

## Ziele von bayresq.net

- Interdisziplinäre Grundlagenforschung
- Vorsprung durch digitale Vernetzung
- Open Datamanagement

Im bayernweiten Forschungsnetzwerk „Neue Strategien gegen multi-resistente Krankheitserreger mittels digitaler Vernetzung“ (bayresq-net) werden sechs interdisziplinäre Forscherteams für einen Zeitraum von 5 Jahren durch das Bayerische Staatsministerium für Wissenschaft und Kunst gefördert, um neuartige und interdisziplinäre Ansätze in der Grundlagenforschung aufzugreifen und so der Entwicklung von resistenten Infektionserregern und deren Ausbreitung entgegenzuwirken.

Zentrales Anliegen ist, mittels digitaler Methoden die Vorgänge während der Infektion sowie die komplexen Zusammenhänge und Wechselwirkungen zwischen Pathogen und Wirt besser zu verstehen und neue Therapieansätze zu entwickeln. Durch den Aufbau einer zentralen Datenplattform und eines netzwerkinternen Open-Datenmanagements wird die optimale Vernetzung aller Projekte angestrebt und das Potential der Digitalisierung in der Forschung aufgezeigt.



## Standorte des Netzwerks



## Eckdaten

Fördervolumen: 10 Mio. Euro  
Laufzeit: 5 Jahre  
Nach zweieinhalb Jahren erfolgt eine Evaluierung durch den Wissenschaftlichen Beirat, um eventuelle Korrekturen zur Sicherung der hohen Qualität zu gewährleisten.  
Start: Januar 2020

## beteiligte Universitäten

- Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg (FAU)
- Julius-Maximilians-Universität Würzburg (JMU)
- Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU)
- Technische Universität München (TUM)
- Universität Regensburg (UR)

## Kontakt Geschäftsstelle

bayresq.net  
Dr. Ulrike Kaltenhauser  
Feodor-Lynen-Str. 25  
81377 München  
E-Mail: info@bayresq.net  
Internet: www.bayresq.net



## bayresq.net ist Mitglied im



## Digitalisierung im Kampf gegen multiresistente Krankheitserreger



Interdisziplinäre  
Forschung an  
Bayerischen Universitäten



## Kurzbeschreibung der Projekte

### DynamicKIT

Die steigende Anzahl resistenter Tuberkulose-Erreger erfordert ständig neue Arzneimittelkombinationen für eine erfolgreiche Behandlung. In diesem Projekt wird mit Hilfe neuer experimenteller Methoden und künstlicher Intelligenz nach innovativen Arzneimittelkombinationen gegen resistente TB-Erreger gesucht.

### Helicopredict

Rund 90% aller Magenkrebs-Erkrankungen sind mit *Helicobacter pylori* assoziiert. Bei diesem Erreger werden zunehmend Antibiotika-Resistenzen beobachtet. Das Wissen, ob im konkreten Erkrankungsfall ein *Helicobacter*-Stamm mit Resistenzen vorliegt, ist für die Behandlung von entscheidendem Vorteil. Basierend auf den Sequenzdaten der Erreger wird in diesem Projekt ein Algorithmus entwickelt, um die Vorhersage von Antibiotika-Resistenzen zu ermöglichen.

### Metabodefense

Die Effizienz körpereigener Makrophagen gegen Keime ist von Mensch zu Mensch verschieden. Diverse exogene Faktoren (z.B. Medikamente) könnten den Stoffwechsel dieser Immunzellen beeinflussen. In diesem Projekt wird der Stoffwechsel der Makrophagen erforscht sowie mögliche Faktoren, die sich auf die Funktion der Makrophagen bei der Abwehr von Krankheitserregern auswirken.

### IRIS

Das Immunsystem des Menschen erkennt zwar kommensale Bakterien der Haut wie *Staphylococcus epidermidis*, toleriert sie jedoch. Dieses Projekt untersucht, wie durch Reprogrammieren des Immunsystems die Immuntoleranz durchbrochen werden kann, um durch eine induzierte Immunantwort multiresistente Keime zu eliminieren.

### Rbiotics

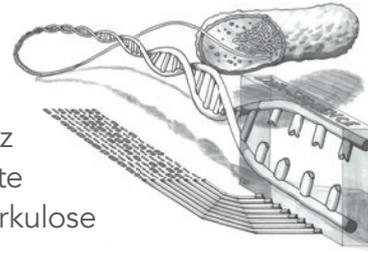
Peptid-Nukleinsäuren (PNA), eine neuartige Wirkstoffgruppe von RNA-ähnlichen Molekülen, und ihre Wirkung auf Bakterien werden in diesem Projekt untersucht. Diese neuen RNA-Antibiotika lassen sich mit einfachen chemischen Mitteln so verändern, dass sie Erreger-spezifisch wirken. Um den Anpassungsprozess zu automatisieren, kommen Hochdurchsatzverfahren und maschinelles Lernen zum Einsatz.

### StressRegNet

Fokus des StressRegNet-Projekts ist es, chemische Signale (Stressoren) zu identifizieren, die bakterielle Stressantworten auslösen, welche durch kleine RNAs und/oder globale Regulatoren vermittelt werden. Mittels Hochdurchsatz-Screening und Ansätzen des maschinellen Lernens soll so in den verbreiteten Humanpathogenen *Salmonella* und *Campylobacter* die Kontrolle der bakteriellen Anpassung an den Wirt und an Antibiotika untersucht werden.

### DynamicKIT

Künstliche Intelligenz gegen multiresistente und dormante Tuberkulose



PD Dr.  
Andreas Wieser  
LMU



Dr.  
Michael Menden  
LMU



Prof. Dr. Dr.  
Fabian Theis  
TUM

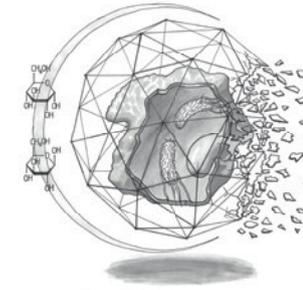


Prof. Dr.  
Michael Hölscher  
LMU



### Metabodefense

Kann uns der Stoffwechsel gegen Erreger schützen?



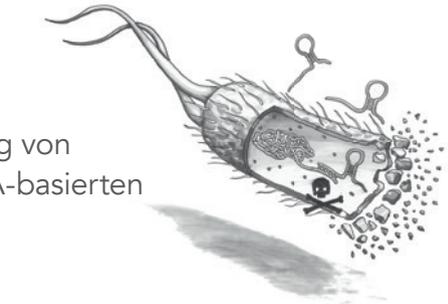
PD Dr.  
Jonathan Jantsch  
UR



PD Dr.  
Katja Dettmer-Wilde  
UR



Prof. Dr.  
Rainer Spang  
UR



### Rbiotics

Entwicklung von neuen RNA-basierten Antibiotika

Prof. Dr.  
Jörg Vogel  
JMU



Dr.  
Franziska Faber  
JMU

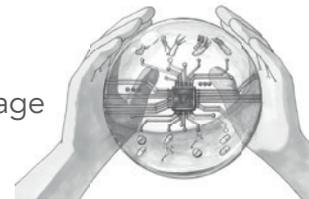


Prof. Dr.  
Lars Barquist  
JMU



### Helicopredict

Genombasierte Vorhersage von Resistenzen bei *Helicobacter pylori*



Prof. Dr.  
Sebastian Suerbaum  
LMU



Prof. Dr.  
Markus Gerhard  
TUM



Dr.  
Atefeh Kazeroonian  
TUM



PD Dr.  
Christian Schulz  
LMU



### IRIS

Kontrollinstanzen des Immunsystems gegen multiresistente Keime



Prof. Dr. Dr.  
André Gessner  
UR



Prof. Dr.  
Diana Dudziak  
FAU



Prof. Dr.  
Markus Feuerer  
UR

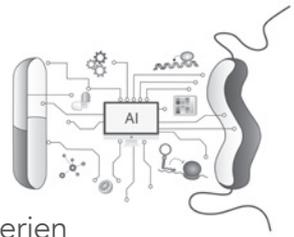


Prof. Dr.  
Uwe Ritter  
UR



### StressRegNet

Auswirkungen von Stress auf die Pathogenität von Bakterien



Prof. Dr.  
Cynthia Sharma  
JMU



Dr.  
Ana Rita Brochado  
JMU



Prof. Dr.  
Christian I. Müller  
LMU

