



FG Mikrobielle Systematik, Populationsgenetik und Infektionsepidemiologie

Matthias Merker, Jennifer Bender und Thiên-Trí Lâm

Vorstellung neuer Vorsitz

1. Vorsitzender Prof. Dr. Matthias Merker:

Evolution des Resistomes
Forschungszentrum Borstel



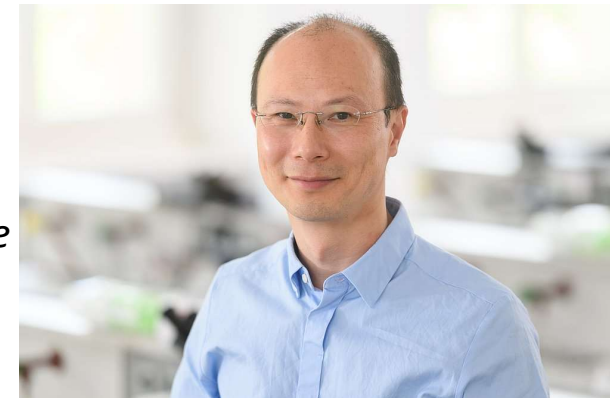
2. Stellvertretende Vorsitzende Dr. Jennifer Bender:

Fachgebiet Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotikaresistenzen
Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken
Robert Koch-Institut



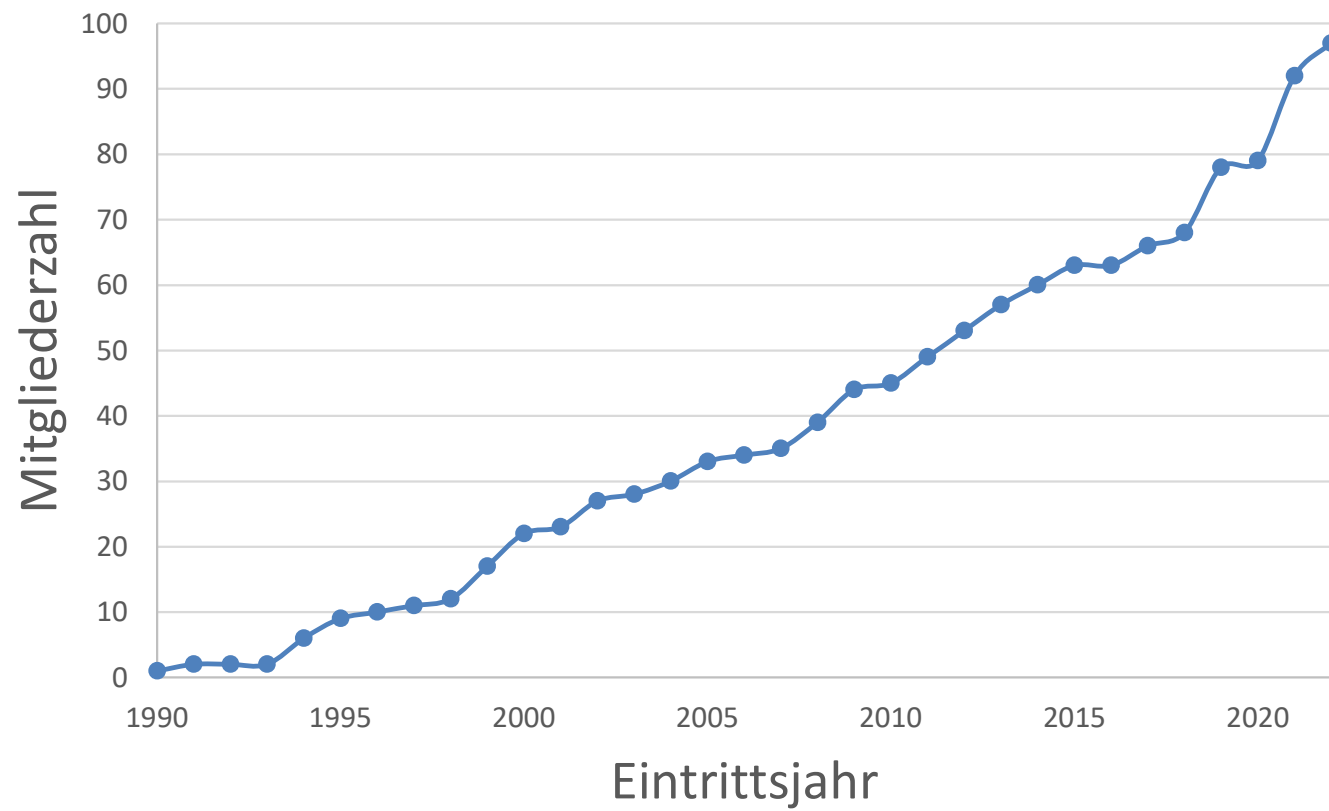
3. Schriftführer Dr. Thiên-Trí Lâm :

Institut für Hygiene und Mikrobiologie
Nationales Referenzzentrum für Meningokokken und *H. influenzae*
Universität Würzburg



FG - Entwicklung

- Stand Mai 2022: 102 Mitglieder

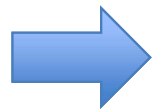


FG - Aktivitäten

- Organisation von jeweils 2-3 Sitzungen auf **DGHM-Jahrestagungen - 2022:**
 - "Molecular infection epidemiology"
 - "Pathogen genome-based Prediction of Antibiotic Resistance"
 - "Epidemiology + antimicrobial resistance of zoonotic pathogens" (gemeinsam mit der FG Zoonosen)
- auf gemeinsamen DGHM-/VAAM-Jahrestagungen zusätzlich (z.B. 2020):
 - "Recent Challenges in Bacterial Systematics" (gemeinsam mit der VAAM-FG Identifizierung + Systematik)
- seit 2020: Vertretung im International Committee on the Systematics of Prokaryotes (ICSP; Vertreter der DGHM ist einziges Mitglied aus Deutschland)

FG – Pläne bis 2021

- zuletzt 2017: Workshop für MedizinerInnen und NaturwissenschaftlerInnen: "Analysis of bacterial genome sequences for molecular epidemiology -- a hands-on practical workshop"
- geplant: Status-Seminar "Genomik in der Infektionsepidemiologie,, (Methoden, Interpretation), musste durch Covid-19 zweimal (2021, 2022) verschoben werden



Wir wollen daran anknüpfen!

FG – Pläne ab 2022

- „Genomik in der Infektionsbiologie“ für MedizinerInnen und NaturwissenschaftlerInnen, ÖGD?
 - Mögliche Inhalte:
 - Genomrekonstruktion -> Typisierung bzw. Verwandtschaftsanalysen (cgMLST, SNP)
 - Evtl. Extraktion AMR (ResFinder etc.)
 - Vorträge „Beispiele aus der Praxis“
 - Finanzierung? Zeitpunkt Q2-2023

Danksagung

Prof. Dr. Stefan Nieman

Prof Dr. Ulrich Nübel

Dr. Torsten Semmler

Nicole von Maltzahn

Allen Mitgliedern der FG Mikrobielle Systematik, Populationsgenetik und Infektionsepidemiologie