

Das mikrobielle Metagenom der CF Lunge

Patricia Moran Losada, Katarzyna Pienkowska, Philippe Chouvarine, Marie Dorda, Silke Hedtfeld, Rebecca Hyde, Samira Mielke, Angela Schulz, Lutz Wiehlmann und Burkhard Tümmler

Klinische Forschergruppe „Molekulare Pathologie der Mukoviszidose“
Klinik für Pädiatrische Pneumologie, Allergologie und Neonatologie; Medizinische Hochschule Hannover und
Biomedical Research in Endstage and Obstructive Lung Disease Hannover (BREATH)

Ziel:

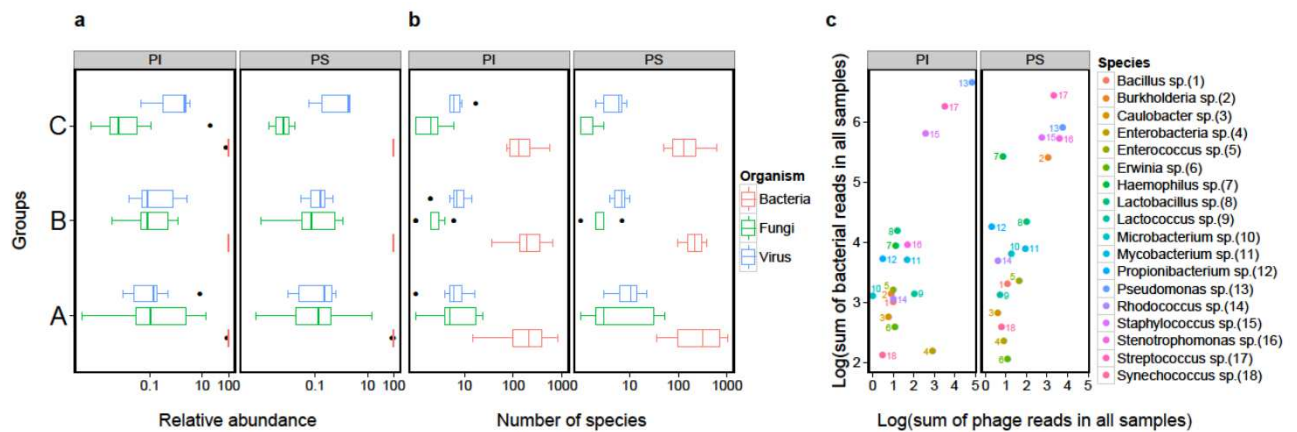
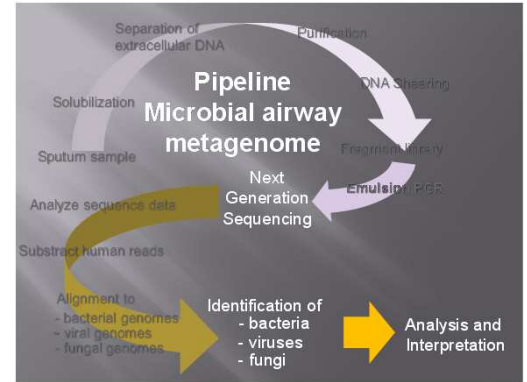
Aufklärung des mikrobiellen Metagenoms
in den oberen und unteren CF Atemwegen

Kohorte: 52 PI und 29 PS CF Patienten, die
regelmäßig an der MHH betreut werden.

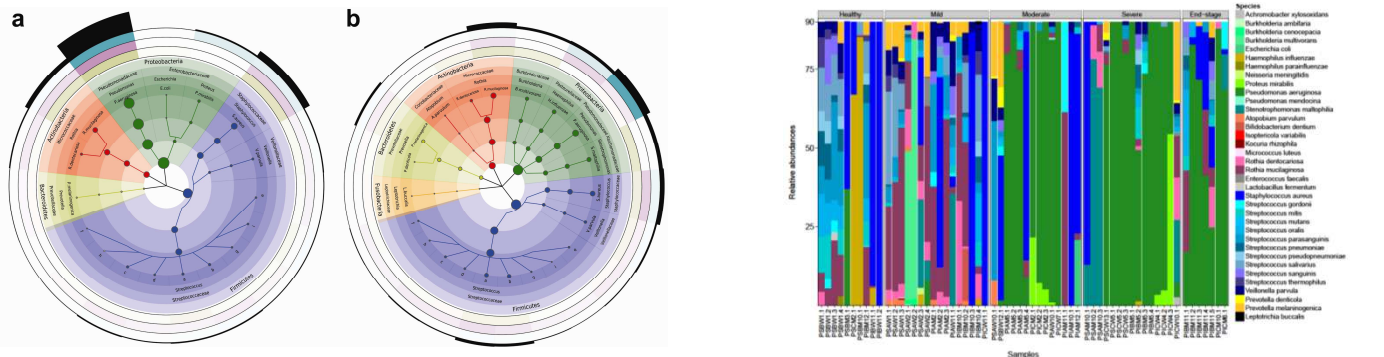
Proben:

- 84 induzierte Sputen
- 78 Nasallavagen
- 33 tiefe Rachenabstriche

Das Poster zeigt ausschließlich Metagenomdaten
von CF Sputen.



Das mikrobielle CF Metagenom der unteren Atemwege (kumulative Datensätze) a, b Box Plots der relativen Häufigkeit (in %) und der absoluten Zahl an DNA Viren, Pilzen, Eu- und Archaeobakterien, die in induzierten Sputen von PI und PS Kindern (A, 8 – 14 Jahre), Adoleszenten (B, 15 – 24 Jahre) and Erwachsenen (C, > 24 Jahre) nachgewiesen wurden. **c**, Die Punkte in der doppeltlogarithmischen Auftragung stellen die Summe an Reads für einen Phagen und seinen bakteriellen Wirt auf Genusebene dar. Genera lassen sich anhand von Zahl und Farbe unterscheiden.



Taxonomische Cladogramme der häufigsten Spezies, die zusammen 95% der bakteriellen Lebensgemeinschaft in der Lunge von PI (a) und PS (b) Patienten ausmachen. Die Kreisfläche ist proportional zum Logarithmus der durchschnittlichen Abundanz in den untersuchten Proben. Die Höhe der Segmente kennzeichnet die Abundanz von Genera und Phyla in der gesamten Kohorte, die in den drei Innenkreisen in den drei Altersgruppen nach Farbintensität differenziert wird (Erwachsene grün, Adoleszente violett, Kinder oliv).
a, *S. parasanguinis*; b, *S. salivarius*; c, *S. oralis*; d, *S. mitis*; e, *S. pneumoniae*; f, *S. thermophilus*; g, *S. sanguinis*; h, *S. pseudopneumoniae*; i, *S. gordonii*.

Bakterielle Lebensgemeinschaften (Top 90%) in der Lunge (von links nach rechts) gesunden (FEV1 > 90%), mild (FEV1 70 -90%), mäßig (FEV1 50-70%), schwer (FEV1 30-50%) und schwerst (FEV1 < 30%) betroffenen CF Patienten.