

Nutzungsordnung für das Keylab Genomanalytik & Bioinformatik der Universität Bayreuth

Inhalt

1	Ziele und organisatorische Eingliederung	2
1.1	Ziele	2
1.2	Verbindlichkeit der Nutzungsordnung	2
1.3	Ansprechpersonen	2
1.4	Leistungen	2
1.4.1	Geräte	2
1.4.2	Service	3
1.4.3	Datenanalyse	3
1.4.4	Nutzungszeiten	3
1.5	Nutzungskosten	3
1.5.1	Interne Nutzer	3
1.5.2	Externe Nutzer	3
1.5.3	Preisliste	4
2	Weitere Informationen	4
2.1	Vorbereitung der Analysen	4
2.2	Wissenschaftliche Veröffentlichungen	4
3	Außendarstellung	5
4	Anhang:	6
4.1	Preisliste	6

1 Ziele und organisatorische Eingliederung

1.1 Ziele

Das Labor für Genomanalytik & Bioinformatik hat die Unterstützung der Forschung und Lehre in den Profildereichen ‚Ökologie und Umweltwissenschaften‘ sowie ‚Molekulare Biowissenschaften‘ zum Ziel. Dazu führt es im Rahmen der technischen und personellen Kapazitäten nukleinsäurebasierte Analysen z. B. aus der (Meta-)Genomik und (Meta-)Transkriptomik oder der Populationsgenetik durch. Die zentralen Analyseplattformen sind Nukleinsäure-Fragmentanalyse, klassische bzw. Next-Generation-Sequencing-Anwendungen (z.Zt. mit externen Sequenzierdienstleistern) mit den zugehörigen bioinformatischen Auswerterroutinen.

1.2 Verbindlichkeit der Nutzungsordnung

Diese Nutzungsordnung gilt verbindlich für alle Nutzer des Labors für Genomanalytik & Bioinformatik.

1.3 Ansprechpartner und Kontakt

- Dr. Alfons Weig: Leiter des Labors für Genomanalytik & Bioinformatik
Tel: 0921-552457; alfons.weig@uni-bayreuth.de
- Michaela Hochholzer: technische Assistentin
Tel. 0921-552486

Kontakt:

Universität Bayreuth
Genomanalytik & Bioinformatik
Universitätsstraße 30
95447 Bayreuth
Germany

1.4 Leistungen

1.4.1 Geräte

Folgende Geräte werden im Labor eingesetzt. Des Weiteren steht die für molekularbiologische Labore übliche Laborausstattung zur Verfügung.

- FragmentAnalyzer (Advanced Analytics)
- PippinPrep (SAGE)
- KingFisher Magnetic Particle Processor (Thermo Scientific)
- FastPrep Tissue Homogenizer (MPbio)
- Microarray Hybridization Oven für Agilent SurePrint Arrays (Agilent Technologies)
- NGS-Sequenziergerät iSeq-100 (Illumina)
- Single-Cell-Sorter (Cellsorter)
- Anwendungsserver für das Auswerten von Analysedaten

Diese Geräte werden durch die MitarbeiterInnen des Labors betreut; einige Geräte (Single-Cell-Sorter) können nach Einweisung direkt durch befähigte Nutzer genutzt werden.

1.4.2 Service

Der Service des Labors kann folgende Arbeitsschritte umfassen, die projektbezogen mit den Nutzern vereinbart werden:

- Nukleinsäure-Extraktion und QC, ggf. Methodenanpassung bei schwierigem Probenmaterial
- Nukleinsäure-Analyse und QC, z.B. NGS-Library-Präparation
- DNA-Sequenzierungen: Sanger, NGS (intern auf eigenem NGS-Gerät oder über externe Servicedienstleister)
- Sequenzdatenauswertungen
 - Mikrobiom-Analysen
 - (Meta-)Transkriptom-Analysen
 - Referenzgenome / Referenztranskriptom und funktionelle Annotation

1.4.3 Datenanalyse

Die erhaltenen molekularbiologischen Daten (Sequenzdaten, fingerprinting-Daten, etc.) werden im Rahmen des projektspezifisch vereinbarten Analyseumfanges ausgewertet und den Nutzern in digitaler Form übergeben.

1.4.4 Nutzungszeiten

Die Nutzungszeiten des Cell-Sorter-Gerätes werden je nach Bedarf vergeben. Eine Überbuchung kann durch vorausgehende genaue Terminplanung verhindert werden.

1.5 Nutzungskosten

Die Nutzungskosten werden projektspezifisch kalkuliert, um den unterschiedlichen Anforderungen in den z.T. sehr unterschiedlichen Projekten gerecht zu werden (Hinweis: die DFG hat keine Nutzungspauschalen im Bereich ‚Genomics / Genomanalysen‘ veröffentlicht). Die Nutzungskosten werden nach ‚internen‘ und ‚externen‘ Nutzern unterschieden.

1.5.1 Interne Nutzer

Angehörige der Universität Bayreuth sowie Mitglieder in gemeinsamen Verbundforschungsprojekten (z.B. SFB, TRR, usw.) zählen zum internen Nutzerkreis; die Nutzungskosten werden über eine interne Leistungsverrechnung beglichen. Die Nutzungskosten setzen sich zusammen aus den **projektspezifischen Ausgaben** (z.B. Verbrauchsmittel, Sequenzierungen im Labor, externe Sequenzierdienstleistung, Computation Units für Gen-Annotationen, usw.) und **Ausgaben zur Aufrechterhaltung des Grundbetriebs** (Wartung, Laborsicherheit, usw.). Die Nutzungskosten sind in der Preisliste für diese beiden Kategorien getrennt aufgeführt.

Ein Analyseauftrag über die vereinbarten Analysen und/oder Auswertungen muss vor Analysebeginn mit Angabe der Buchungskostenstellen für die interne Leistungsverrechnung durch den/die NutzerIn unterschrieben und mit den Proben an das Labor übergeben werden.

1.5.2 Externe Nutzer

Leistungen für externe Nutzer sind wirtschaftliche Dienstleistungen (z.B. wissenschaftliche Dienstleistung oder Auftragsforschung) und unterliegen den Vorgaben der „EU-Trennungsrechnung“. Eine Angebotspreisermittlung für derartige Dienstleistungen erfolgt projektspezifisch über eine Vollkostenkalkulation.

Das projektspezifische Angebot muss vor Analysebeginn durch Unterschrift angenommen werden.

1.5.3 Preisliste

Die aktuell gültige Preisliste ist dieser Nutzungsordnung angehängt.

2 Weitere Informationen

2.1 Vorbereitung der Analysen

Der Leiter der Genomanalytik & Bioinformatik Dr. Alfons Weig ist der Ansprechpartner für Analysen und entscheidet über deren Durchführbarkeit in der Einrichtung. Auf Grund der sehr unterschiedlichen Typen von Experimenten ist eine eingehende Projektvorbereitung unverzichtbar, um die Analysen bestmöglich durchführen zu können. Diese Vorbereitung umfasst:

- Art der Proben (für die Auswahl der geeigneten Methoden und Analyseplattformen)
- Umfang der Analysen (für die Planung des Analysezeitraums)
- Ggf. Methodenanpassung bei schwierigem Probenmaterial
- Definition der Projektziele (für die Wahl der Auswerteprozeduren)
- Zeitliche Planung der Analysen im Rahmen der verfügbaren personellen und finanziellen Ressourcen
- Verteilung von Zuständigkeiten in Projekten (z.B. Gesamtprojektleiter, Teilprojektleiter, Projektbeteiligte, Probensammlung und –Vorbereitung, Übergabe und Entsorgung des Probenmaterials)
- Übergabe der Analyseergebnisse an die Projektpartner (z.B. Datenformate)
- Unterstützung in der Auswertung der Ergebnisse (ggf. auf Auswerteservern der DNA-Analytik, soweit vorhanden)
- Unterstützung bei der Sicherung von Primärdaten (z.B. im Sinne der „Empfehlungen 7“ der „Vorschläge zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ der DFG, 1998)
- Ggf. Richtlinien zur Nutzung/Bearbeitung von Proben (Sicherheitsbestimmungen, Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing, usw.)
- Ggf. Regelungen zu den Verwertungsrechten (IP: intellectual property)

2.2 Wissenschaftliche Veröffentlichungen

Die Analysen im Labor für Genomanalytik & Bioinformatik werden als Projektkooperationen durchgeführt. Je nach Umfang und Art der Projektkooperation sollen die wissenschaftlichen Mitarbeiter des Labors als (Mit-)Autoren einer wissenschaftlichen Originalveröffentlichung firmieren. Als Leitfaden für eine (Mit-)Autorenschaft gilt die Denkschrift der DFG zu „Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“.

Auszug: „...Als Autoren einer wissenschaftlichen Originalveröffentlichung sollen alle diejenigen, aber auch nur diejenigen, firmieren, die zur Konzeption der Studien oder Experimente, zur Erarbeitung, Analyse und Interpretation der Daten und zur Formulierung des Manuskripts selbst wesentlich beigetragen und seiner Veröffentlichung zugestimmt haben, das heißt, sie verantwortlich mittragen...“

Wissenschaftliche Datenauswertung (z.B. Mikrobiomanalysen mit Qiime2, (Meta-)Transkriptomanalysen und differentielle Expressionsanalysen, Assemblierung und Annotation

von Referenzgenomen/-transkriptomen, usw.) durch Mitarbeiter des Labors für Genomanalytik & Bioinformatik stellen einen wesentlichen Beitrag zu einem Projekt dar und rechtfertigen damit eine (Mit-)Autorschaft.

In allen anderen Fällen muss der Beitrag des Labors für Genomanalytik & Bioinformatik z.B. in *Acknowledgements* von Veröffentlichungen aufgeführt werden.

3 Außendarstellung

Die Webseite der Genomanalytik & Bioinformatik www.genomics.uni-bayreuth.de beschreibt die vorhandenen Analyseverfahren, stellt die vorhandene technische und bioinformatische Ausstattung dar und listet Publikationen mit Beteiligung der Genomanalytik & Bioinformatik. Diese Nutzerordnung wird über diese Webseite veröffentlicht.

Bayreuth, den 25.10.2023

Nutzungsordnung
Alfons Weig
Bioinformatik

PD Dr. Alfons Weig

4 Anhang:

4.1 Preisliste

Diese Preisliste enthält die am häufigsten nachgefragten Analysen und bioinformatischen Auswertungen und wird kontinuierlich aktualisiert. Zur Anwendung kommt die zum Analysezeitpunkt gültige Preisliste.

Projekt-spezifischer Mehraufwand wird individuell abgerechnet.

Wenn Sie an weiteren Analysen interessiert sind, wenden Sie sich an Dr. Alfons Weig.

Nutzungskosten		Interne Nutzer		Externe Nutzer
Pos.	Analyse / Auswertung	Projektspezifische Ausgaben	Grundbetrieb Nutzungspauschale	Vollkosten-Kalkulation
DNA/RNA-Extraktion		pro Probe		
DNA-2022-001	DNA-Extraktion aus Gewebe	6.40 €	0.64 €	auf Anfrage
DNA-2022-002	DNA-Extraktion aus Pflanzen	5.20 €	0.52 €	
DNA-2022-003	DNA-Extraktion aus Boden	8.60 €	0.86 €	
DNA-2022-004	DNA-Extraktion aus Biofilmen	7.20 €	0.72 €	
DNA-2022-005	DNA-Extraktion aus Mikroorg.	6.10 €	0.61 €	
DNA-2022-006	DNA-Extraktion aus Mikroorg. (low amount)	9.10 €	0.91 €	
RNA-2022-001	RNA-Extraktion aus Stuhl/Darm, QC	17.50 €	1.75 €	
RNA-2023-002	RNA-Extraktion aus tierischem Gewebe, QC	20.00 €	2.00 €	
RNA-2023-003	RNA-Extraktion aus Gewebe, DNA frei, QC	19.00 €	1.90 €	
RNA-2022-004	RNA-Extraktion aus Pflanzen	17.90 €	1.79 €	
RNA-2022-005	poly-A-RNA-Extraktion aus Gewebe	11.50 €	1.15 €	
Fragmentanalyse / QC		pro Probe oder Lauf		
Frag-2022-001	FA DNF471 RNA kit (max. 11 Proben / Lauf)	38.00 €	3.80 €	auf Anfrage
Frag-2022-002	FA DNF472 hs RNA kit (max. 11 Proben / Lauf)	38.00 €	3.80 €	
Frag-2022-003	FA DNF470 small RNA kit (max. 11 Proben / Lauf)	60.00 €	6.00 €	
Frag-2022-004	FA DNF477 HS small frag. kit (max. 11 Proben / Lauf)	38.00 €	3.80 €	
Frag-2022-005	FA DNF910 ds DNA kit (max. 11 Proben / Lauf)	11.00 €	1.10 €	
Frag-2022-006	FA DNF915 ds DNA kit (max. 11 Proben / Lauf)	11.00 €	1.10 €	
Frag-2022-007	Pippin Prep size selection (pro Probe)	20.00 €	2.00 €	
Frag-2022-008	Qubit Messung (DNA, pro Probe)	1.40 €	0.14 €	
Frag-2022-009	Qubit Messung (RNA, pro Probe)	1.55 €	0.16 €	
NGS-Libraries and Sequenzierungen		pro Probe (Library)		
NGS-2022-001	Amplikon-Library aus metagen. DNA	15.00 €	1.50 €	auf Anfrage
NGS-2022-002	Amplikon-Library aus PCR-Produkt	12.00 €	1.20 €	
NGS-2022-003	Amplikon-Library aus metagen. DNA (low input DNA)	19.00 €	1.90 €	
NGS-2022-006	RNA-Seq-Library (Standard)	80.00 €	8.00 €	
NGS-2022-007	RNA-Seq-Library (low input RNA)	85.00 €	8.50 €	
NGS-2022-008	RNA-Seq-Library (3'end; Standard)	45.00 €	4.50 €	
NGS-2022-015	iSeq-100 Sequenzierung (pro Lauf)	660.00 €	66.00 €	
Seq-2022-001	Sanger Sequenzierung (single run)	4.80 €	0.48 €	
Bioinformatik		pro Datenpaket		
INF-2022-001	Microbiom-Analyse (pro Locus)		20.00 €	auf Anfrage
INF-2022-002	Transkriptom-Analyse		20.00 €	
INF-2022-003	Meta-Transkriptom-Analyse		20.00 €	
INF-2022-004	Annotation (6 Mio. units cloud computation)	238.00 €	23.80 €	
externe Dienstleistungen				
extern	Sequenzierdienstleistung	auf Anfrage	entf.	auf Anfrage

Stand: 25.10.2023