2536-2549

Gamrekelashvili J, Kapanadze T, Sablotny S, Ratiu C, Dastagir K, Lochner M, Karbach S, Wenzel P, Sitnow A, Fleig S, Sparwasser T, Kalinke U, Holzmann B, Haller H, Limbourg FP.

Notch and TLR signaling coordinate monocyte cell fate and inflammation. *Elife* 2020;9:e57007

Jirno AC, Busse M, Happle C, Skuljec J, Dalüge K, Habener A, Grychtol R, DeLuca DS, Breiholz OD, Prinz I, Hansen G. IL-17 regulates DC migration to the peribronchial LNs and allergen presentation in experimental allergic asthma. *Eur.J.Immunol.* 2020;50(7):1019-1033

Kreimann K, Jang MS, Rong S, Greite R, von Vietinghoff S, Schmitt R, Bräsen JH, Schiffer L, Gerstenberg J, Vijayan V, Dittrich-Breiholz O, Wang L, Karsten CM, Gwinner W, Haller H, Immenschuh S, Gueler F. Ischemia Reperfusion Injury Triggers CXCL13 Release and B-Cell Recruitment After Allogenic Kidney Transplantation. *Front.Immunol.* 2020;11:

Moschny N, Zindler T, Jahn K, Dorda M, Davenport CF, Wiehlmann L, Maier HB, Eberle F, Bleich S, Neyazi A, Frieling H. Novel candidate genes for ECT response prediction-a pilot study analyzing the DNA methylome of depressed patients receiving electroconvulsive therapy. *Clin.Epigenetics* 2020;12(1):114

Ostroumov D, Duong S, Wingerath J, Woller N, Manns MP, Timrott K, Kleine M, Ramackers W, Roessler S, Nahnsen S, Czernem S, Dittrich-Breiholz O, Eggert T, Kühnel F, Wirth TC. Transcriptome profiling identifies TIGIT as a marker of T cell exhaustion in liver cancer. *Hepatology* 2021;73(4):1399-1418

Papadogianni G, Ravens I, Dittrich-Breiholz O, Bernhardt G, Georgiev H. Impact of Aging on the Phenotype of Invariant Natural Killer T Cells in

Mouse Thymus. *Front.Immunol.* 2020;11:575764

Pust MM, Wiehlmann L, Davenport C, Rudolf I, Dittrich AM, Tümmler B. The human respiratory tract microbial community structures in healthy and cystic fibrosis infants. *NPJ Biofilms Microbiomes* 2020;6(1):61

Roger Y, Burmeister L, Hamm A, Elger K, Dittrich-Breiholz O, Flörkemeier T, Hoffmann A. Heparin Anticoagulant for Human Bone Marrow Does Not Influence In Vitro Performance of Human Mesenchymal Stromal Cells. *Cells* 2020;9(7):1580.

Schamschula E, Hagmann W, Assenov Y, Hedtfeld S, Farag AK, Roesner LM, Wiehlmann L, Stanke F, Fischer S, Risch A, Tümmler B. Immunotyping of clinically divergent p.Phe508del homozygous monozygous cystic fibrosis twins. *J.Cyst Fibros* 2021;20(1):149-153

Schieck M, Lentjes J, Thomay K, Hofmann W, Behrens YL, Hagedorn M, Ebersold J, Davenport CF, Fazio G, Mörücke A, Buchmann S, Alten J, Cario G, Schrappe M, Bergmann AK, Stanulla M, Steinemann D, Schlegelberger B, Cazzaniga G,

ZENTRALE FORSCHUNGSEINRICHTUNGEN

Göhring G. Implementation of RNA sequencing and array CGH in the diagnostic workflow of the AIEOP-BFM ALL 2017 trial on acute lymphoblastic leukemia. *Ann.Hematol.* 2020;99(4):809-818

Streich K, Smoczek M, Hegermann J, Dittrich-Breiholz O, Bornemann M, Siebert A, Bleich A, Buettner M. Dietary lipids accumulate in macrophages and stromal cells and change the microarchitecture of mesenteric lymph nodes. *J.Adv.Res.* 2020;24:291-300

Yazicioglu T, Mühlfeld C, Autilio C, Huang CK, Bär C, Dittrich-Breiholz O, Thum T, Perez-Gil J, Schmiedl A, Brandenberger C. Aging impairs alveolar epithelial type II cell function in acute lung injury. *Am.J.Physiol.Lung Cell.Mol.Physiol.* 2020;319(5):L755-L769

Abstracts

2020 wurden keine Abstracts publiziert.