

AUSBILDUNG

Dr. rer. nat. Mikrobiologie

10/2016 - 09/2020

Universität Würzburg

Würzburg, Deutschland

Mikrobiologie magna cum laude

M.Sc. Mikrobielle Biotechnologie

10/2014 - 09/2016

Universität Tübingen

Tübingen, Deutschland

Mikrobielle Biotechnologie GPA: 1,3

FÄHIGKEITEN

Bakterielle Kultivierung (S1/S2) — ●

16S rRNA Amplicon-
Sequenzierung ●

QIIME2 / DADA2 — ●

Antibiotika-Resistenztestung — ●

MALDI-TOF MS — ●

GLP/GMP Dokumentation — ●

R / phyloseq — ●

Python (BioPython) — ●

ZERTIFIKATE

S2-Sicherheitsausbildung
Gentechnik (GenTSV § 28)

02/2024

MIQ Mikrobiologisch-
Infektiologische
Qualitätsstandards (RKI)

07/2023

GLP-Praktiker (TÜV Süd) 11/2022

MALDI-TOF MS für klinische
Mikrobiologie (Bruker Academy)

05/2022

PROFIL

Mikrobiologe (Dr. rer. nat., Universität Würzburg) mit 8 Jahren Bench-Erfahrung am Leibniz-Institut DSMZ und am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI Braunschweig).

Spezialisiert auf bakterielle Kultivierung, Antibiotika-Resistenz und 16S/ITS-Amplicon-Bioinformatik. 7 peer-reviewte Publikationen, ASM-Mitglied, 1.400 charakterisierte Bakterienstämme.

BERUFSERFAHRUNG

Wissenschaftler / Mikrobiologe 10/2022 - heute

Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI
Braunschweig)

Braunschweig, Deutschland

Wissenschaftler in der Abteilung Mikrobielle Wirkstoffe

- Eigenverantwortliche Charakterisierung von 320 klinischen Isolaten (*E. coli*, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*) im S2-Labor
- Etablierung eines Hochdurchsatz-Resistenz-Screenings, Durchsatz von 192 auf 768 Isolaten/Woche erhöht
- Aufbau einer QIIME2/DADA2-Pipeline für 16S-Sequenzierungen mit Reproduzierbarkeit über 99 % (Mock Community Benchmark)
- Erstautorenartikel in *Microbiome* 2024 (IF 13,8) zur Wirkstoffresistenz im Darmmikrobiom
- Mentoring von 2 Doktorand:innen und 4 Masterand:innen

Postdoktorand Mikrobiologie 01/2020 - 09/2022

Leibniz-Institut DSMZ – Deutsche Sammlung von
Mikroorganismen und Zellkulturen

Braunschweig, Deutschland

Postdoc in der Abteilung Bacterial Strain Collections

- Charakterisierung von 1.080 Bakterien-Neuisolaten via MALDI-TOF MS und 16S rRNA-Sequenzierung
- Beschreibung von 3 neuen Bakterien-Spezies (publiziert in *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*)
- Aufbau einer Long-Term-Stress-Test-Pipeline zur Prüfung der Stamm-Stabilität (ISO 9001 Audit-konform)
- Mitwirkung an einem OECD Best Practices Audit der DSMZ-Sammlung 2022

PROJEKTE

BMBF InfectControl 2026 – RESIST-Plattform

06/2023 - heute

Teilprojektleitung 320 k€ über 30 Monate, Antibiotika-Resistenzscreening für ESKAPE-Pathogene

SPRACHEN

Deutsch	Muttersprache
Englisch	C2
Niederländisch	B1

STÄRKEN

Sammlungs-Erfahrung

Habe an der DSMZ-Bakteriensammlung 1.400 Stämme charakterisiert und in der DSMZ-Datenbank dokumentiert

Regulatorische Kenntnisse

Begleite Audits der DSMZ-Sammlung nach ISO 9001 und nach OECD Best Practices for Biological Resource Centres

Bioinformatische Tiefe

Schreibe QIIME2- und DADA2-Pipelines in R und phyloseq, veröffentlicht auf GitHub mit MIT-Lizenz

PUBLIKATIONEN

Erstautor: 'Gut microbiome resistance signatures across European ICU cohorts' – Microbiome 12: 187
09/2024

Erstautor: 'Three novel Bacillus species from German alpine soils' – Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 72: 005412
03/2022