

# 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	Ansprechpartner und Kontakt .....	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

## 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](mailto: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 / Referenztranskriptome 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

Eine aktuelle Preisliste für Analysen wird bei berechtigtem Interesse (z.B. interne Nutzer, Projektpartner, Drittmittelgeber) auf Anfrage zur Verfügung gestellt.

## 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](http://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 2.6.2025

Nutzungsordnung  
Alfons Weig  
Bioinformatik

PD Dr. Alfons Weig