

RNA in der medizinischen Diagnostik, Prävention und als Anti-Infektiva nutzbar machen

Innovative Anwendungstechniken entwickeln

ÜBER DAS HIRI

Das Helmholtz-Institut für RNA-basierte Infektionsforschung (HIRI) ist die erste Einrichtung weltweit, die die Forschung an Ribonukleinsäuren (RNA) mit der Infektionsbiologie vereint.

Auf Basis neuer Erkenntnisse aus unserem starken Grundlagenforschungsprogramm wollen wir innovative therapeutische Ansätze entwickeln, um menschliche Infektionen besser diagnostizieren und behandeln zu können.

Das HIRI ist ein Joint Venture des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) in Braunschweig und der Julius-Maximilians-Universität Würzburg (JMU) und befindet sich auf dem Würzburger Medizin-Campus.

KONTAKT

Helmholtz-Institut
für RNA-basierte Infektionsforschung (HIRI)
Josef-Schneider-Str. 2 / Gebäude D15
97080 Würzburg
Deutschland

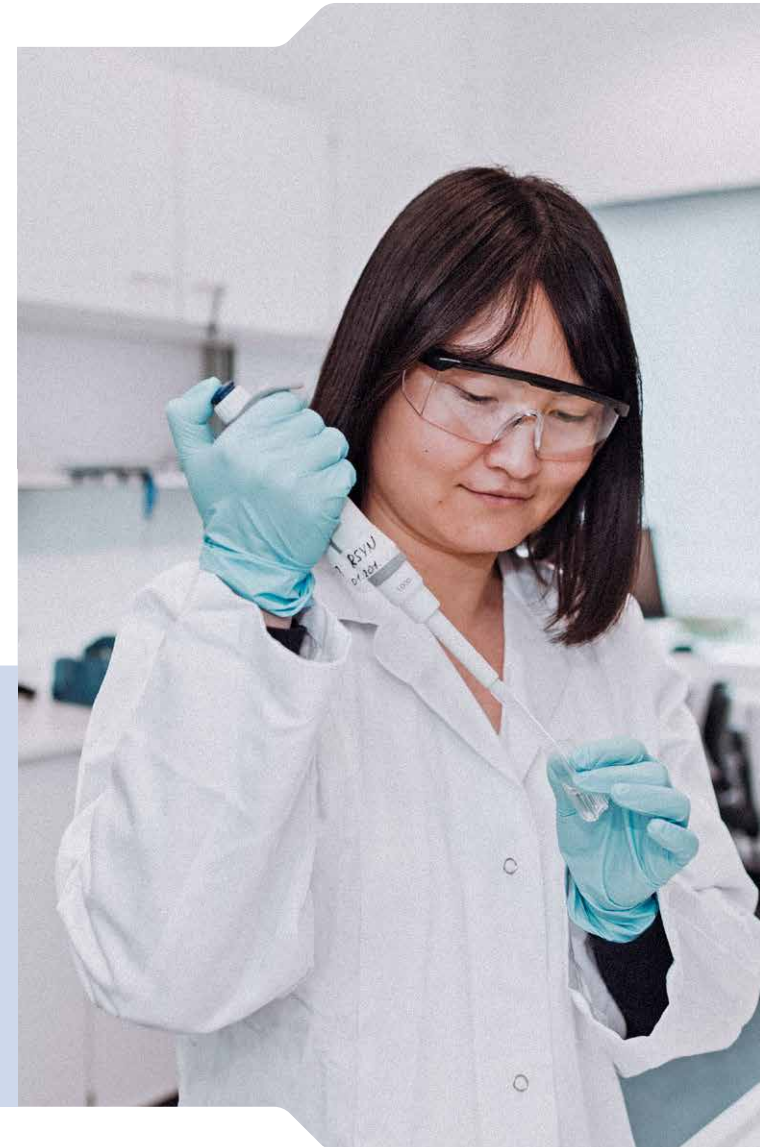
+49 931 31 89587
info@helmholtz-hiri.de
www.helmholtz-hiri.de

@Helmholtz_HIRI



ANFAHRT
QR-Code scannen

HIRI HELMHOLTZ
Institut für RNA-basierte Infektionsforschung



WIR WOLLEN:

Infektionen auf Ebene einzelner Zellen entschlüsseln

Regulatorische Ribonukleinsäuren (RNA) in Infektionen verstehen

RNA-basierte Mechanismen bei der Infektion mit Viren und während der Immunabwehr identifizieren

Einrichtung des

HZI HELMHOLTZ
Zentrum für Infektionsforschung

In Kooperation mit

Julius-Maximilians-
**UNIVERSITÄT
WÜRZBURG**

#RNAexcellence

**RNA-BASIERTE
INFEKTIONSFORSCHUNG
AUS WÜRZBURG**

FORSCHUNGSGRUPPEN AM HIRI



**Prof. Dr.
Jörg Vogel**

RNA-Biologie
von bakteriellen
Infektionen

Die Arbeitsgruppe von **Jörg Vogel** erforscht das Spektrum der Ribonukleinsäuren (RNA) von Mikroben in ihrer natürlichen Umgebung sowie bei Infektionskrankheiten. Die Forscher:innen wollen besser verstehen, wann, wie und warum Bakterien RNA-basierte Mechanismen nutzen, um ihre Gene zu regulieren. Dieses Wissen dient als Grundlage, um neuartige therapeutische Ansätze zu entwickeln.



**Prof. Dr.
Chase Beisel**

Biologie
synthetischer RNA

Chase Beisels Team erforscht, wie bakterielle CRISPR/Cas-Immunsysteme funktionieren. Es untersucht diese Art der Immunabwehr mithilfe von zellfreien Methoden sowie in *E. coli* und anderen Bakterien. Das Ziel ist es dabei, neue Technologien zu entwickeln. Jüngster Coup der Gruppe ist LEO-PARD, ein neuartiges (Corona-) Testverfahren, das die medizinische Diagnostik revolutionieren kann.



**Dr. Antoine-
Emmanuel Saliba**

Einzelzellanalyse

Die Gruppe von **Emmanuel Saliba** analysiert auf Einzelzebene, wie Krankheitserreger mit dem menschlichen Wirt interagieren. Dabei untersucht das Team RNAs und wie sie in der Zelle verwendet werden. Die Gruppe will mit ihrer Forschung dazu beitragen, die Heterogenität von Krankheitsverläufen besser zu verstehen. Sie ist außerdem Teil des Single-Cell Centers Würzburg.



**Jun.-Prof. Dr.
Lars Barquist**

Integrative Informatik
der Infektionsbiologie

Lars Barquist und sein Team entwickeln neue Methoden in den Bereichen Statistik, Bioinformatik und Visualisierung. Die Forscher:innen wenden modernste Verfahren wie Maschinenlernen und KI (Künstliche Intelligenz) an, um unser Verständnis von Krankheitserregern zu verbessern. Ihr Ziel ist es, bisherige Limitationen bei der Interpretation komplexer Datensätze zu überwinden.

Neva Caliskans Gruppe untersucht die Funktion und Dynamik von Ribonukleinsäuren (RNA) bei Infektionen. Die Wissenschaftler:innen arbeiten unter anderem mit Corona- sowie mit Retroviren (wie z.B. HIV). Sie erforschen, wie sich diese Viren verhalten und vermehren, und sie entwickeln Methoden, um virale RNA-Komplexe und die Proteinherstellung im Detail zu verstehen.

Redmond Smyth und sein Team ergründen, wie sich Viren vermehren und entwickeln, deren Erbgut aus RNA besteht. Bei ihrer Arbeit setzen sie auf molekulare Virologie, RNA-Biochemie und mathematische Modelle. Ziel der Forscher:innen ist es, im Kampf gegen Viren essenzielle RNA-Strukturen zu identifizieren und zu verstehen, damit Pandemien künftig besser begegnet werden kann.

Alexander Westermanns Arbeitsgruppe erforscht das komplexe Zusammenspiel von menschlichen Immunzellen, dem Mikrobiom des Darms und eindringenden Krankheitserregern bei Infektionen. Ihre Forschung zielt darauf ab, sogenannte nicht-kodierende Ribonukleinsäuremoleküle (ncRNA) und RNA-bindende Proteine zu identifizieren und deren Funktion zu entschlüsseln.

Das Team von **Mathias Munschauer** kategorisiert die funktionell wichtigsten Interaktionen von viraler RNA und Proteinen des Wirts. Der Fokus liegt unter anderem auf sogenannten langen nicht-kodierenden RNAs (lncRNAs) und den RNA-Genomen von Viren wie SARS-CoV-2. Die Wissenschaftler:innen arbeiten mit Technologien der Biochemie, Genomik, Molekularbiologie und Bioinformatik.



**Jun.-Prof. Dr.
Neva Caliskan**

Rekodierungs-
mechanismen
in Infektionen



**Jun.-Prof. Dr.
Redmond Smyth**

Genom-Architektur
und Evolution
von RNA-Viren



**Jun.-Prof. Dr.
Alexander Westermann**

Wirt-Pathogen-
Mikrobiota-
Interaktionen



**Jun.-Prof. Dr.
Mathias Munschauer**

LncRNA und
Infektionsbiologie