Prototypische Umsetzung einer Applikation zur Aufbereitung und Visualisierung von Ausbrüchen multiresistenter Erreger (MRE)

Thema:
: Prototypische Umsetzung einer Applikation zur Aufbereitung und Visualisierung von Ausbrüchen multiresistenter Erreger (MRE)

Art:
: MA

BetreuerIn:
: Christian Wolff

BearbeiterIn:
: Johannes Hoffmann

ErstgutachterIn:
: Christian Wolff

ZweitgutachterIn:
: Udo Kruschwitz

Status:
: in Bearbeitung

angelegt:
: 2023-06-19

Antrittsvortrag:
: 2023-07-10

Abschlussvortrag:
: 2023-12-04

Hintergrund

Erkennen von Transmissionsereignissen von multiresistenten Keimen, insbesondere von vancomycinresistenten Enterokokken, ist eine der wichtigsten Aufgaben der Krankenhaushygiene. Anders als in der Mehrheit der anderen deutschen Krankenhäuser steht am Universitätsklinikum Regensburg der Abteilung Krankenhaushygiene und Infektiologie inzwischen mit der Möglichkeit der Sequenzierung der DNA der entsprechenden Keime ein Mittel zur Verfügung. So können sich hier mit großer Genauigkeit wahrscheinliche Transmission erkennen lassen. Die Daten aus der Sequenzierung sind allerdings nur aussagekräftig, wenn auch ein zeitlicher und räumlicher Zusammenhang zwischen den Patienten, bei denen die Sequenzierung eine Übertragung vorhersagt, nachgewiesen werden kann. Dies erfolgt momentan über sogenannte LineLists, in denen die Aufenthalte auf den Stationen (Station, Zimmer, Bettplatz) der entsprechenden Patienten chronologisch mit der Hand eingetragen und verglichen wird.

Zielsetzung der Arbeit

Ziel des Projektes ist es, die Bewegungsdaten der betrachteten Patienten nach möglichen Kontakten

zu analysieren und in Kombination mit den Ergebnissen aus der Sequenzierung in einem interaktiven Tool zu visualisieren. So sollen mögliche Transmissionswege aufgezeigt werden können. Damit könnte eine wesentliche Erleichterung bei der Ausbruchsaufklärung erreicht werden, insbesondere da damit auch größere Zeiträume und auch länger zurückliegenden Krankenhausaufenthalte berücksichtigt werden könnten, als das momentan bei der nicht-digitalen Auswertung der Fall ist.

Anmerkung: Die Implementation eines solchen Tools muss aufgrund der Sensibilität der Daten für die Kliniknetz-Rechner des Uniklinikums (keine Internetverbindung, normalerweise Windows 10 oder Ubuntu) erfolgen. Es besteht zumindest die theoretische Möglichkeit, innerhalb des Kliniknetzes Server bereitzustellen, weshalb sich die Implementation als gedockerter Webserver anbietet, der entweder lokal oder über einen solchen Server innerhalb des Netzes betrieben werden kann.

Konkrete Aufgaben

- Anforderungserhebung für das Tool
- Definition eines Datenformats auf Basis der benötigten und zur Verfügung stehenden Daten
- Parsen der Bewegungs- und Sequenzdaten in dieses Datenformat (inkl. Anonymisierung sensibler Patientendaten für Testzwecke)
- Entwurf, Implementation und Validierung des Tools

Erwartete Vorkenntnisse

- Beliebige Programmiersprache (z. B. Python) für das Parsen der Bewegungs- und Sequenzdaten
- Webentwicklung (HTML, CSS, Javascript, NodeJS, ggf. Javascript-Framework (z. B. React))
- Docker oder Electron zum Deployment als entweder lokalem Webserver oder Standalone-Tool
- Umgang mit Javascript-Library zur Visualisierung (z. B. vis.js)

Weiterführende Quellen

- Robert Koch Institut – Ausbruchsuntersuchungen. (n.d.). https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/Ausbruchsuntersuchungen/Ausbruchsuntersuchungen_node.html
- Liese, J., Schuele, L., Oberhettinger, P., Tschörner, L., Nguyen, T. B., Dörfel, D., Vogel, W., Marschal, M., Autenrieth, I. B., Willmann, M., & Peter, S. (2019). Expansion of Vancomycin-Resistant Enterococcus faecium in an Academic Tertiary Hospital in Southwest Germany: a Large-Scale Whole-Genome-Based Outbreak Investigation. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 63(5). https://doi.org/10.1128/aac.01978-18
- Ragnar Bade, Stefan Schlechtweg, and Silvia Miksch. 2004. Connecting time-oriented data and information to a coherent interactive visualization. In Proceedings of the SIGCHI Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI '04). Association for Computing Machinery, New York, NY, USA, 105–112. https://doi.org/10.1145/985692.985706
- Fujiya, Y., Harada, T., Sugawara, Y., Akeda, Y., Yasuda, M., Masumi, A., Hayashi, J., Tanimura, N., Tsujimoto, Y., Shibata, W., Yamaguchi, T., Kawahara, R., Nishi, I., Hamada, S., Tomono, K., & Kakeya, H. (2021). Transmission dynamics of a linear vanA-plasmid during a nosocomial multiclonal outbreak of vancomycin-resistant enterococci in a non-endemic area, Japan. Scientific Reports, 11(1). https://doi.org/10.1038/s41598-021-94213-5

From:
https://wiki.mi.uni-regensburg.de/ - **MI Wiki**

Permanent link:
https://wiki.mi.uni-regensburg.de/arbeiten/prototypische_umsetzung_einer_applikation_zur_aufbereitung_und_visualisierung_von_mre-ausbruechen_am_universitaetsklinikum_regensburg

Last update: **13.11.2023 16:06**