

RCU - Transcriptomics

■ **Verantwortlich:** Dr. Oliver Dittrich-Breiholz

■ **Ansprechpartner:** Dr. Oliver Dittrich-Breiholz

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

■ Keywords: RCUT, Microarray, NGS, Datenanalyse, mRNA, RNA-Seq

Forschungsprofil



Die Research Core Unit Transcriptomics (RCUT)

Die Research Core Unit Transcriptomics (RCUT) steht allen Kliniken und Instituten der MHH zur Durchführung Microarray-basierter Transkriptomanalytik offen. Die beteiligten MitarbeiterInnen verfügen über eine breite Erfahrung rund um Planung, methodische Durchführung, Auswertung und Veröffentlichung von mRNA-Expressionsstudien. Angeboten wird eine große Bandbreite an Microarray-Formaten zur Erfassung der mRNA- oder microRNA-Expression für verschiedene Organismen unter Einsatz der Technologie-Plattformen von Agilent Technologies und Affymetrix. Ab 2015 wurde das Angebotsspektrum von RCUT um RNA-Sequencing-Applikationen erweitert. Nähere Informationen zu RCUT finden Sie unter: <http://www.mh-hannover.de/transcriptomics.html> .

RCUT-Nutzung

Seit Einrichtung von RCUT (Januar 2012) hat sich der Nutzerkreis stetig vergrößert. Die durchschnittliche Anzahl jährlich durchgeführter Microarray-Hybridisierungen seit 2012 beträgt 422. Die Zahl an MHH-Arbeitsgruppen, die die Services von RCUT (seit Einrichtung des Microarray-Labors an der MHH in 2001) genutzt haben, beträgt 103 (aus insgesamt 44 Abteilungen). Pro Monat kommt im Durchschnitt eine weitere Arbeitsgruppe dazu, die die Services erstmals nutzt. Eine Liste aller bisherigen RCUT-Nutzer finden Sie hier: <http://www.mh-hannover.de/28892.html> .

Datenauswertung

Die innerhalb von RCUT entwickelte Software RCUTAS dient der routinemäßigen Datenübergabe an die Nutzer und besitzt umfangreiche Auswerte- und Visualisierungsoptionen. Neben den eigentlichen Messwerten können Zusatzinformationen (z.B. Annotationen, Qualitätsparameter, ...) visualisiert werden. Verhältniswerte von zu vergleichenden Proben (Ratios) können flexibel berechnet, formatiert und angeordnet werden. Weiterhin lassen sich komplexe Filterungen anhand selbst festgelegter Schwellenwerte durchführen und die Ergebnisse als farbkodierte Heatmaps exportieren. Über RCUT können außerdem Datenanalyse-Zeiten für die kommerziellen Programme Qlucore Omics Explorer, GeneSpring GX und Ingenuity Pathway Analysis per Outlook gebucht und entsprechend genutzt werden. Die Nutzung der Programme kann über regelmäßig durch RCUT organisierte Seminare erlernt werden.

Weiterentwicklung von QuintQuad-Microarrays

Bereits Ende 2013 wurden von RCUT die sogenannten „QuintQuad-Microarrays“ entwickelt und evaluiert. Diese Microarrays stellen eine Weiterentwicklung auf Basis der Katalog-Microarrays von Agilent Technologies dar und weisen eine erhöhte quantitative Messgenauigkeit auf. Während diese Formate anfangs noch teurer als die entsprechenden Katalog-Microarrays waren, ist es RCUT in 2015 gelungen, durch weitere Optimierungen am allgemeinen Microarray-Design sowie bei der Nasschemie eine deutliche Preisreduktion der QuintQuad-Microarrays zu ermöglichen, so dass diese Formate nun neben der erhöhten Messgenauigkeit gleichzeitig niedrigere Kosten als die Katalog-Microarrays aufweisen.

Research Core Unit Next Generation Sequencing (RCU-NGS)

Im März des Jahres 2015 wurde an der MHH die Research Core Unit Next Generation Sequencing (RCU-NGS) neu gegründet. In diesem Zusammenhang wurden durch RCUT entsprechende Protokolle zur Durchführung von RNA-Sequencing-Applikationen etabliert. Das derzeitige Angebotsspektrum hierzu umfasst Whole Transcriptome RNA-Seq, mRNA-Seq, small RNA-Seq, mRNA-Seq ausgehend von kleinen Input-Mengen (0.25 - 1 ng total RNA, equivalent zu ca. 50-100 Ausgangszellen). Nähere Informationen zur RCU-NGS finden Sie unter <http://www.mh-hannover.de/ngs.html>.

Publikationen unter Beteiligung von RCUT (Service-Leistungen ohne Ko-Autorenschaft)

Möbus et al: MicroRNA-199a-5p inhibition enhances the liver repopulation ability of human embryonic stem cell-derived hepatic cells. *Hepatology*. 2015 Jan;62(1):101-10. doi: 10.1016/j.jhep.2014.08.016.

Saran et al: Depletion of three combined THOC5 mRNA export protein target genes synergistically induces human hepatocellular carcinoma cell death. *Oncogene*. 2015 Nov 9. doi: 10.1038/onc.2015.433.

Torow et al. Active suppression of intestinal CD4(+)TCR α β (+) T-lymphocyte maturation during the postnatal period. *Nat Commun*. 2015 Jul 21;6:7725.

Winterberg et al: Distinct phenotypic features of neonatal murine macrophages. *Eur J Immunol*. 2015 Jan;45(1):214-24. doi: 10.1002/eji.201444468.

Yang et al: Human mesenchymal stroma/stem cells exchange membrane proteins and alter functionality during interaction with different tumor cell lines. *Stem Cells Dev*. 2015 May 15;24(10):1205-22. doi: 10.1089/scd.2014.0413.

Publikationen unter Beteiligung von RCUT (externe Kooperationen mit Ko-Autorenschaft)

Jurida et al: The Activation of IL-1-Induced Enhancers Depends on TAK1 Kinase Activity and NF- κ B p65. *Cell Reports*. 2015; pii: S2211-1247(15)00002-9.

Dahlmann et al: F Analysis of Ebola Virus Entry Into Macrophages. *J Infect Dis*. 2015 Oct 1;212 Suppl 2:S247-57. doi: 10.1093/infdis/jiv140.

Publikationen unter Beteiligung von RCUT (MHH-interne Kooperationen mit Ko-Autorenschaft)

Mommert et al: The Histamine H4 Receptor Regulates Chemokine Production in Human Natural Killer Cells. *International Archives of Allergy and Immunology*. 2015; 166:225-230.

in murine macrophages. *Biochimica et Biophysica Acta*. 2015; 1849(8):966-78.

Nerlich et al: C/EBP β is a transcriptional key regulator of IL-36 α

Torow et al: Transcriptional profiling of intestinal CD4+ T cells in the neonatal and adult mice. *Genomics Data*. 2015; 5: 371–374.