

```
function loadTabControl_344() { window.TC_344 = new Array(); i = 0;
$$('#tabcontrol_344').each(function(s) { i++; elements = s.getElements('.tabs'); if(elements.length){ var
tcControl = new TabControl(s, { delay: 2500, tab_remember: 0, tab_cookiesname: 'tabcontrolcookie-344',
tab_control: 'tabcontrol_344', behaviour: 'click', tabs: s.getElements('.tabs'), panes: s.getElements('.panes'),
selectedClass: 'selected', hoverClass: 'hover' }); window.addEventListener("hashchange",function(){
tcControl.onTabHashChange(); }); window.TC_344[i] = tcControl; } }); } /* * Bootstrap */ (function($) {
window.addEventListener('domready', loadTabControl_344); })(document.id);
```

- Projekt
- Projektleiter
- Doktorand
- Partner
- Publikationen

## **Proof of Concept: Integrierter Functional Genomics-Ansatz (Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics) zum Nachweis der molekularen Wirkungsweise neuer Antibiotika**

Weltweit nehmen antibiotikaresistente Bakterien in alarmierendem Ausmaß zu, was zeigt, wie wichtig die Entwicklung und Charakterisierung neuartiger Antibiotika ist. In jüngster Zeit konnten nicht nur die Gesamtheit der Transkripte und eines Großteils der Metabolite, sondern auch das gesamte Proteominventar von human- aber auch tierpathogenen multiresistenten Erregern identifiziert und quantifiziert werden. Gerade Proteomanalysen eignen sich ideal zur Untersuchung der Anpassung von Mikroorganismen an antibiotischen Stress und zur Aufklärung der molekularen Wirkweise neuer Wirkstoffe, da Proteine vielfach direkte und Antibiotika-Zielstrukturen darstellen oder als Effektoren grundlegende zelluläre Funktionen bestimmen. Solche Proteomuntersuchungen beruhten bisher jedoch zumeist auf zeit- und kostenintensiven gel-basierenden Techniken, die eine Hochdurchsatz-Charakterisierung neuartiger Antiinfektiva unrealistisch erscheinen lassen.

In diesem Arbeitsschwerpunkt sollen daher innovative und kostengünstige gel- und labelfreie Proteomtechniken zur Charakterisierung / Validierung neuer Wirkstoffe am Beispiel zweier medizinisch und ökonomisch relevanter multiresistenter Keime, *Pseudomonas aeruginosa* und *Staphylococcus aureus*, etabliert werden. Die proteombasierenden Daten sollen durch Transkriptom- und Metabolomanalysen ergänzt und / oder validiert werden. Die neu etablierte Multi-Omics-Pipeline soll schließlich in einem *Proof of Principle* Experiment an einer neuen vielversprechenden antimikrobiellen Substanzklasse getestet werden.



Prof. Dr. Katharina Riedel

Ernst-Moritz-Arndt-Universität  
Institut für Mikrobiologie  
[www.mnf.uni-greifswald.de](http://www.mnf.uni-greifswald.de)



Christian Wolff

Ernst-Moritz-Arndt-Universität

Institut für Mikrobiologie  
[www.mnf.uni-greifswald.de](http://www.mnf.uni-greifswald.de)

christian.wolff@uni-greifswald.de

## **Verantwortlicher Partner**

[Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald \(EMAU\)](#)

## **Weitere Partner**

[Universitätsklinikum Bonn \(UKB\)](#)

An dieser Stelle werden die Publikationen aus dem Projekt bekannt gegeben.