



Zentrale COFONI-Technologieplattform

Den strukturellen Kern im Forschungsverbund COFONI bildet eine **zentrale Technologieplattform**, die übergreifende Methoden und Tiermodelle sowie Daten- und Biobanken mit maximaler Effizienz für alle Beteiligten zur gemeinsamen Nutzung zur Verfügung stellt. Die **Säulen der Technologieplattform** werden im Folgenden einzeln vorgestellt:

1. [Tiermodelle und Testsysteme \(Ansprechpartner*innen\)](#),
2. [Forschungsbiobanken \(Ansprechpartner*innen\)](#) und
3. [Forschungsdatenbank \(Ansprechpartner*innen\)](#).

Für die Einbindung der zentralen Technologieplattform in Projektvorhaben sind die jeweiligen lokalen Ansprechpartner*innen der Einrichtungen vorab zu kontaktieren. In Absprache mit den Verantwortlichen ist zu klären, inwiefern zusätzliche Kosten für die Leistungen in den Projektantrag aufgenommen werden müssen. Umfangreiche, über die Beratung und Bereitstellung der Basisinfrastruktur hinausgehende Leistungen der Technologieplattformen (z.B. Nutzung von High Performance/ GPU-Clustern für Datenanalysen, FAIR-konforme Modellierung und Abstimmung neuer Datenmodelle jenseits des German Corona Consensus Datasets GECCO oder Durchführung von Projekt-spezifischen Tierversuchen) müssen nach Beratung in die Budgetplanung der Vorhaben aufgenommen werden.

1. Tiermodelle und Testsysteme

Zur interdisziplinären Bearbeitung der in den verschiedenen Schlüsselbereichen bearbeiteten SARS-CoV-2 Forschungsfragen stellt die **Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo)** allen Projektpartnern innerhalb des Netzwerks die hochmodernen Laboratorien und Tierstallungen für BSL-3-Versuche an dem **Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ)** im Rahmen von Kooperationsprojekten zur Verfügung. Die umfangreiche logistische Ausstattung der BSL-3-Tierhaltung und die Expertisen-reiche Erfahrung im Umgang mit entsprechenden Erregern wie auch SARS-CoV-2 weist diese TiHo-Einrichtung als einen zentralen Partner dieser Initiative aus. Das RIZ mit seinen BSL-3-Laboren besitzt ein mehrstufiges Sicherheitssystem inkl. thermische Abwasseranlage und doppelter HEPA-Filterung einzelner Labortrakte, die verhindern, dass die Erreger ins Freie gelangen. Die technischen Systeme und Geräte wurden in einer längeren Testphase überprüft, Arbeitsabläufe, Wartungs- und Notfallprozesse intensiv validiert und trainiert. Seit Januar 2020 haben das BSL-3-Labor und auch die BSL-3-Tierhaltungen den Betrieb im Umgang mit humanpathogenen Aerosol-übertragbaren Erregern aufgenommen. Umfangreiche Arbeiten in den BSL-3-Laboren des RIZ werden dort von zahlreichen renommierten Wissenschaftlern unter der Koordination von Frau Prof. Maren von Köckritz-Blickwede als Leiterin für wissenschaftliche Administration und Biosicherheit sowie von Herrn Prof. Ab Osterhaus als wissenschaftlicher Direktor, ein weltweit anerkannter Experte auf dem Gebiet der Coronavirus-Forschung insbesondere bezüglich SARS-CoV-1 und MERS-CoV, durchgeführt.

Im RIZ werden außerdem verschiedene experimentelle Tiermodelle in Frettchen, Hamstern und Mäusen in den BSL-3-Laboren etabliert und für Studien für die Testung von Impfstoffen und neuen



antiviralen Strategien eingesetzt. Für die Durchführung dieser Tierversuche ist ein höchstmöglicher Standard im Sinne des Tierschutzes und der Biosicherheit erforderlich. Die beteiligten Wissenschaftler*innen wie Frau Prof. Asisa Volz, Herr Prof. Wolfgang Baumgärtner, Frau Prof. Maren von Köckritz-Blickwede, Herr Prof. Guus Rimmelzwaan, und Herr Prof. Ab Osterhaus verfügen über die fachliche Expertise und auch institutionelle Voraussetzung mit modernsten Gebäudetechnologien, um diesen Standards gerecht zu werden.

Zur Unterstützung der im Forschungsnetzwerk COFONI bearbeiteten Fragestellungen werden die bisher etablierten SARS-CoV-2 Tiermodelle unter der Federführung von Frau Prof. Volz und von Prof. Köckritz-Blickwede als Leitung der Technologieplattform weiter für die projekt-spezifischen Bedingungen optimiert, um eine bestmögliche Ergänzung zu den in Patient*innen generierten Forschungsergebnissen zu ermöglichen. Hierzu gehört die zusätzliche Entwicklung von SARS-CoV-2-Tiermodellen, die besondere pathophysiologischen Bedingungen beim Menschen, wie (1) spezifische Vorerkrankungen/Immunsuppression, (2) Alter oder auch Long/Post COVID-Pathologien widerspiegeln. Diese Modelle werden im Rahmen der zentralen Infrastruktur etabliert und den Partnern in COFONI inkl. der Expertise zur SARS-CoV-2-spezifischen Tierversuchsdurchführung zur Verfügung gestellt. Die TiHo kann als Partner die Logistik und Durchführung von Tierversuchen unter BSL-3-Bedingungen inklusive pathologischer Untersuchungen durch das Institut für Pathologie unter der Leitung von Prof. Wolfgang Baumgärtner allen Partnern in COFONI im Rahmen von Kooperationsprojekten anbieten, und somit eine Plattform für die regionale Forschung liefern. Auf diese Weise kann die Testung von Wirkstoffen und Impfstoffen schnellstmöglich umgesetzt werden. Die Analyse in solchen Tiermodellen wird essentiell sein, um die in COFONI generierten Daten für die Etablierung von neuen Diagnostikmethoden sowie für die Entwicklung von neuen Therapeutika und Impfstoffen im Menschen einzusetzen.

Ein weiterer wesentlicher Teil dieses standortübergreifenden Zentral-Projektes „Tiermodelle“ ist am **TWINCORE – Zentrum für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung** angesiedelt und wird von Herrn Prof. Ulrich Kalinke vertreten. Bereits vor der Etablierung der COFONI-Technologieplattform wurde eine Technologieplattform im Bereich gentechnisch veränderter Mäuse vorgehalten, die gemeinsam von MHH und HZI getragen und professionell organisiert wird. Für COFONI von besonderer Bedeutung sind am TWINCORE gezüchtete und entwickelte Mausmodelle der SARS-CoV-2 Infektion. Bereits früher hergestellte transgene Mäuse, die den humanen Rezeptor von SARS-CoV-2, das *angiotensin converting enzyme 2* (ACE2), exprimieren, bei dem es sich um ein wichtiges Enzym der Blutdruckregulation und des Renin-Angiotensin-Systems (RAS) handelt, werden mit einer Tamoxifen-induzierbaren Deletion des Typ I Interferon Rezeptors (IFNAR) auf Typ II Pneumozyten der Lunge kombiniert (Sftpc-Cre^{ER}IFNAR^{fl/fl}). Auf diese Weise soll die Infizierbarkeit mit SARS-CoV-2 von Typ II Pneumozyten, bei denen es sich um eine wichtige Zielzelle von SARS-CoV-2 in der Lunge des Menschen handelt, in der Maus weiter erhöht werden. So können den Partnern in COFONI für die verschiedenen Fragestellungen qualitätskontrollierte transgene Mausmodelle der SARS-CoV-2 Infektion zur Verfügung gestellt werden.

Nicht-menschliche Primaten (NHP) sind genetisch, immunologisch und physiologisch dem Menschen näher verwandt als Nager und Frettchen und bilden bestimmte Aspekte der COVID-19 Erkrankung besser ab als Kleintiermodelle. Wichtige Hypothesen, die in Zellkultur und/oder Kleintiermodellen erarbeitet wurden, müssen daher in NHP-Modellen überprüft werden. Insbesondere die Immunsysteme von NHP und Mensch weisen starke Ähnlichkeiten auf. NHP sind daher besonders geeignet, um aufzuklären, welche Prozesse für den Aufbau einer protektiven Immunantwort gegen SARS-CoV-2 wichtig sind und wie diese Prozesse durch das Virus gestört werden. Mit Hilfe von NHP-



Modellen konnten bereits zu Beginn der Pandemie zentrale Einsichten in die SARS-CoV-2 Ausbreitung im Wirt und Pathogenese sowie deren Hemmung durch Impfstoffe, Medikamente und Antikörper gewonnen werden.^{1,2} Auch heute sind NHP-Modelle von großer Bedeutung für die Analyse von u.a. Impfstoffkandidaten und rekombinanten, neutralisierenden Antikörpern und werden eingesetzt, um Virus-Vermehrung und Pathologie nach der akuten Phase der Infektion zu untersuchen.

Die Abteilung Infektionsbiologie des **Deutschen Primatenzentrums – Leibniz-Institut für Primatenforschung (DPZ)** wird von Prof. Stefan Pöhlmann geleitet und hat wichtige Beiträge zur Erforschung der SARS-CoV-2-Infektion geleistet, u.a. die Entdeckung von ACE2 als Rezeptor für SARS-CoV-2 und TMPRSS2 als aktivierende Protease.³ Zusammen mit der Abteilung Versuchstierkunde, geleitet von Prof. Rabea Hinkel, und Partnern an der TiHo, insbesondere Prof. Ab Osterhaus, hat die Abteilung Infektionsbiologie die SARS-CoV-2 Infektion von Rhesusaffen etabliert. Dieses Modell bildet einen milden Verlauf einer SARS-CoV-2 sehr gut ab⁴ und wurde erfolgreich eingesetzt um u.a. die antivirale Wirkung eines rekombinanten, neutralisierenden Antikörpers zu demonstrieren. Parallel zur TiHo werden Modelle etabliert, die Vorerkrankungen und Immunschwächen abbilden. Außerdem sollen auf der Basis von Vektor-Technologien und DPZ-lizensierter virus-like particle (VLP) Technologie Methoden⁵ etabliert werden, die es erlauben, die Expression von Wirtszellfaktoren im Respirationstrakt gezielt zu modulieren. Dieser Ansatz kann wesentlich dazu beitragen, zelluläre Faktoren als Angriffspunkte für die COVID-19 Therapie zu identifizieren. Die entsprechenden Tiermodelle werden innerhalb der Infrastruktur etabliert und Partnern im Konsortium im Rahmen einer Zusammenarbeit zur Verfügung gestellt. Dabei übernimmt das DPZ die Planung und Durchführung der NHP-Arbeiten, einschließlich der virologischen und immunologischen Analyse der Tiere, und berät und unterstützt bei der Stellung von Tierversuchsanträgen.

Vor der Erprobung im Tiermodell muss die Wirksamkeit niedermolekularer Substanzen und Biotherapeutika in targetbasierten und zellulären Assays belegt werden. Ebenso müssen ausreichende pharmakokinetische Eigenschaften vorliegen. Insbesondere für die Findung guter niedermolekularer Leitstrukturen ist die Profilierung einer hohen Zahl vonnöten. Das **Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI)** ist im Rahmen der europäischen Infrastruktur EU OPENSOURCE ein spezialisiertes Zentrum für infektionsrelevante Assays unter S2- und S3-Bedingungen. Die vorhandene Infrastruktur und Technologie wurde im Rahmen des COFONI-Projektes ausgebaut, um Wirksubstanzen gegen SARS-CoV-2 in einer zellulären Assay-Kaskade zu profilieren. Dabei kommen neben einem Hochdurchsatz-Primärassay im 384er Mikrotiterplattenformat ein Plaque-basierter Sekundärassay zum Einsatz. Es stehen mehrere Zelllinien und Viren zur Verfügung. Die Infrastruktur wird Substanzen aus dem COFONI-Netzwerk und von anderen nationalen und internationalen Partnern profilieren. Falls größere Zahlen von Wirksubstanzen gefunden werden, werden diese nach Industriestandards anhand von chemischen und biologischen Daten gefiltert und priorisiert. Darüber hinaus wird bioanalytische Kapazität zur Verfügung gestellt, um die Wirkstoff-Konzentrationen und pharmakokinetische Parameter aus den oben beschriebenen Tiermodellen über hochempfindliche Triple-Quadrupol-Massenspektrometrie zu bestimmen.

¹ Baum *et al* (2020), Science, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33037066>

² Munster *et al* (2020), Nature, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32396922>

³ Hoffmann *et al* (2020), Cell, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32142651>

⁴ Rockx *et al* (2020), Science, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32303590>

⁵ Hoffmann *et al* (2016), Mol Ther Nucleic Acids, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27003757>



2. Forschungsbiobanken

Biobanken sind für die Sammlung, Verarbeitung, Lagerung und Herausgabe von Bioproben zuständig und bilden somit die Grundlage eines großen Teils der medizinischen Forschung. Entscheidend für zukünftige Analysen ist dabei die Qualität und die Standardisierung der Prozesse. Biobanken sind die Grundlage für unterschiedliche Forschungsprojekte innerhalb von COFONI.

Die **Hannover Unified Biobank (HUB)** ist die zentrale Biobank der **Medizinischen Hochschule Hannover (MHH)**. Sie wurde 2012 etabliert, um eine Infrastruktur für die standardisierte Sammlung und Lagerung von qualitativ hochwertigen Bioproben und assoziierten Daten zu schaffen. Über die Jahre expandierte die Biobank und unterstützt inzwischen viele deutschlandweite, multizentrische Studien. Geleitet von Prof. Thomas Illig entwickelte sich die HUB zu einer der größten state-of-the-art Biobanken in Deutschland und verwaltet heute etwa 3,22 Mio. verschiedenster Bioproben für eine Bandbreite an Krankheiten.

Die **Zentrale Biobank der Universitätsmedizin Göttingen (UMG)** wurde 2015 als zentrale Serviceeinrichtung der UMG zur Unterstützung der medizinischen Forschung gegründet. Durch die enge Zusammenarbeit mit dem UMG-Labor (Zentrallabor) und den Instituten für Pathologie und Neuropathologie wurden die Prozesse zur Gewinnung und Verarbeitung von flüssigen und festen Bioproben sowie die parallele Datengewinnung standardisiert. Um die Bioproben mit klinischen Daten von Patient*innen anzureichern, tauscht sie sich eng mit dem Medizinischen Datenintegrationszentrum aus. Sie unterstützt nationale sowie internationale multizentrische Studien und bietet gleichzeitig eine prospektive Sammlung von Bioproben und Daten, auf die Forschende zugreifen können.

Seit 2017 sind die Zentrale Biobank UMG und die HUB Mitglieder der German Biobank Alliance (GBA), einem deutschen Biobankenexzellenznetzwerk, das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gefördert wird. Heute sind mehr als 30 Biobanken von Universitätskliniken und ein IT-Expertenzentrum Mitglieder der GBA. Die Mitglieder haben einheitliche Qualitätsstandards etabliert und stellen Bioproben für verschiedene nationale und internationale Forschungsprojekte zur Verfügung. Seit 2017 ist Prof. Thomas Illig stellvertretender Sprecher der GBA. Weiterhin ist er einer von fünf Koordinatoren des Nationalen Forschungsnetzwerk der Universitätsmedizin im Bereich „Kohorten und Biobanking“ (NAPKON). PD Dr. Sara Nußbeck ist Mitglied des GBA Steering Committees und leitet das GBA Teilprojekt *Education and Training*.

Im Rahmen des Netzwerks Universitätsmedizin (NUM) wurde das Nationale Pandemie Kohorten Netz (NAPKON) gefördert, das deutschlandweit an 36 Standorten Patient*innen zur Erforschung von COVID-19 rekrutiert und die erhobenen Bioproben lokal lagert. Die Patient*innen werden in drei Kohortenplattformen, die hochauflösende Plattform (HAP), die sektorenübergreifende Plattform (SÜP) oder die populationsbasierte Plattform (POP) aufgenommen und longitudinal bis drei Jahre nach Infektion begleitet. NAPKON stellt die erhobenen Daten und Bioproben für Forschungsvorhaben über ein Use & Access Verfahren zur Verfügung. Die verschiedenen NAPKON Infrastrukturkerne bearbeiten im Anschluss bewilligte Anträge und stellen die benötigten Daten und Bioproben bereit. Die HUB ist dabei Teil der Infrastruktur und als Bioprobenkern für die Anforderung der beantragten Bioproben von den einzelnen Standorten verantwortlich und sendet die Bioproben gesammelt an die Antragssteller. Die UMG beteiligt sich für den Standort Göttingen mit bislang 118 eingeschlossenen Patient*innen (Platz 5 der für SÜP rekrutierenden universitären Standorte) an der Bioprobensammlung der SÜP und die HUB ist an der Bioprobensammlung für den Standort Hannover



in der HAP beteiligt. Prof. Thomas Illig ist PI in NAPKON, Sprecher des Bioprobenkerns und im Lenkungsausschuss sowie Use & Access Komitee tätig.

Die NAPKON Kohorte umfasst derzeit insgesamt 6.715 Patient*innen mit über 500.000 Bioproben. Zu den gesammelten Bioproben wird ein umfangreicher Datensatz nach dem „German Corona Consensus“ (GECCO) mit klinischen Daten, Diagnostik, Interventionen, demografischen Daten, Behandlungen, Bildgebungsdaten und nach Bedarf spezifischen Datensätzen (Pädiatrie, Neurologie etc.) erhoben. 2.520 Patient*innen der Kohorte wurden systematisch für Baseline, Akutverlauf und 3-Monats-Followup charakterisiert. Laufende Analysen dieser Charakterisierung umfassen eine Genotypisierung mit GSA-Chips, Transkriptomik und epigenetisches Profiling mit EPIC Array, ATAC-seq und ChIP-seq, Proteomik, Metabolomik und ein Zytokinpanel sowie Virustypisierung, Serum-PCR und serologische Untersuchungen der Spike-, Nukleokapsid- und Neutralisierenden Antikörper. Im Anschluss werden 600 Patient*innen des analysierten Kollektivs anhand eines Post-COVID-Syndrom-Scores ausgewählt und deren 12-Monats-Followup ebenfalls molekular charakterisiert. Die geplanten Analysen umfassen hierbei Transkriptomik und epigenetisches Profiling mit EPIC Array, ATAC-seq und ChIP-seq, Proteomik, Metabolomik und ein Zytokinpanel. Alle erzeugten Ergebnisse dieser Analysen können beim Use und Access Verfahren in NAPKON beantragt werden.

Durch Mittel des Niedersächsischen Ministeriums für Wissenschaft und Kultur (MWK) entsteht seit 2020 an der HUB unter Leitung von Prof. Thomas Illig zusätzlich eine longitudinale COVID-19 Kohorte mit breiten klinischen Daten und diversen Bioproben. Zusätzliche Daten und Bioproben fließen aus dem Standort Göttingen (PD Dr. Sara Nußbeck, Zentrale Biobank UMG) ein. Zusammen stehen somit Daten und Bioproben von mehr als 400 Patient*innen zur Verfügung. Die Kohorte am Standort Hannover wird durch vorhandenes Studienpersonal je nach Anzahl der Infizierten weitergeführt und ständig vergrößert.

Die Bioprobensammlung mit MWK-Finanzierung umfasst aktuell allein in Hannover über 30.000 Proben und mehr als 10% davon wurden bereits zur Analyse an eine Vielzahl von Arbeitsgruppen vergeben. Die molekulare Charakterisierung der Kohorte wurde dabei zum Teil von den Instituten in Eigenleistung realisiert, sowie im Rahmen von Cofoni-Projekten. (i) Genomsequenzierungen wurden von 140 Patient*innen und Transkriptomsequenzierungen von 210 klinisch relevanten Zeitpunkten durchgeführt. Die generierten Omics-Daten wurden bereits im Rahmen der Deutschen COVID-19 OMICS Initiative (Decoi) sowie der Host Genetics Initiative (HGI) publiziert und aktuell arbeiten drei weitere Arbeitsgruppen an der Analyse der Daten. (ii) Das Epigenom von 227 klinisch relevanten Zeitpunkten wurde longitudinal charakterisiert und soll zusammen mit den Genom- und Transkriptomdaten sowie den klinischen Daten integrativ analysiert werden. (iii) Weiterhin wurden mittels optischer Genomkartierung strukturelle Varianten in 60 Patient*innen untersucht und bereits erste Ergebnisse publiziert. (iv) Genomische Varianten wurden im Rahmen einer internationalen Genome Wide Association Study (GWAS) untersucht und publiziert. (v) Die Immunreaktion der Kohorte wurde anhand von Zytokinen und Leukozytenpopulationen aus Plasmaproben charakterisiert, und (vi) die heterologe Immunität der Kohorte anhand von B- und T-Zellpopulation mittels Peripherer Mononukleärer Blutzellen (PBMCs) von 128 Zeitpunkten untersucht. (vii) Das Transkriptom bestimmter Zelltypen wurde anhand von Single-Cell-Sequencing analysiert. (viii) In weiteren Projekten werden u. a. zirkulierende non-coding RNAs untersucht und die Metabolomprofile von long-COVID Patient*innen im Vergleich zu rekonvaleszenten Patient*innen analysiert. Die Projekte können dabei auf einen umfangreichen Satz klinischer Daten zurückgreifen, der in Anlehnung an den *German Corona Consensus* (GECCO) -Datensatz und den WHO *clinical progression scale* zusätzlich für alle schweren und mittelschweren Visiten erfasst wurden, sowie einen



ausführliche Post-COVID-Datensatz, der von der Pneumologie der MHH etabliert wurde. Verbleibende Lücken in der Charakterisierung der Kohorte, insbesondere bei der Untersuchung von Post-COVID Visiten, können weiterhin im Rahmen des Forschungsnetzwerks COFONI geschlossen werden. Die Analysen werden dabei an den Standorten Hannover und Göttingen entsprechend ihrer Expertisen durchgeführt. Die Datensammlung wird kontinuierlich erweitert.

Mit der engen Bindung der Biobanken in Göttingen und Hannover zur GBA wird somit Expertise im Qualitätsmanagement und der Harmonisierung nach nationalen und internationalen Standards bereitgestellt. Die beiden Biobanken bereiten die Proben entsprechend auf (z.B. Extraktion von DNA und RNA oder Herstellung von Zellkulturen) und versenden die Proben an Forschende für die Charakterisierung. Die molekularen Daten können in der HUB im BIMS (Biobank Information Management System) strukturiert gespeichert werden. Dies geschieht in enger Abstimmung mit der Medizininformatik und den Rechenzentren der beteiligten Einrichtungen.

3. Forschungsdatenbank

Alle Forschungsdaten, die im Rahmen der über COFONI geförderten Projekte erhoben und verarbeitet werden und für eine Wiederverwertung relevant sind, werden nach den gängigen FAIR-Kriterien (findable, accessible, interoperable and reusable) für Forschungsdatenmanagement nach Guter Wissenschaftlicher Praxis modelliert bzw. mit Metadaten versehen und bereitgestellt, so dass sie den Forscher*innen im Forschungsnetzwerk COFONI standortunabhängig zur Verfügung stehen. Dazu wurde durch die beiden beteiligten **Universitätskliniken UMG und MHH** eine gemeinsam nutzbare Datenbankinfrastruktur in COFONI aufgebaut. Der weitere Ausbau erfolgt bedarfsorientiert und in enger Abstimmung mit dem Zukunftslabor „Gesundheit“ des Zentrums für digitale Innovationen Niedersachsen (ZDIN). Basis sind die Modelle des nationalen GECCO-Datensatzes. Darüber hinaus gehende Informations- und Datenmodelle werden gemeinsam abgestimmt.

Antragstellende Forscher*innen müssen sich im Vorfeld bzgl. der notwendigen Daten- und Analyseinfrastruktur von den Ansprechpartner*innen der Forschungsdatenbank beraten lassen und müssen bei weitergehenden, über die Basisinfrastruktur hinausgehenden Wünschen und Anforderungen, entsprechende Mittel in ihren Anträgen vorsehen. Die enge Abstimmung mit der Forschungsdatenbank stellt eine Harmonisierung der Datenbestände sicher und ermöglicht die übergreifende Weiternutzung im COFONI-Netzwerk. Bereits existierende Datenbestände können im Verlauf für neue Antragsvorhaben genutzt werden. Die Forschungsdatenbank bietet an, für die standardisierte Datenerfassung bei den Proband*innen entsprechende Werkzeuge (digitale Fragebögen, Apps) zu erstellen. Die Aufwände dafür sind in Abstimmung mit den Ansprechpartner*innen der Forschungsdatenbank in den Anträgen einzuplanen.

Wo möglich, werden existierende Standards für die Beschreibung der Daten (Metadaten) verwendet. In enger Abstimmung mit den Forscher*innen werden die Datenmodelle in Anlehnung an das HiGHmed-Daten-Governance-Modell⁶ konsentiert, implementiert und gepflegt. Die inhaltliche Ausgestaltung und fachliche Prüfung neuer Datenmodelle wird dabei durch die Forscher*innen vorgenommen. Im weiteren Projektverlauf werden auf Basis der einheitlichen Datenmodelle für die Forscher*innen Abfrage- und Filterwerkzeuge entwickelt und zur Verfügung gestellt, ebenso werden der Export in gängige Datenformate für Analysen sowie der Import von Ergebnissen ermöglicht. Für die Ausführung von rechenintensiven Datenanalysen werden nach Bedarf existierende Hochleistungsrechner genutzt bzw. vorhandene Systeme verstärkt, betrieben und zur Verfügung gestellt. Im Sinne der Guten Wissenschaftlichen Praxis werden die FAIR-Kriterien auch für Analysen

und ihre Ausführungsumgebungen angewendet. Dafür werden neben gängigen Versionskontrollsystemen mit internem und öffentlichem Bereich auch Virtualisierungsmöglichkeiten über Containertechnologien bereitgestellt und verwaltet.

Forschungsdatenplattform

Die COFONI Forschungsdatenplattform ist eine sichere, erweiterbare und interoperable Plattform zur Bereitstellung von Forschungsdaten zu COVID-19.

Das COFONI-Netzwerk fördert mit dieser Plattform den translationalen Gedanken des Netzwerks, indem es Forscher*innen ein Werkzeug zur Weiternutzung strukturierter COVID-19-Forschungsdatensätze der geförderten Projekte zur Verfügung stellt. Diese beinhalten sowohl klinische Daten (z. B. Laborwerte, Anamnese-/ Therapiedaten und Befunde) als auch nicht-identifizierende Personen- und Interviewdaten, z.B. zum sozialen Status, zur beruflichen Situation und zur Biografie.

Die Daten liegen in anonymisierter Form vor und können von Forscher*innen für eine Nachnutzung angefragt werden. Kohorten können über eine grafische Benutzeroberfläche mit Ermittlung der Fallzahl zusammengestellt werden. Im Folgenden kann bei einem Datennutzungsantrag auf die erstellten Kohorten verwiesen werden. Der Datennutzungsantrag wird anschließend durch ein Use & Access Komitee geprüft und nach erfolgter Freigabe können die angefragten Daten direkt über das Benutzerportal in gängigen Dateiformaten (.csv/ .json) exportiert werden.

⁶ Wulff *et al* (2018), *Stud Health Technol Inform*, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29726437>



Ansprechpartner*innen

(in alphabetischer Reihenfolge)

1. Tiermodelle und Testsysteme

Prof. Dr. Mark Brönstrup

Abteilungsleiter Chemische Biologie
Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung
Feodor-Lynen-Str. 7-9
30625 Hannover
Mark.Broenstrup@helmholtz-hzi.de

Prof. Dr. Ulrich Kalinke

Institut für Experimentelle Infektionsforschung
TWINCORE – Zentrum für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung
Eine Gemeinschaftseinrichtung des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung und der
Medizinischen Hochschule Hannover
Feodor-Lynen-Str. 7-9
30625 Hannover
Ulrich.Kalinke@twincore.de

Prof. Dr. Maren von Köckritz-Blickwede

Leitung wiss. Administration und Biosicherheit,
Research Center for Emerging Infections (RIZ)
Leitung AG Biochemie der Infektionen,
Institut für Biochemie
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
Bünteweg 17
30559 Hannover
Maren.von.Koeckritz-Blickwede@tihohannover.de

Prof. Dr. Asisa Volz

Institut für Virologie
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
Bünteweg 17
30559 Hannover
Asisa.Volz@tihohannover.de

Prof. Dr. Stefan Pöhlmann

Deutsches Primatenzentrum GmbH
Leibniz-Institut für Primatenforschung
Kellnerweg 4
37077 Göttingen
spoehlmann@dpz.eu



2. Forschungsbiobanken

Prof. Dr. Thomas Illig

Leiter der Hannover Unified Biobank
Medizinische Hochschule Hannover
Feodor-Lynen-Str. 15
30625 Hannover
Illig.Thomas@mh-hannover.de

Dr. Stefanie Mücke

Projektmanagerin „COFONI“ der Hannover Unified Biobank
Medizinische Hochschule Hannover
Feodor-Lynen-Str. 15
30625 Hannover
Muecke.Stefanie@mh-hannover.de

Dr. Sonja Volland

Projektmanagerin „COVID-19 Biobank“ der Hannover Unified Biobank
Medizinische Hochschule Hannover
Feodor-Lynen-Str. 15
30625 Hannover
Volland.Sonja@mh-hannover.de

PD Dr. Sara Nußbeck

Leitung Zentrale Biobank UMG
Universitätsmedizin Göttingen
Georg-August-Universität Göttingen
Zentrale Biobank UMG
Robert-Koch-Str. 40
37075 Göttingen
sara.nussbeck@med.uni-goettingen.de

Dr. Kristin Hummel

Projektmanagerin Zentrale Biobank UMG
Universitätsmedizin Göttingen
Georg-August-Universität Göttingen
Zentrale Biobank UMG
Robert-Koch-Str. 40
37075 Göttingen
kristin.hummel@med.uni-goettingen.de



3. Forschungsdatenbank

Prof. Dr. Dagmar Krefting

Direktorin Institut für Medizinische Informatik
Universitätsmedizin Göttingen
Von-Siebold-Str. 3
37075 Göttingen
dagmar.krefting@med.uni-goettingen.de

Prof. Dr. Dr. Michael Marschollek

Leiter Peter L. Reichertz Institut für Medizinische Informatik
Medizinische Hochschule Hannover
Carl-Neuberg-Str. 1
30625 Hannover
Marschollek.Michael@mh-hannover.de