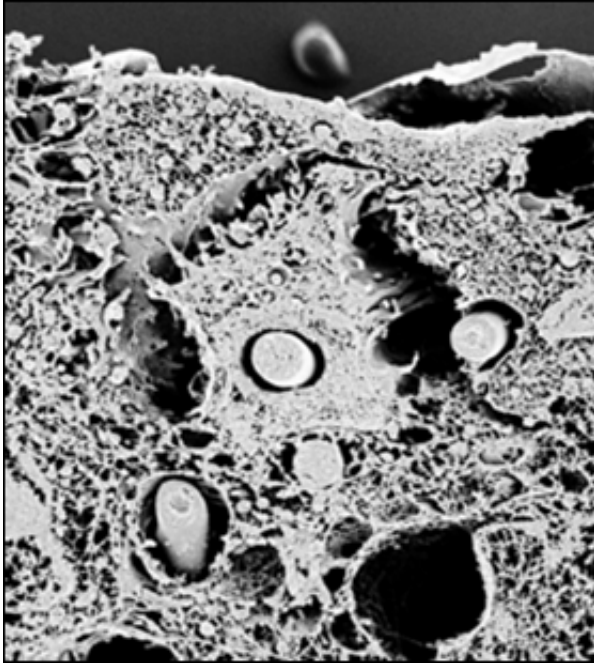


Molekulare Mechanismen der *Candida* Sepsis



Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme von *C. albicans* während der Interaktion mit Epithelzellen. Hyphen wachsen durch Epithelzellen hindurch und tragen so zur Gewebeerstörung bei.

Der mit Abstand häufigste humanpathogene Pilz der Gattung *Candida* ist *Candida albicans* (*C. albicans*). Während der systemischen Infektion können alle Organe von *C. albicans* besiedelt werden, was zu einer fatalen Disregulierung des Immunsystems und zum Versagen der Organe führen kann. In Mäusen konnte gezeigt werden, dass die Immunantwort, die Morphologie und pathologischen Konsequenzen in den verschiedenen Organen stark variieren. Obwohl bereits eine Reihe von Virulenzfaktoren von *C. albicans* beschrieben wurden, ist bisher sehr wenig über die Mechanismen, die solch eine organspezifische, nicht-protektive Immunantwort hervorrufen, bekannt.

Ziel dieses Projektes ist die Identifizierung der molekularen Mechanismen, die an der durch *C. albicans* verursachten Sepsis beteiligt sind. Mit Hilfe von *in vivo* Transkriptionsprofilen und umfassenden Screenings von Mutantenbanken sollen Pilz-Gene identifiziert werden, die eine spezifische Wirtsantwort hervorrufen und organcharakteristische Funktionen aufweisen. Diese Faktoren und Mechanismen zu kennen, könnten neue Möglichkeiten für therapeutische Ansätze zur Behandlung systemischer Candidosen bieten, die aufgrund der noch hohen Mortalitätsraten dringender erforderlich sind.