

InFact

Das Magazin des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung | Frühjahr 2021

INTERVIEW

Dirk Heinz spricht über die
Coronaforschung am HZI
06

THEMA

Forscherinnen und Forscher
berichten aus dem Homeoffice
10

PORTRÄT

Emmanuel Saliba nimmt einzelne
Zellen ins Visier
12

IM GRIFF
EINES
VIRUS



EDITORIAL

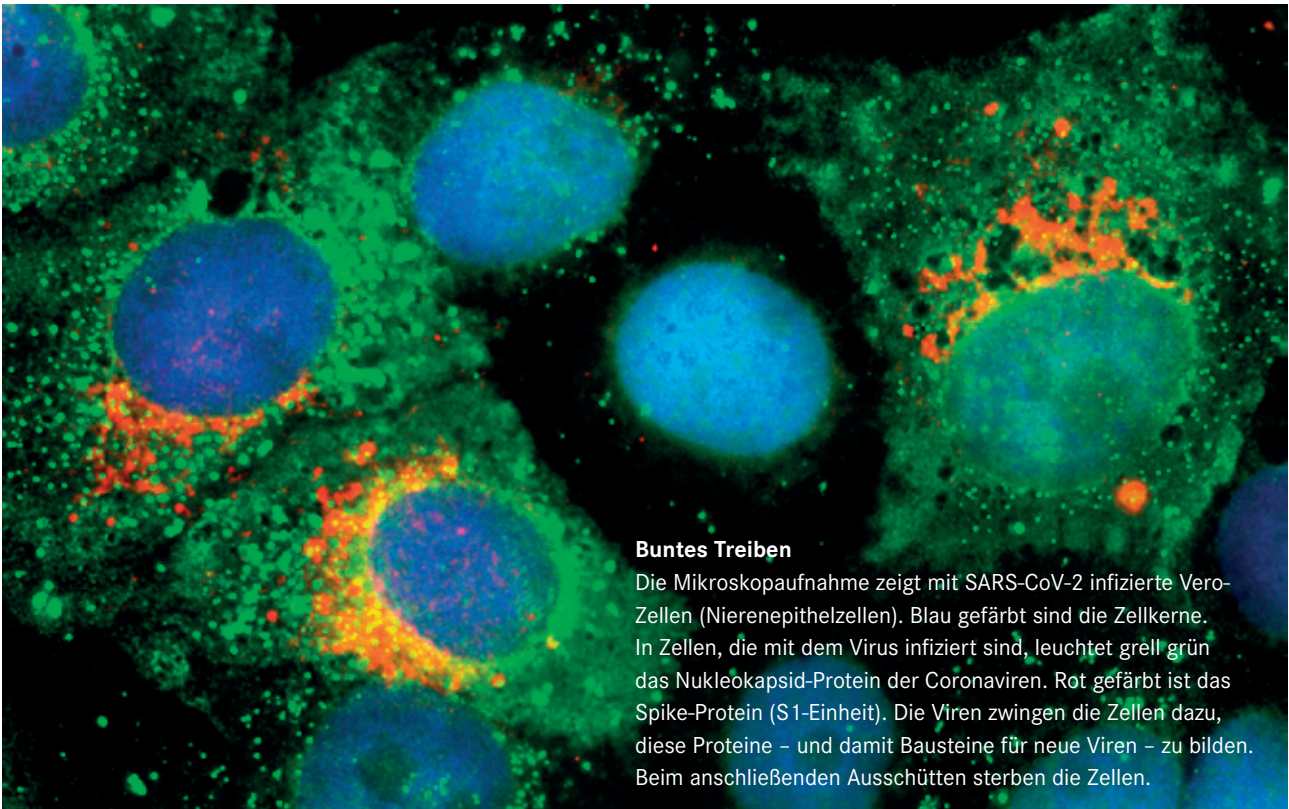


Liebe Leserinnen, liebe Leser,

nach 2020 steht auch das Jahr 2021 ganz im Zeichen der COVID-19-Pandemie. Unseren Alltag haben wir auf einen gefährlichen Gegner ausgerichtet, den wir zwar mit bloßem Auge nicht sehen können, der aber besonders auf Intensivstationen und in Pflegeheimen seine ganze Kraft demonstriert. Wie es neu auftretende Viren wie SARS-CoV-2 immer wieder schaffen, den Menschen als Wirt zu erobern und welche Ansätze es gibt, um solche viralen „Übergriffe“ künftig abwehren zu können, das erzählen wir in unserer Titelgeschichte. Mit dem Ausbruch der Pandemie hat das HZI in kürzester Zeit eine Vielzahl von Forschungsprojekten auf den Weg gebracht, um SARS-CoV-2 genauer zu untersuchen und zu dessen Bekämpfung beizutragen. Im Interview berichtet der Wissenschaftliche Geschäftsführer des HZI, Dirk Heinz, wie das gelingen konnte und welche Schwerpunkte er in diesem und den kommenden Jahren am HZI sieht. Außerdem haben wir einige Forscherinnen und Forscher gefragt, wie es ihnen während des ersten Lockdowns im Homeoffice mit gleichzeitigen Medienauftritten, Kinderbetreuung und Haushaltsbewältigung ergangen ist. Ich wünsche Ihnen eine informative Lektüre, und halten Sie weiter durch!

Ihr Andreas Fischer, Chefredakteur

HINGUCKER



Buntes Treiben

Die Mikroskopaufnahme zeigt mit SARS-CoV-2 infizierte Vero-Zellen (Nierenepithelzellen). Blau gefärbt sind die Zellkerne. In Zellen, die mit dem Virus infiziert sind, leuchtet grell grün das Nukleokapsid-Protein der Coronaviren. Rot gefärbt ist das Spike-Protein (S1-Einheit). Die Viren zwingen die Zellen dazu, diese Proteine – und damit Bausteine für neue Viren – zu bilden. Beim anschließenden Ausschütten sterben die Zellen.

IMPRESSUM

Herausgeber:

Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung GmbH
 Presse und Kommunikation
 Inhoffenstraße 7 | 38124 Braunschweig
 Telefon: 0531 6181-1405
 presse@helmholtz-hzi.de | www.helmholtz-hzi.de

Bildnachweise: Titel: Michael Wick/Shutterstock;
 S. 2: Verena Meier, Marco van Ham/CPRO/IMMI;
 S. 3-5: Kateryna Kon/Shutterstock, Jan Brinkmann,
 Ulfert Rand; S. 6-7: Verena Meier; S. 8-9:

Mathias Mützen; S. 10-11: Verena Meier, HZI;
 S. 12: Tim Schnyder; S. 13: vegefox.com;
 S. 14: Oliver Dietze, Verena Meier, Sarah Hennig,
 Annika Steffen

Redaktion: Susanne Thiele (sti, V.i.S.d.P),
 Andreas Fischer (afi, Chefredakteur),
 Melanie Brinkmann, Jennifer Fricke, Heike Kollmus,
 Berit Lange, Vivien Nagy, Nicole Silbermann,
 Till Strowig, Charlotte Wermser

Gestaltung: Britta Freise

Druck: MAUL-DRUCK GmbH & Co. KG



NEUE VIREN, NEUE HERAUSFORDERUNGEN

von Charlotte Wermser

Im Tierreich kursieren viele Tausend Viren, die auf Menschen überspringen könnten. SARS-CoV-2 hat gezeigt, wie schnell sich neue Viren weltweit ausbreiten können

Viren begleiten die Menschheit seit langer Zeit. Der älteste genetische Nachweis einer Viruserkrankung zeigt, dass Menschen bereits vor etwa 7000 Jahren an Leberentzündungen litten, ausgelöst durch Hepatitis B-Viren. Das Erbgut dieser Viren fand sich in Zähnen aus dieser Zeit, die in Sachsen-Anhalt entdeckt wurden. Seitdem sind viele verschiedene Viruserkrankungen hinzugekommen – und andere, wie die Pocken, für immer verschwunden. Neu auftretende

Viren (englisch: emerging viruses), die sich bislang nur im Tierreich verbreitet haben, konnten die Artgrenze überspringen und sich an den Menschen als neuen Wirt anpassen. Das Coronavirus SARS-CoV-2 (schweres akutes respiratorisches Syndrom-Coronavirus-2) zeigt seit Ende 2019, dass ein solches Virus heutzutage in kürzester Zeit die ganze Welt erobern kann.

Viruspartikel sind winzig – 20 bis 300 Nanometer im Durchmesser und damit etwa 1000-mal kleiner als eine

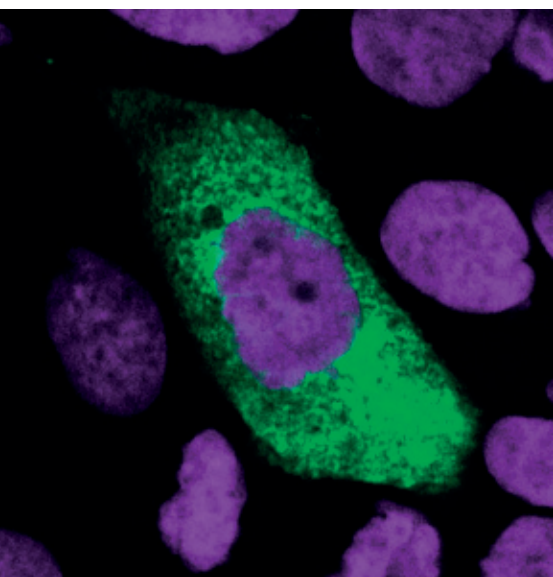
menschliche Zelle. Sie bestehen aus nicht viel mehr als ihrem Erbgut und einer schützenden Proteinhülle. Sogar einen eigenen Stoffwechsel sparen sie sich und nutzen stattdessen den ihres Wirtes. Nachdem sie in eine Wirtszelle eingedrungen sind, programmieren sie diese um. Die Zelle liest das virale Erbgut ab, vermehrt es und produziert Virusproteine. So stellt die Wirtszelle immer mehr Viruspartikel her, bis sie stirbt und dadurch die Viren freisetzt.

▽ SARS-CoV-2-Viren binden an ACE2-Rezeptoren auf der Oberfläche einer menschlichen Zelle

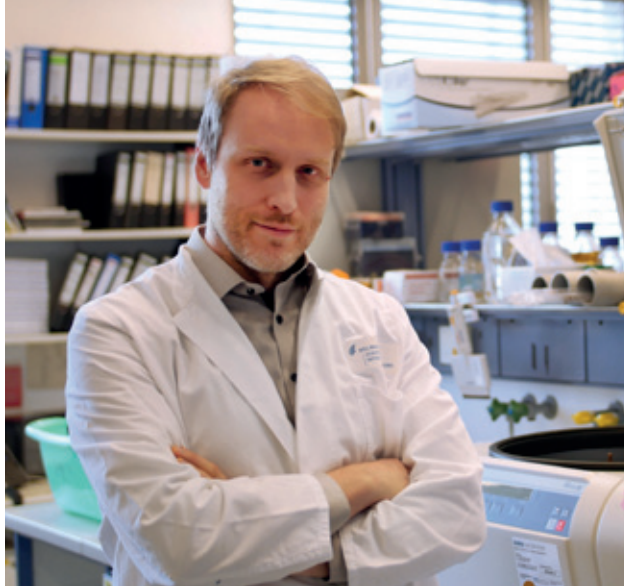


IN DEN WIRT REIN – UND WIEDER RAUS

Viren können einen neuen Wirt wie den Menschen jedoch nicht einfach stürmen. Sie brauchen einen Schlüssel, um in dessen Zellen einzudringen. „Dafür benutzen Viren Proteine auf unserer Zelloberfläche. Nur wenn diese zu den Proteinen auf der Virusoberfläche passen, können sie uns infizieren“, sagt Prof. Luka Cicin-Sain, Leiter der Forschungsgruppe „Immunalterung und Chronische Infektionen“ am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI). Allerdings haben nicht alle Wirtszellen das richtige Schloss an ihrer Oberfläche: Viren können sich nur in einem Gewebe vermehren, dessen Zellen die zum Virus passenden Rezeptoren produzieren. Daraus entsteht der Zug von Viren in einzelne Organe – Grippeviren vermehren sich in der Lunge und den Bronchien, Hepatitis-Viren leben in der Leber und das HI-Virus zieht es in Zellen des Immunsystems. Bei SARS-CoV-2 übernimmt ein Oberflächenprotein, das die Wissenschaftler Spike-Protein nennen, die Rolle des Schlüssels. Der entscheidende Schritt des Virus für den Wirtswechsel zum Menschen war laut Cicin-Sain eine Mutation des Spike-Proteins, durch die SARS-CoV-2 nun an den ACE2-Rezeptor auf menschlichen Zellen binden kann.



△ Eine mit SARS-CoV-2 infizierte Lungenzelle bildet neue Viruspartikel (grün) in ihrem Zytoplasma (violett: Zellkerne)



◁ Luka Cicin-Sain untersucht mit seiner Forschungsgruppe aktuell Antikörper und Wirkstoffe, die die Vermehrung von SARS-CoV-2 verhindern sollen

Der Ort, an dem ein Virus unterschlüpft, ist auch für die weitere Verbreitung entscheidend.

**„In den Körper hineinzukommen
und sich dort zu vermehren,
ist das Eine – aber um sich
weiter zu verbreiten,
müssen Viren aus dem Wirt
auch wieder herauskommen“,**

sagt Cicin-Sain.

Viren, die sich in den Atemwegen oder dem Verdauungstrakt vermehren, haben es leichter als solche, die in inneren Organen oder dem Blutkreislauf vorkommen.

„Wenn ein neues, unbekanntes Virus auftritt, ist es naheliegend zu überprüfen, ob es zu einer der Virusfamilien gehört, aus denen in der Vergangenheit auch schon neue Viren hervorgegangen sind. Dies sind in der Regel Viren, deren Erbgut aus RNA besteht“, sagt Luka Cicin-Sain. Denn abhängig vom Aufbau ihres Erbguts bringen Viren unterschiedlich gute Voraussetzungen für einen Wirtswechsel mit. RNA-Viren verändern sich genetisch schneller als Viren mit einem Erbgut aus DNA. Dies liegt daran, dass das Protein, das die RNA vervielfältigt, häufiger kleine Fehler einbaut. Durch die Mutationen im Erbgut entstehen verschiedene Virusvarianten, die sich geringfügig unterscheiden. So passen sich RNA-Viren schneller an einen Wirt an als DNA-Viren.

PER MOSKITO-TAXI IN DEN WIRT

Einige Viren nutzen Helfer, um von Mensch zu Mensch zu gelangen. Zum Beispiel können blutsaugende Tiere wie Stechmücken oder Zecken bei ihrer Mahlzeit Viren aufnehmen. Diese vermehren sich in den

Blutsaugern und werden bei einem weiteren Stich wieder auf einen menschlichen Wirt übertragen. So waren Moskitos an einer Epidemie beteiligt, bei der ein Virus gar nicht neu auf Menschen überspringen musste: die Zika-Epidemie. Dieses Virus ist bereits seit den 1950er Jahren bekannt. Zu massenhaften Erkrankungen kam es aber erst, als das Zika-Virus 2015 nach Mittel- und Südamerika eingeschleppt wurde und per Moskito-Taxi einen neuen Kontinent erobern konnte. „Voraussetzung für die Übertragung des Zika-Virus ist, dass es sich sowohl in Menschen als auch in Stechmücken vermehren kann – zwei völlig unterschiedliche Spezies. Das ist ein enorm komplexes System, wo der Übergang zwischen zwei Spezies immer wieder stattfinden muss“, sagt Luka Cicin-Sain. Ein komplett neu auftretendes Virus, das sich mithilfe von Moskitos in einer anderen Tierart verbreitet, könnte stattdessen auch auf Menschen überspringen. Dies wurde beispielweise beim West-Nil-Virus beobachtet. Das von Stechmücken übertragene Virus zirkuliert normalerweise zwischen Mücken und Vögeln, kann aber auch Menschen und andere Säugetiere infizieren.

Es ist ein typisches Merkmal von Viren, sich auf bestimmte Wirtsspezies zu konzentrieren – jedoch ist dies je nach Virusfamilie unterschiedlich strikt. „Wir kennen Generalisten und Spezialisten unter den Viren. Die Spezialisten sind auf einen einzigen Wirt festgelegt, generalistische Viren können ihren Wirt dagegen leichter wechseln“, sagt Luka Cicin-Sain. Mit seiner Arbeitsgruppe forscht er am Zytomegalievirus (CMV), ein hochgradig auf den Menschen spezialisiertes Virus. CMV, das zur Familie der Herpesviren gehört, hat seinen Lebensstil komplett an den Menschen angepasst. Solch hochspezialisierte Viren tragen in ihrem Erbgut den Bauplan für viele Proteine, die mit dem menschlichen Immunsystem wechselwirken. Mithilfe die-

ser Proteine können sie die Immunabwehr ausschalten und etwa verhindern, dass infizierte Zellen zerstört werden. Dadurch kann CMV unbemerkt vom Immunsystem viele Jahrzehnte in menschlichen Zellen überdauern. Bei bis zu 90 Prozent der Bevölkerung schlummert dieses Virus im Körper, ohne Symptome auszulösen. Das Immunsystem hält den Erreger dabei so weit in Schach, dass keine aktive Infektion ausbricht. „So ein Wechselspiel entsteht aber nicht aus dem Nichts, sondern ist das Ergebnis einer sehr langen Anpassung an einen Wirt. Generalistische und neue Viren können sich hingegen nicht dauerhaft vor dem Immunsystem verstecken“, sagt Luka Cicin-Sain. Somit sei es einfacher, einen Impfstoff gegen solche Viren zu entwickeln.

KEIN PATENTREZEPT FÜR IMPFUNGEN

Was können wir also künftig tun, um neue Viren, die den Sprung zum Menschen schon geschafft haben, zu stoppen? Ein wichtiger Baustein ist die zügige Entwicklung eines Impfstoffs. Eine Impfung trainiert das Immunsystem, mit einem Erreger fertig zu werden, ohne eine Krankheit auszulösen. Es wird sozusagen eine Infektion nachgeahmt. Im Fall einer späteren Begegnung mit dem Erreger kann das Immunsystem die Erfahrung schnell abrufen und eine Infektion verhindern. Während gegen bakterielle Infektionen Breitband-Antibiotika zur Verfügung stehen und an dem Pendant gegen Viren – also breitwirksamen antiviralen Medikamenten – geforscht wird, gibt es so etwas wie eine Breitbandimpfung nicht. „Unser Immunsystem ist ein Meister darin, hochpräzise Immunreaktionen auszulösen, die sich spezifisch gegen einen Erreger richten. Daher können bekannte Impfstoffe auch nicht so einfach umfunktioniert werden“, sagt Prof. Carlos A. Guzmán, Leiter der Abteilung „Vakzinologie und angewandte Mikrobiologie“ am HZI.

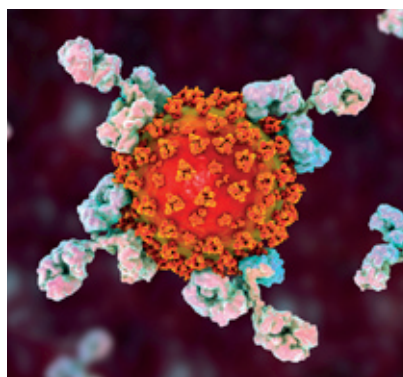
„Zum Glück mussten wir bei SARS-CoV-2 nicht bei null anfangen. Es wurde ja schon intensiv an Impfungen gegen SARS- und MERS-Coronaviren geforscht“;

sagt Guzmán.



◀ Carlos A. Guzmán erforscht, wie Impfungen eine Immunantwort auslösen und vor einem Krankheitserreger schützen

Daher wussten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler bereits, dass das Spike-Protein ein gutes Ziel für die Impfstoffentwicklung ist. Nutzt eine Impfung dieses Protein als Antigen, regt sie das Immunsystem dazu an, Antikörper dagegen zu bilden. Beim Kontakt mit dem Virus machen die Antikörper das Spike-Protein – und damit den Schlüssel der Viren – unzugänglich und versperren ihm so den Weg in die Zellen.



△ Antikörper greifen ein SARS-CoV-2-Partikel an

Nicht jedes in Zukunft neu auftretende Virus wird jedoch so nah mit bereits bekannten Erregern verwandt sein wie im aktuellen Fall von SARS-CoV-2. Da es zudem unmöglich ist, vorherzusagen, welches Virus als nächstes auf den Menschen überspringt, setzt die Impfstoffforschung auf eine technische Entwicklung: „Die ‚reverse Vakzinologie‘ hat den Forschungsprozess buchstäblich auf den Kopf gestellt“, erzählt Carlos Guzmán. Traditionell werden Krankheitserreger in langwieriger Grundlagenforschung charakterisiert. So wird beispielsweise untersucht, welche Mechanismen ein Erreger nutzt, um eine Krankheit auszulösen oder welche seiner Strukturen besonders gut vom Immunsystem erkannt werden. Auf diesem Wissen baut dann die Impfstoffentwicklung auf. Die reverse Vakzinologie basiert hingegen auf dem genetischen Code eines Erregers, der sich mit

moderner Sequenzieretechnik sehr schnell bestimmen lässt. Bei SARS-CoV-2 lag der genetische Code bereits Mitte Januar 2020 entschlüsselt in einer Datenbank vor – also zu einem Zeitpunkt, als erst einige Dutzend Infektionen mit dem Virus bekannt waren. „Mit diesem Datensatz konnte die Impfstoffforschung sofort beginnen, ohne das Virus vorher im Labor anzüchten oder anderweitig untersuchen zu müssen“, sagt Guzmán. In solchen Fällen helfen computergestützte Ansätze bei der Auswahl des besten Antigens für einen Impfstoff.

Anschließend müssen Impfstoffe einen langen Entwicklungs- und Optimierungsprozess durchlaufen. „Normalerweise dauert die Entwicklung und Zulassung eines Impfstoffs etwa zehn Jahre“, sagt Carlos Guzmán. „Bei der SARS-CoV-2-Impfung hat die Wissenschaft gerade die Grenzen ausgelotet, wie sehr sich der Prozess beschleunigen lässt. Dabei darf aber die Sicherheit unter keinen Umständen auf der Strecke bleiben.“ Schließlich wird die Impfung gegen SARS-CoV-2 einem großen Teil der Bevölkerung verabreicht. Selbst seltene schwere Nebenwirkungen betreffen gleich viele Personen.

NACH DER EPIDEMIE IST VOR DER EPIDEMIE

Schon in der Steinzeit waren Viren unsere Begleiter – und sie werden es auch in Zukunft bleiben. „Das Reservoir von Viren im Tierreich ist schier unendlich. Früher oder später ist ein Überspringen neuer Viren auf Menschen so sicher wie das Amen in der Kirche“, sagt Luka Cicin-Sain. Die Herausforderung wird sein, die nächste Erkrankungswelle durch ein neues Virus unter Kontrolle zu bringen, bevor sie sich zu einer großen Epidemie entwickelt.



△ Dirk Heinz begrüßte die Bundesforschungsministerin Anja Karliczek bei ihrem Besuch des HZI im Mai 2020

„DIE GROSSEN STÄRKEN DES HZI SIND SEIN ZUSAMMENHALT UND DER TEAMGEIST“

von Susanne Thiele

Mit dem Ausbruch der COVID-19-Pandemie rückte das HZI schnell in den Fokus der Öffentlichkeit. Der Wissenschaftliche Geschäftsführer Prof. Dirk Heinz im Gespräch über ein Jahr Pandemie, die rasche Etablierung der Corona-Forschung und neue Herausforderungen

Herr Heinz, wie haben Sie den Beginn der Pandemie in Erinnerung?

Ich erinnere mich noch sehr gut an das letzte größere Präsenztreffen Mitte März 2020 in Berlin: ein Kick-off-Meeting zur Gründung unseres neuen Helmholtz-Instituts in Greifswald. Auch damals drehte sich alles um Corona und die Bedeutung von Infektionen durch Erreger, die von Tieren stammen. Und kurz danach fand die erste Sitzung des

Krisenstabs am HZI statt. Wir haben den Pandemieplan weiterentwickelt und spezielle Maßnahmen zum Schutz der Mitarbeiter:innen getroffen, von verstärkten Hygienemaßnahmen bis zu Home-office-Möglichkeiten.

Wie schätzen Sie das Jahr 2020 rückblickend für das HZI ein?

Es war ein sehr außergewöhnliches, anstrengendes und in jeder Hinsicht einmaliges Jahr. Die COVID-19-Pandemie

hat, wie man sehen kann, weitreichende Konsequenzen auf unsere Arbeitsweise, aber auch unser Privatleben. Für das HZI wurde sehr schnell seine besondere Rolle und Verantwortung bei der Bekämpfung der Pandemie deutlich. Dies ist auch eine große Chance für unser Zentrum!

Wie konnte sich das HZI so schnell auf die Corona-Forschung umstellen?

In der Forschung hat die Pandemie das HZI glücklicherweise nicht völlig

unvorbereitet getroffen, obwohl Coronaviren bisher nicht im Fokus standen. Wir konnten schnell unsere Kompetenzen für die Forschung an SARS-CoV-2 bündeln und auf entsprechende Infrastrukturen wie S3-Labore zurückgreifen. Innerhalb kürzester Zeit wurden dank erfolgreicher Einwerbung von Drittmitteln mehr als 70 Projekte etabliert. Wir haben dabei sehr von unserer Schwerpunktsetzung in der Forschung, den sogenannten „Research Foci“, profitiert. Es ist schon bemerkenswert, wie schnell unsere Wissenschaftler:innen die Initiative ergriffen haben. Sehr stolz bin ich auch auf unsere Expert:innen, die rasch die wichtige Aufgabe des Wissenstransfers übernommen haben – zum Beispiel in Interviews, Talkshows und Hintergrundgesprächen – und die Politik bei ihren schwierigen Entscheidungsprozessen unterstützen.

Welches sind die wichtigsten wissenschaftlichen Beiträge des HZI zur Bekämpfung der Pandemie?

Unsere Wissenschaftler:innen haben zum Beispiel computergestützte Verfahren entwickelt, die die Modellierung des Infektionsgeschehens ermöglichen oder künftig die Gesundheitsämter bei der Fall- und Kontaktverfolgung entlasten. Zudem laufen epidemiologische Studien zur Pandemie sowie zahlreiche innovative Forschungsprojekte, um ein tieferes Verständnis über den Infektionsprozess zu erlangen und daraus Lösungen zur Bekämpfung des Virus zu entwickeln.

Hat sich die Wahrnehmung des HZI in der Öffentlichkeit verändert?

Wir freuen uns alle, dass der Bekanntheitsgrad des HZI durch die Medienpräsenz unserer Forscher:innen in der Corona-Krise sprunghaft gestiegen ist. Wir merken das in einer Rückkopplung auch ganz deutlich am enormen Anstieg des Drittmittelaufkommens. Es ist herausragend, was die HZI-Mitarbeiter:innen in sehr kurzer Zeit geleistet haben. Dies schließt natürlich die Presse und Kommunikation, aber auch die Verwaltung und den Technischen Betrieb ein, die die Forschungsanstrengungen trotz zahlreicher Einschränkungen sehr unterstützt und damit wesentlich zum Erfolg beigetragen haben. Deshalb möchte ich an dieser Stelle auch ein ganz großes Kompliment und Dank an alle aussprechen. Das vergangene Jahr war sicher kein einfaches, aber das Engagement und der Einsatz haben sich ausgezahlt.

Das HZI stand meines Erachtens in seiner Geschichte noch nie so gut da wie heute.

Wie geht es nun 2021 weiter?

Viele unserer Wissenschaftler:innen erinnern sich an die aufreibenden wissenschaftlichen und strategischen Begutachtungen 2018 und 2019. Das HZI hat beide Male herausragend abgeschnitten. Das Jahr 2021 ist insofern ein Meilenstein, da auch die vierte Periode der Programmorientierten Förderung der Helmholtz-Gemeinschaft startet. Für die nächsten sieben Jahre haben wir uns ambitionierte Ziele gesetzt, um unserer translationalen Mission noch besser gerecht zu werden. Dabei muss das Konzept vor dem Hintergrund der Corona-Pandemie nochmals adaptiert werden, auch weil der Erwartungsdruck von Politik und Gesellschaft an das HZI deutlich gewachsen ist. Dem können und dürfen wir uns nicht verschließen. Uns kommt unsere flexible Programmstruktur entgegen, über die wir aktuelle Themen wie Infektionen der Atemwege hervorragend in die Gesamtstrategie des HZI einbinden können. Zum anderen können wir unser neu hinzugewonnenes Helmholtz-Institut in Greifswald sowie die erfreuliche Zusatzfinanzierung für unser bereits bestehendes Helmholtz-Institut in Saarbrücken (HIPS) nutzen, um das Thema „Emerging Infections“ (neu auftretende Infektionen) mit der notwendigen kritischen Masse zu beforschen. Schließlich sind einige wichtige Neuberufungen an allen Standorten geplant.

Was bedeutet das im Detail für die Standorte?

Am neuen HZI-Standort in Greifswald möchten wir den „One Health“-Ansatz stärken. Dabei geht es vor allem um die Epidemiologie, Pathogenese sowie Erreger-Wirt-Interaktionen von primär zoonotischen Infektionen. Als Kooperationspartner werden wir vor Ort mit der Universität Greifswald, der Universitätsmedizin Greifswald und dem Friedrich-Loeffler-Institut zusammenarbeiten. Bis zum Ende dieses Jahres werden die internationale Begutachtung des wissenschaftlichen Konzepts sowie die Gründung des neuen Instituts stattfinden. Am HIPS geht es darum, die pharmazeutische Forschung auszubauen und um antivirale Strategien zu erweitern. Für diesen Ausbau wurden dauerhaft erhebliche Mittel über den Bundeshausaltsausschuss Ende 2020 bereitgestellt. Am HIRI in Würzburg setzen wir in den nächs-

ten Jahren auf die Untersuchung von Infektionsmechanismen auf Einzelzellebene. Über RNA-basierte Verfahren werden verschiedene Wirtsreaktionen bei Infektionen beleuchtet, um deren Auswirkungen auf den Krankheitsverlauf zu verstehen und gezielt einzugreifen.

Gibt es weitere Schwerpunktthemen am HZI?

Ein wichtiges Thema in der Helmholtz-Gemeinschaft ist die Stärkung des Wissens- und Technologietransfers. Hier müssen wir uns in den kommenden Jahren steigern. Das schließt den Aufbau eines erfolgreichen Innovationsmanagements ein. Auch das Thema Internationalisierung muss vorangetrieben werden. Wir sind bereits im Begriff, erfolgreiche Kooperationen zu etablieren, zum Beispiel mit der McGill University in Montreal. Ich bin überzeugt, dass die Corona-Krise zu einer Stärkung der Infektionsforschung weltweit beitragen wird. Hier warten auch große Chancen auf uns. Die Kunst für das HZI wird sein, sich so optimal aufzustellen und gute Angebote zu machen, um zu den sicheren Kandidaten für finanzielle Aufwüchse zu gehören.

Was ist Ihr Wunsch – oder Ihre Prognose – für 2021?

Wir wünschen uns sicherlich alle, dass die COVID-19-Pandemie endlich überwunden wird. Dies bedeutet aber, dass noch anstrengende Monate bevorstehen. Die inzwischen verfügbaren Impfstoffe werden eine deutliche Verbesserung bringen, die Kontaktbeschränkungen alleine können allenfalls zu einer Stagnation der Fallzahlen führen – besonders mit Blick auf neue Mutationen. Geduld und Solidarität aller werden daher weiter gefragt bleiben. Für das HZI wünsche ich mir, dass wir uns nach dem Begutachtungsmarathon, der ebenfalls erfolgreich bewältigten finanziellen Konsolidierung und den mit der COVID-19-Pandemie verbundenen Einschränkungen hoffentlich bald wieder mit voller Kraft auf unser Kernthema fokussieren, die translationale Infektionsforschung mit all ihren Chancen. Dies sollte uns alle anspornen, nicht locker zu lassen. Die großen Stärken des HZI sind sein Zusammenhalt und der Teamgeist, der in Pandemiezeiten wichtiger denn je ist – darauf sollten und können wir aufbauen im Sinne einer guten Zukunft.

COVID-19-FORSCHUNG AM HZI *von Andreas Fischer*

Mit dem Ausbruch der Pandemie hat das HZI schnell die Erforschung von SARS-CoV-2 als einen neuen Schwerpunkt etabliert.

Einige Beispiele neuer Forschungsprojekte stellen wir hier vor

ANTIKÖRPERSTUDIE ZUR VERBREITUNG VON SARS-COV-2

Die „Multilokale und Serielle Prävalenzstudie zu Antikörpern gegen SARS-2-Coronavirus in Deutschland“ (MuSPAD) ist eine der umfassendsten Antikörperstudien in Deutschland und läuft unter Federführung der HZI-Abteilung „Epidemiologie“. Hauptziel ist es, den Anteil der Bevölkerung zu bestimmen, der bereits Antikörper gegen SARS-CoV-2 im Blut hat und somit vermutlich schon einmal mit dem Virus infiziert war. Bislang basieren die Infektionszahlen auf Meldungen an die Gesundheitsämter, nicht getestete Infizierte mit asymptomatischem Verlauf werden daher nicht erfasst. Um die zeitliche und geografische Entwicklung der COVID-19-Pandemie besser zu verstehen, werden seit Juli 2020 bundesweit in acht Landkreisen jeweils bis zu 3000 Personen zufällig ausgewählt und ihr Blut auf Antikörper getestet. Nach drei bis vier Monaten erfolgt in den Landkreisen ein zweiter Durchgang, sodass auch die Entwicklung der Antikörper-Konzentration im Blut von positiv getesteten COVID-19-Patienten verfolgt werden kann. Dadurch lassen sich Erkenntnisse gewinnen, wie lange eine Person gegen das Virus immun ist.

DIGITALES INFektionsMANAGEMENT MIT SORMAS

Der Name der Software SORMAS steht für „Surveillance Outbreak Response Management and Analysis System“. Ursprünglich hat die HZI-Abteilung „Epidemiologie“ unter Leitung von Prof. Gérard Krause SORMAS gemeinsam mit Partnereinrichtungen während des Ebola-

Ausbruchs in Westafrika 2014-15 entwickelt und seitdem fortlaufend um Module für andere Infektionskrankheiten erweitert. SORMAS steht als open-source-Software lizenzfrei zur Verfügung und wird seit März 2020 speziell an die Bedürfnisse zum Management der COVID-19-Pandemie angepasst. Mittlerweile kommt das Programm in Deutschland, der Schweiz, Frankreich, Ghana, Nigeria und Fidschi zum Einsatz. So deckt es eine Bevölkerung von über 300 Millionen Menschen ab. Das neu implementierte COVID-19-Modul verbessert vor allem das digitale Management von Quarantänemaßnahmen und die Verfolgung von Infektionsketten über Landkreis- und Landesgrenzen hinaus. SORMAS generiert zugleich Daten in Echtzeit für eine fortlaufende Risikobewertung auf nationaler und internationaler Ebene.

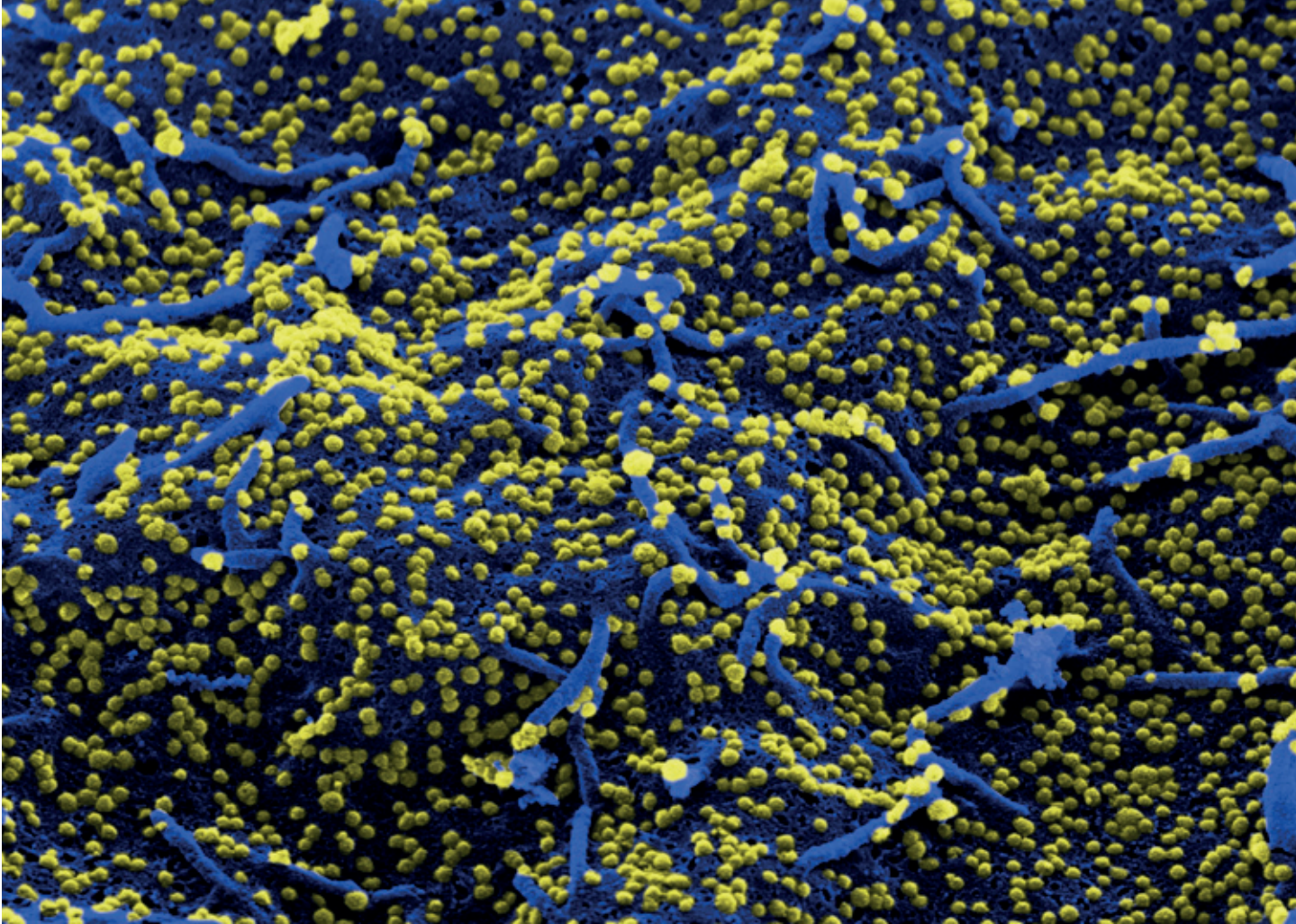
MATHEMATISCHE MODELLIERUNGEN DES PANDEMIEGESCHEHENS

Das Forschungsteam um Prof. Michael Meyer-Hermann hat gemeinsam mit Partnern des Forschungszentrums Jülich eine Methode entwickelt, die die Effekte verschiedener Infektionsschutzmaßnahmen und das Pandemiegeschehen täglich neu simulieren kann. Die gewonnenen Daten sollen Entscheidungsträgern in der Politik eine Grundlage für die Bewertung der aktuellen Situation geben. Eine entscheidende Größe, die die Ausbreitung eines infektiösen Krankheitserregers beschreibt, ist die sogenannte Reproduktionszahl. Die Basisreproduktionszahl gibt an, wie viele Menschen ein Infizierter durchschnittlich ansteckt. Sie ist ein wichtiger Indikator dafür, wie schnell sich eine Epidemie ausweitet. Darüber hinaus hat

das Forschungsteam eine gemeinsame Studie mit dem ifo Institut veröffentlicht, die die gesundheitlichen und wirtschaftlichen Szenarien zur Lockerung der pandemiebedingten Beschränkungen berechnet. Täglich aktualisierte Werte für die SARS-CoV-2-Reproduktionszahl finden sich unter dem Link <http://secir.theoretical-biology.de>.

TESTEN BEKANNTER MEDIKAMENTE AUF WIRKUNG GEGEN SARS-COV-2

Ein internationales Forschungsnetzwerk untersucht bereits zugelassene Medikamente auf eine mögliche Wirkung gegen SARS-CoV-2. Die in Deutschland stattfindenden Arbeiten leitet Prof. Thomas Pietschmann, Forscher am HZI und am TWINCORE. Im ersten Schritt sucht das Forschungsteam mit Hochdurchsatzverfahren Wirkstoffe, die die Virusvermehrung hemmen. Bei diesen Kandidaten analysiert das Team dann den genauen Wirkmechanismus, die Wirkung auf Lungenzellen und die optimale Dosis. Zum Einsatz kommt dabei die Wirkstoffbank „ReFrame“ von Scripps Research (USA), die rund 14.000 zugelassene Medikamente und Substanzen enthält. Aussichtsreiche Wirkstoffkandidaten sollen zügig in klinische Studien überführt werden. Dieses sogenannte Repurposing – also die Anwendung eines schon bewährten Wirkstoffs für neue Indikationen – verkürzt die Entwicklungsphase eines Medikaments, da bereits Sicherheitsdaten zur Anwendung und Verträglichkeit vorliegen. Das HZI ist außerdem Partner im EU-Projekt „SCORE“. Ziel des Projekts ist die Entwicklung antiviraler Wirkstoffe gegen SARS-CoV-2 und künftige Corona-



△ Das Forschungsteam um Prof. Andrea Kröger hat Vero6-Zellen mit SARS-CoV-2 infiziert, die Dr. Mathias Müssen für diese elektronenmikroskopische Aufnahme genutzt hat. Sie zeigt die Viren (gelb) auf der Zelloberfläche bei 16.000-facher Vergrößerung

viren. SCORE setzt dabei sowohl auf das Repurposing bereits bekannter Substanzen als auch auf neue Wirkstoffe. Unter der Leitung von Dr. Katharina Rox erfolgen am HZI die pharmakologische Charakterisierung und pharmakokinetische Studien, um geeignete Kandidaten zu identifizieren.

EINZELZELLANALYSEN ERKLÄREN UNTERSCHIEDLICH STARKE COVID-19-VERLÄUFE

Die Unterschiede im Krankheitsverlauf bei einer Infektion mit SARS-CoV-2 sind mitunter beträchtlich. Neben den zu meist milden Verläufen entwickeln zehn bis 20 Prozent der Infizierten eine zum Teil lebensbedrohliche Lungenentzündung. Einem bundesweiten Forschungsverbund ist es gelungen, Unterschiede in der Immunantwort zwischen Patienten mit mildem und schwerem Verlauf zu identifizieren. Beteiligt waren die Forschungsteams von Prof. Yang Li (CiM) und Dr. Antoine-Emmanuel Saliba (HIRI) sowie die HZI-Genomanalytik von Dr. Robert Geffers. In der Studie wurden an zwei Standorten gleichzeitig Blutproben von insgesamt 53 COVID-19-Patienten mittels Einzelzell-basierter Verfahren untersucht. So ließen

sich die individuellen Immunabwehrmechanismen zeitlich aufschlüsseln. Dabei zeigte sich, dass schwere Verläufe mit tiefgreifenden Veränderungen der Immunzellen verbunden sind: Sie wiesen eine erhöhte Zahl neutrophiler Vorläuferzellen sowie dysfunktionaler neutrophiler Zellen (bestimmte weiße Blutkörperchen) mit veränderter Morphologie auf. Dieses Ergebnis steht im Gegensatz zur bisherigen Annahme, dass schwere COVID-19-Verläufe mit einer überschießenden Immunantwort einhergehen. Stattdessen scheinen neutrophile Zellen in einer Dauerschleife aus Aktivierung und Hemmung gefangen zu sein, was zu einer ineffektiven Immunantwort beitragen kann. Die Studie liefert damit Hinweise für die Identifikation geeigneter Biomarker und therapeutischer Zielstrukturen für die Behandlung von COVID-19.

NEUTRALISIERENDE ANTIKÖRPER GEGEN SARS-COV-2

Der Eintritt von SARS-CoV-2 in eine Wirtszelle wird über den zellulären Rezeptor ACE2 des Wirts und das Spike-Protein des Virus vermittelt. Bei den früheren Epidemien durch SARS- und MERS-Coronaviren zeigte sich, dass

sich monoklonale neutralisierende Antikörper für Therapien eignen, da sie die Bindung des Virus an den Rezeptor und damit den Zelleintritt verhindern können. Basierend auf diesen Erkenntnissen identifizierte ein Forschungsteam der Technischen Universität Braunschweig und des HZI um Prof. Luka Cicin-Sain 17 humane Antikörper, die eine Infektion mit SARS-CoV-2 in humanen Zelllinien neutralisierten. Vier dieser Antikörper zeigten eine hohe Bindungsaffinität im subnanomolaren Bereich. Im Gegensatz zu den bisher bekannten Ansätzen, die humane neutralisierende Antikörper aus genesenen Patienten gewinnen, konnte das Forschungsteam bei dieser Arbeit vielversprechende Antikörperkandidaten aus Proben von gesunden Spendern identifizieren. Kooperationspartner bei der Suche nach Antikörpern ist auch die YUMAB GmbH auf dem Science Campus Braunschweig-Süd.

VON HOMEOFFICE, VIDEOKONFERENZEN UND EINER WASCHMASCHINE

Auch die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des HZI kamen in den „Genuss“ von Homeoffice – Berichte aus dem ersten Lockdown



PROF. MELANIE BRINKMANN
HZI-Forschungsgruppenleiterin
Verheiratet, drei Kinder

Wie ist es im ersten Lockdown gelungen, Forschung, Kinderbetreuung und zahlreiche Medienauftritte für das HZI zu realisieren?

Ich hatte großes Glück, weil meine Kinder in die Notbetreuung gehen durften – sonst wäre ich sicher verzweifelt und hätte nicht so viel Medienarbeit leisten können. Aber unsere Familie war auch so ziemlich am Anschlag, denn es fiel ja nicht nur die Schule weg, auch die ganzen Freizeitaktivitäten der Kinder wie Turnen, Handball und Fußball fanden nicht mehr statt, und der Kontakt zu den Großeltern war sehr reduziert. Auf jeden Fall sind wir alle deutlich besser im Tischtennispielen geworden, unsere Tischtennisplatte war ein Rettungsanker.

Allerdings hätte ich in der Zeit administrative Hilfe sehr gut brauchen können – ich habe so viele Mails nach meinen Medienauftritten bekommen. Alle zu beantworten hat viel Zeit in Anspruch genommen, und auch all die Einladungen zu organisieren war eine Herausforderung.

Welches Familienerlebnis bleibt aus der Zeit in Erinnerung?

Ich erinnere mich noch genau an einen

Abend am Esszimmertisch, als wir im Familienrat diskutiert haben, ob ich weiter in den Medien auftreten soll – ich war dadurch wenig zu Hause, und selbst wenn, war ich gedanklich eigentlich immer bei SARS-CoV-2 und nervlich ganz schön angespannt. Mein ältester Sohn sagte dann: „Mama, Du machst das super, und es ist wichtig, was Du da machst. Ich finde, Du solltest weitermachen.“ Damit war das dann entschieden ...

Wie lief die Betreuung der Arbeitsgruppe im Lockdown?

Wir hatten Glück, denn drei meiner Doktoranden mussten gerade Paper schreiben. Von daher war es perfektes Timing, und wir haben viel geschafft. Aber für den Teamgeist war und ist es eine schwere Zeit, der persönliche Austausch ist einfach so wichtig. Und wir haben keines unserer Paper ordentlich feiern können, da haben wir einiges nachzuholen! ■



DR. VIVIEN NAGY
DZIF-Fördermittelmanagement am HZI

PROF. TILL STROWIG
HZI-Abteilungsleiter
Zwei Kinder, 8 und 5 Jahre alt



Wie lief die Homeoffice-Zeit als „HZI Double Career Couple“ und wie hat es mit den Kindern geklappt?

Wir haben im Schichtsystem und viel am Wochenende gearbeitet – einer von uns konnte sich zum konzentrierten Arbeiten zurückziehen und der andere hat sich um die Kinder gekümmert. Wer

„Kinderdienst“ hatte, hat sich parallel um Hausarbeiten wie Kochen, Wäsche etc. gekümmert. Allein das Zubereiten von drei Mahlzeiten nahm viel Zeit in Anspruch und vergrößerte die Geschirrberge schier unermesslich. Aber schön war es zu sehen, dass unsere Kinder erzwungenermaßen noch enger zusammengewachsen sind und herrlich kreative Spielideen entwickelt haben. Da sind riesige Miniaturlandschaften und tolle Buden entstanden. Und die ausgebrannten Eltern wurden auch mal mit lustigen Tanzvorführungen und Rollenspielen aufgemuntert. Nach wenigen Wochen war jedoch klar, dass wir mit unserem Schichtsystem zwar gut für einen Sprint, aber keinesfalls für einen Marathon gerüstet waren. Das gemeinsame Familienleben kam viel zu kurz, denn ein Elternteil hat eigentlich immer gearbeitet. Neben der enormen Doppelbelastung kam ein großer innerer Konflikt dazu, weder den beruflichen Herausforderungen noch den Kindern den eigenen Ansprüchen entsprechend gerecht zu werden.

Hätte mehr Unterstützung geholfen?

Wir haben beide keine Familie vor Ort, die uns mit der Kinderbetreuung helfen könnte. Nach etwa zwei Monaten kam unser Sohn täglich für ein paar Stunden in die Notbetreuung. Nachdem die Kontaktbeschränkungen wieder gelockert wurden, hat man sich auch im Freundeskreis wieder etwas aushelfen können. Die Ferienbetreuung in den Sommerferien am HZI wurde leider kurzfristig abgesagt. Da hätten wir uns früher Planungssicherheit gewünscht. Die Aufhebung der Rahmenarbeitszeit, um flexible Arbeitszeiten zu ermöglichen, war auf jeden Fall eine Voraussetzung für unser Arbeitsmodell im Lockdown. Eine Änderung, die übrigens auch unabhängig von COVID-19 zur besseren Vereinbarkeit von Familie und Beruf beitragen würde.

Wie war die Arbeit in der Forschungsabteilung organisiert?

Viele Wissenschaftler haben auch vor der Corona-Pandemie teilweise von unterwegs oder zu Hause gearbeitet und waren somit auf die Homeoffice-Zeit mit Fernzugriff und Videokonferenzen vorbereitet. Leider gibt es dabei oft technische Probleme und häufig entwickelt sich nicht dieselbe Dynamik in Diskussi-

onen. Mit der schrittweisen Öffnung des HZI und dem sich bessernden Wetter im Sommer haben wir viele Besprechungen ins Freie verlegt. Eine besondere Belastung war die Zeit für die internationalen Mitarbeiter, die einerseits erleben mussten, welche Verheerungen die Pandemie in ihren Heimatländern verursacht hat, und andererseits häufig kein enges soziales Netzwerk vor Ort hatten. ■



DR. BERIT LANGE

Ärztin und Epidemiologin am HZI
*Verheiratet,
zwei Kinder, 9 und 4 Jahre alt*

Wie gelang es, Forschung und Homeschooling vom Hauptwohnsitz in Freiburg aus in der „heißen Phase“ unter einen Hut zu bringen?

Normalerweise arbeite ich von Montag bis Donnerstag im HZI und freitags im Homeoffice bei meiner Familie in Freiburg. Den ersten Lockdown habe ich als fordernd, spannend, aber auch anstrengend wahrgenommen. Ich habe in dieser Zeit mein Team deutlich erweitert, um Evidenzsynthese und impact assessment während der COVID-19-Pandemie angehen zu können. Gleichzeitig habe ich die Planung für die Antikörperstudie MuSPAD begleitet, Pressekommunikation übernommen und verschiedene Forschungsanträge auf den Weg gebracht. Ich wurde als systemrelevant eingestuft, mein Mann allerdings nicht, sodass wir keinen Anspruch auf Notbetreuung hatten. Den Großen mussten wir mit Wissen und Equipment ausstatten, um die verschiedenen virtuellen und analogen

Schulaufgaben zu meistern. Die Kleine musste sich viel selbst beschäftigen, was für eine Vierjährige nicht durchgehend möglich ist. Videokonferenzen mit Kind auf dem Schoß, spielend, quengelnd oder schreiend nebendran waren die Regel. Natürlich ist auch der Anteil an Haushaltsarbeit höher, wenn auf einmal alle den ganzen Tag zu Hause sind. Mein Mann, der eine Forschungsgruppe an einem Fraunhofer-Institut leitet, hat davon mehr als ich übernommen.

Wie sah der Alltag aus?

Typischerweise habe ich zwischen 6 und 8 Uhr mit der Arbeit begonnen und gegen 8:30 oder 9 Uhr mit meiner Familie kurz gefrühstückt. Ein Hauptteil des Tages war von Telefon- und Videokonferenzen geprägt, die eigentliche Schreib- und Rechenarbeit lief häufig erst abends oder am Wochenende. Gegen 12:30 haben wir ein schnelles Mittagessen gemacht, zwischen 18 und 20 Uhr zu Abend gegessen und die Kinder ins Bett gebracht. Von 20 bis 23 Uhr habe ich mich dann häufig wieder an die Arbeit gesetzt, natürlich gab es gelegentlich auch Nachtschichten. Am Wochenende habe ich den Vormittag Pause gemacht und erst am Nachmittag und Abend gearbeitet.

Welche Anekdote aus der Zeit bleibt in Erinnerung?

Wie ich aus Versehen in der Überlastung einen Waschtrockner an die falsche Adresse (statt nach Braunschweig nach Freiburg) geschickt habe ... Sehr zur Verwunderung meines Mannes, der nichts davon wusste und plötzlich eine Waschmaschine annehmen sollte – so dass er in eine recht hitzige Videokonferenz mit dem Satz reinplatze: „Sag mal, Berit, hast Du eine Waschmaschine bestellt?“ Das muss man dann internationalen Partnern in der Videokonferenz erst mal erklären... (sti, afi) ■

SPOT ON IM RÄDERWERK DER ZELLE

von Nicole Silbermann

Antoine-Emmanuel Saliba forscht dort, wo Infektionen ihren Anfang nehmen



Was genau geschieht bei Infektionen in der einzelnen Zelle? Wie, wo und wann wird der Stoffwechsel innerhalb infizierter Zellen verändert? „Wenn wir das besser verstehen lernen, können wir Ansatzpunkte für passgenaue und wirksame Therapien finden“, sagt Antoine-Emmanuel Saliba. Seit mehr als drei Jahren leitet er die Arbeitsgruppe Einzelzellanalyse am Helmholtz-Institut für RNA-basierte Infektionsforschung (HIRI), einem Standort des HZI. Um die Auswirkungen einer Infektion auf den Zellstoffwechsel sichtbar zu machen, vergleicht er gesunde und infizierte Zellen im Hinblick auf die in ihnen vorhandene RNA. RNA dient in der Zelle als Vorlage für die Herstellung von Proteinen und zeigt an, welche Gene aktiviert wurden. „Durch den Vergleich der RNA-Profile zwischen gesunden und infizierten Zellen können wir das zelluläre Räderwerk im Detail ausleuchten und feststellen, wann und an welchen Stellen es aus dem Takt gerät, und wo genau Krankheitserreger Sand ins Getriebe streuen“, erklärt Saliba.

Sein Weg zur Infektionsforschung auf der Ebene einzelner Zellen begann mit einem Bioengineering-Studium in Toulouse. „Bereits damals fesselten mich die mikro- und infektionsbiologischen Studienschwerpunkte ganz besonders“, sagt der 39-Jährige mit französisch-libanesischen Wurzeln. „Wie ticken Krankheitserreger? Wo greifen sie an? Wie tricksen sie unsere Zellen aus? Solche Fragen haben mich schon im Studium fasziniert.“ Während seiner Promotion am Institut Curie in Paris setzte Saliba zunächst einen anderen Schwerpunkt und entwickelte Systeme zur Analyse von Krebszellen. Im Anschluss ging er an das European Molecular Biology Laboratory in Heidelberg, wo er an Methoden zur Sichtbarmachung von Protein-Lipid-Wechselwirkungen forschte. „Das sind ganz wichtige Aspekte, um zu verstehen, wie Enzyme in unserem Körper agieren“, sagt Saliba. „Die biochemische Forschung war spannend, doch wollte ich in einem Bereich forschen und arbeiten, für den mein Herz schlägt – in der Infektionsforschung.“ Daher wechselte er 2013 an

das Institut für Molekulare Infektionsbiologie (IMIB) an der Universität Würzburg, wo er an der Etablierung der RNA-basierten Einzelzellanalyse beteiligt war.

Seit 2017 ist er am HIRI tätig und leitet ein sechsköpfiges Team, mit dem er den Machenschaften von Krankheitserregern in der Zelle auf die Spur kommen möchte. „Es gibt bakterielle Erreger, die in verschiedenen Zelltypen unerkannt überdauern und wiederkehrende Infektionen verursachen können“, sagt Saliba. „Das ist paradoxerweise sogar in Makrophagen der Fall, also in den Immunzellen, die eigentlich für die Vernichtung von Krankheitserregern zuständig sind.“ Um die dunklen Verstecke der Erreger in den Zellen aufzuspüren, kann die RNA-basierte Einzelzellanalyse im übertragenen Sinne die Scheinwerfer anknippen. „Die Veränderungen der RNA-Profile geben uns wichtige Hinweise, an welchen Stellschrauben die Erreger in den Zellen drehen, um über längere Zeit unerkannt zu bleiben“, sagt Saliba. „Mit der Einzelzellanalyse verfügen wir über ein wertvolles und vielversprechendes Werkzeug, um Infektionen künftig von einer neuen Seite effektiv angehen zu können.“

Während Saliba in seiner Forschung den Fokus ins Detail richtet, liebt er im Privaten den Überblick über das große Ganze: „Für mich gibt es nichts Schöneres als zu fliegen. Mein Traum ist es, bald meine Fluglizenz zu bekommen.“ Saliba lebt und arbeitet nun schon seit mehr als zehn Jahren in Deutschland. Vermisst er die französische Lebensart nicht dann und wann? „In kulinarischer Hinsicht manchmal schon“, lacht Saliba. „Das ist aber auch das Einzige. Die deutsch-französische Freundschaft lebe und erlebe ich jeden Tag – das ist wirklich großartig!“

NEUE BEFRAGUNG ZU PSYCHISCHEN BELASTUNGEN AM ARBEITSPLATZ

von Jennifer Fricke und Heike Kollmus

Fehltage aufgrund psychischer Erkrankungen nehmen immer weiter zu.
Regelmäßige Erfassungen der Belastung am Arbeitsplatz sollen dem vorbeugen

In der heutigen Arbeitswelt sind wir zunehmend psychischen Belastungen ausgesetzt. Häufige Stressfaktoren sind hoher Termindruck, mangelnde Kommunikation, Probleme in der hierarchischen Kooperation, Zunahme an Arbeitsintensität, Unplanbarkeit der Arbeitszeit und ständige Unterbrechungen bei der Ausführung der eigentlichen Aufgaben. Letztendlich steigt durch diese Belastungen die Zahl der Arbeitsunfähigkeitstage aufgrund psychischer Erkrankungen. Die Ergebnisse des aktuellen Psychoreports 2020 der Krankenkasse DAK-Gesundheit zeigen, dass die Zahl der Krankschreibungen aufgrund psychischer Leiden im Jahr 2019 einen neuen Höchststand erreicht hat. Auf 100 Versicherte kamen rund 260 Fehltage im Zusammenhang mit psychischen Erkrankungen. Somit ist die Anzahl dieser Fehltage von 2000 bis 2019 um 137 Prozent gestiegen (Quelle: Ärzteblatt.de). Seit Ende 2013 schreibt das Gesetz vor, dass Arbeitgeber eine Gefährdungsbeurteilung für psychische Belastungen durchzuführen haben. Ziel ist es, mithilfe dieser Beurteilung mögliche psychische Gefährdungen im Zusammenhang mit der Arbeit als solche zu erkennen und einordnen zu können.

Im nächsten Schritt sollen die Arbeitgeber Maßnahmen des Arbeitsschutzes ableiten, die diese Gefährdungen beseitigen oder bestmöglich reduzieren. Ein regelmäßiges Erfassen psychischer Belastungen soll so die Arbeitsbedingungen kontinuierlich verbessern.

Am HZI befasst sich eine Steuergruppe mit den psychischen Belastungen am Arbeitsplatz. Sie besteht aus jeweils zwei von der Geschäftsführung und dem Betriebsrat entsendeten Personen und hat die Aufgabe, die Durchführung der Gefährdungsbeurteilung zu planen, zu initiieren und zu organisieren. Derzeitige Mitglieder der Steuergruppe sind Jennifer Fricke (Betriebsrat), Heike Kollmus (Qualitätsmanagement), Carsten Strömpl (Fachkraft für Arbeitssicherheit) und Thomas Twardoch (Betriebsrat). Die Steuergruppe arbeitet mit dem Leiter der Personalabteilung, der Schwerbehindertenvertretung, der Gleichstellungsbeauftragten, der Leitung des Familienbüros, der Leitung des AK Suchtprävention, der Betriebsärztin sowie mit Vertretern der Mitarbeiter zusammen.

Die nächste Erfassung der psychischen Belastungsfaktoren steht am HZI im Frühjahr 2021 an. Dazu wird eine Online-

Umfrage mit dem Tool COPSOQ (Copenhagen Psychosocial Questionnaire) durchgeführt, die eine Grobanalyse zur Messung der psychischen Belastung erlaubt. Sie enthält Fragen aus verschiedenen Kategorien: Arbeitsorganisation, Arbeitsinhalt, Arbeitsmittel und -umgebung, soziale Beziehungen sowie Zusatzfragen zu der veränderten Arbeitssituation bedingt durch die Coronapandemie. Die gewonnenen Ergebnisse können sowohl HZI-intern als auch mit 120.000 hinterlegten Datensätzen aus Wirtschaftsunternehmen und anderen öffentlichen Einrichtungen verglichen werden. Die Teilnahme an der Befragung ist für alle Beschäftigten freiwillig. Ein externer Dienstleister wertet die Fragebögen anonym aus und stellt allen Teilnehmenden das jeweils persönliche Ergebnis online zur Verfügung. Nach der Auswertung der Grobanalyse unterstützen ebenfalls externe Berater bei Bedarf mit Feinanalysen, zum Beispiel in Form von Workshops oder Interviews. Basierend auf den dort erhaltenen Ergebnissen schlägt die Steuergruppe der Geschäftsführung mögliche Maßnahmen zur Umsetzung vor, die Belastungen vorbeugen, sie reduzieren oder im besten Fall vollständig beheben sollen.

Um repräsentative Ergebnisse zu erhalten und somit eine größtmögliche Verbesserung für alle Beschäftigten erreichen zu können, ist die Beteiligung aller HZI-Beschäftigten wichtig. Daher bitten die Steuergruppe, der Betriebsrat und die Geschäftsführung darum, sich die Zeit für die Gesundheit zu nehmen und an der Umfrage teilzunehmen. Eine Einladung erhalten die HZI-Beschäftigten im Frühjahr 2021 per Mail von der Steuergruppe, die auch gern für Rückfragen bereitsteht.



NACHRICHTEN

AUSGEZEICHNET



Rolf Müller, geschäftsführender Direktor des Helmholtz-Instituts für Pharmazeutische Forschung Saarland (HIPS) und Leiter der Abteilung „Mikrobielle Naturstoffe“, hat den Gottfried Wilhelm Leibniz-Preis 2021 erhalten. Damit würdigt die Deutsche Forschungsgemeinschaft Müllers herausragende Leistungen in der Naturstoffforschung und der biomedizinischen Mikrobiologie. Mit einer Fördersumme von bis zu 2,5 Millionen Euro über sieben Jahre ist der Leibniz-Preis die höchstdotierte Auszeichnung, die in Deutschland regelmäßig an Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler vergeben wird.

STIPPVISITE DER NOBELPREISTRÄGERIN



„Endlich“, werden viele gesagt haben, als **Emmanuelle Charpentier** den Nobelpreis für Chemie 2020 für ihre bahnbrechenden Arbeiten an der Genschere CRISPR-Cas9 erhalten hat. Nur wenige Tage nach der Bekanntgabe besuchte Charpentier kurz das HZI, an dem sie von 2013 bis 2015 die Abteilung „Regulation in der Infektionsbiologie“ leitete. „Ich bin überwältigt und fühle mich zutiefst geehrt, einen Preis von so hoher Bedeutung zu erhalten“, sagte sie. Das HZI gratuliert herzlich!

MY CORONA

Das HZI-Sommerfest 2020 musste aufgrund der COVID-19-Pandemie virtuell als Videokonferenz stattfinden. Fester Bestandteil war der mittlerweile traditionelle Fotowettbewerb, aus aktuellem Anlass diesmal unter dem Motto „My Corona: Bilder aus einer ungewöhnlichen Zeit“. Die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter wählten diese Fotos auf die ersten Plätze:

1. PLATZ: Berenike Henneberg (FC)



2. PLATZ: Diego Ortiz (MIKI)



3. PLATZ: Khadija Hassan (MWIS)

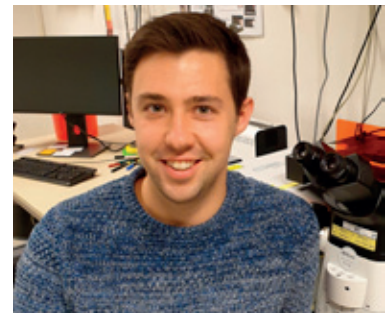


NEUE VERTRETUNG

Im Jahr 2021 werden die Promovierenden des HZI von **Jany Heisig** (VAC), **Marco Kirchenwitz** und **Christopher Lambert** (beide MZBI) vertreten. Kirchenwitz war bereits im Vorjahr Sprecher der Doktorandeninitiative DO IT, Heisig und Lambert folgen nun auf Carsten Peukert und Arne Bublitz. Gemeinsam mit der Graduiertenschule vertritt DO IT die Interessen der Promovierenden und setzt sich für die Einhaltung der Qualitätsstandards sowie eine stetige Verbesserung der Arbeitsbedingungen während der Promotion ein.



Jany Heisig



Marco Kirchenwitz



Christopher Lambert