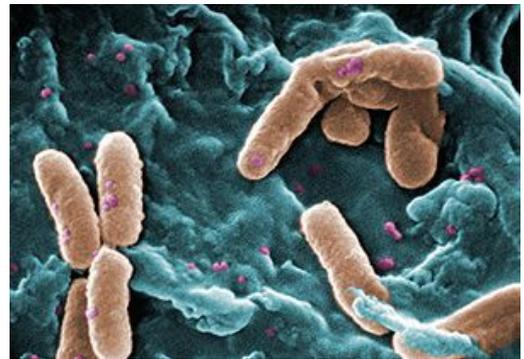


Modellierung und Visualisierung von spezifischen Resistenzmechanismen in *Pseudomonas aeruginosa*

Hintergrund

Laut dem Bericht zur Entwicklung von Antibiotika-Resistenzen in Europa der ECDC [1] ist *Pseudomonas aeruginosa* (siehe Abbildung; Quelle: Wikipedia) ein nicht-fermentatives gramnegatives Bakterium, das in aquatischen Umgebungen in der Natur ubiquitär vorkommt. Es handelt sich um ein opportunistisches Pathogen für Menschen, Tiere und Pflanzen, welches hauptverantwortlich ist für Infektionen bei hospitalisierten Patienten mit lokaler oder systemischer Beeinträchtigung der Immunabwehr. Es verursacht häufig Krankenhaus-erworbene Lungenentzündung (einschließlich Beatmungs-assoziierte Pneumonie), Blut- und Harnwegsinfektionen. Aufgrund seiner Allgegenwart, seiner enormen Vielseitigkeit und intrinsischen Toleranz gegenüber vielen Detergenzien, Desinfektionsmitteln und antimikrobiellen Verbindungen ist es schwierig, *P. aeruginosa* in Krankenhäusern und in institutionellen Umgebungen zu kontrollieren. *P. aeruginosa* kann die Atemwege von Patienten mit Mukoviszidose chronisch kolonisieren, was zu einer schweren intermittierenden Exazerbation des Zustands führt. Ein großes Problem der Infektionen mit *P. aeruginosa* ist die Rate der Antibiotika-resistenten Keime: 13.7% der Isolate waren laut dem Bericht zur Entwicklung von Antibiotika-Resistenzen resistent gegen mindestens drei der fünf gängigen Antibiotika-Gruppen [1].



Zielsetzung

In diesem Projekt wird das genom-skalige metabolische Modell (GEM) von *P. aeruginosa* PA14 im Detail analysiert [2]. Die inkludierten Reaktionen, Metabolite und Gene werden analysiert und die Komplexität des Modells untersucht, um durch Simulation von Resistenzmechanismen die Rolle spezifischer, metabolischer Stoffwechselwege in diesem Prozess besser zu verstehen. Ziel hierbei ist es, einzelne Resistenzmechanismen zu studieren und diese in das Modell zu integrieren. Eine Simulation des erweiterten Modells soll Aufschluss über mögliche Änderungen des Metabolismus geben. Eine graphische Visualisierung soll die Erweiterungen des Modells deutlich machen.

Voraussetzungen

Interesse an systembiologischen Arbeiten, sowie Kenntnisse im Programmieren mit einer geeigneten SBML-Bibliothek, z. B. Python mit CobraPy und libSBML.

Literatur

- [1] European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm: ECDC; 2017. [[link](#)]
- [2] Bartell JA, Blazier AS, Yen P, Thogersen JC, Jelsbak L, Goldberg JB, and Papin JA. Reconstruction of the metabolic network of *Pseudomonas aeruginosa* to interrogate virulence factor synthesis, Nature Communications (2017). doi:10.1038/ncomms14631