



## Neuartiger Blick ins Bakterien-Erbgut zeigt: Multiresistente gram-negative Bakterien werden zwischen Mensch, Haus- und Wildtier ausgetauscht

13.09.2016

Eine weltweit vorkommende, multiresistente ESBL-produzierende E. coli-Variante kann in großem Umfang zwischen Menschen, Haus- und Wildtieren übertragen werden. Das hat ein internationales Wissenschaftlerteam mit Hilfe einer neuen bioinformatischen Methode herausgefunden, mit der sie den Stammbaum der Erreger in einer bislang einmalig hohen Auflösung darstellen konnten. Stammbaum-Analysen (phylogenetische Analysen) sind unverzichtbar, um die Entwicklung, Verbreitung und Übertragung von Krankheitserregern und Antibiotikaresistenzen zu verfolgen und den Infektionsschutz zu verbessern. Die Studie wurde im renommierten Fachmagazin PLoS Genetics veröffentlicht; neben Wissenschaftlern um Alan McNally der Nottingham Trent University waren auch Berliner Forscher beteiligt, darunter Sebastian Günther und Katharina Schaufler von der Freien Universität Berlin sowie Lothar H. Wieler, Präsident des Robert Koch-Instituts.

Multiresistente Gram-negative Bakterien (MRGN) bedrohen zunehmend den medizinischen Fortschritt in der Human- und Veterinärmedizin. Forscher vermuten schon länger, dass die Erreger – und die Erbanlagen, die die Resistenzen überhaupt erst ermöglichen – zwischen Mensch, Tier und Umwelt zirkulieren. Ein Beispiel sind multiresistente ESBL-produzierende E. coli, die in der Lage sind, bakterielle Enzyme zu bilden (so genannte Extended Spectrum Beta-Lactamasen, ESBL) und damit verschiedene Antibiotika zu inaktivieren.

Das Team um Alan McNally hat jetzt gezeigt, dass der Austausch von ESBL-bildenden E. coli zwischen Menschen, Haus- und Nutztieren tatsächlich in großem Maße stattfindet. Die Wissenschaftler untersuchten dafür mehr als 200 Isolate einer bestimmten ESBL-produzierenden E. coli-Variante (Sequenztyp 131; ST131), die aus verschiedenen Ländern und Wirten stammten. Sie analysierten und verglichen jeweils das gesamte Erbgut der Erreger – dabei kombinierten sie erstmals die detaillierte Analyse des Kerngenoms mit der Analyse des akzessorischen und regulativen Genoms.

Unter Genom versteht man die Gesamtheit aller vererbaren Informationen eines Organismus. Das Kerngenom kommt bei allen Vertretern einer Art vor. Daneben gibt es zusätzlich Gene, die variieren können – sie werden in ihrer Gesamtheit als akzessorisches Genom bezeichnet. Bakterien können ihr Erbgut auch gezielt steuern, die dafür verantwortlichen Bereiche heißen regulatorisches Genom. Bei Stammbaum-Analysen wurde bislang meist nur das Kerngenom untersucht, in den vergangenen Jahren kamen bei einigen Bakterienarten die Analysen des akzessorischen und regulatorischen Erbguts hinzu. Durch die Kombination der Analyse aller drei Genombereiche haben die Wissenschaftler einen Blick in die Evolution und die Verbreitung dieser Erreger mit bislang einmaliger Auflösung erreicht.

Die molekulare Surveillance, die vollständige Untersuchung von Erregergenomen und die Analyse der Entwicklung und Verbreitung, wird im Infektionsschutz immer wichtiger. Eine wesentliche Voraussetzung dafür sind leistungsfähige Sequenzierautomaten und die Expertise von Bioinformatikern. Das Robert Koch-Institut kooperiert eng mit der Freien Universität Berlin und nutzt neben der eigenen Infrastruktur auch deren Supercomputer.

Herausgeber

Robert Koch-Institut  
Nordufer 20  
D-13353 Berlin

www.rki.de

Twitter: @rki\_de

Pressestelle

Susanne Glasmacher  
(Pressesprecherin)  
Günther Dettweiler  
(stellv. Pressesprecher)  
Heidi Golisch  
Claudia Paape  
Judith Petschelt

Kontakt

Tel.: 030-18754-2239,  
-2562 und -2286  
E-Mail: [presse@rki.de](mailto:presse@rki.de)

Das Robert Koch-Institut  
ist ein Bundesinstitut  
im Geschäftsbereich des  
Bundesministeriums für  
Gesundheit



Originalpublikation: McNally A, Oren Y, Kelly D, Pascoe B, Dunn S, Sreecharan T, Vehkala M, Välimäki N, Prentice MB, Ashour A, Avram O, Pupko T, Dobrindt U, Literak I, Guenther S, Schaufler K, Wieler LH, Zhiyong Z, Sheppard S, McInerney JO, Corander J (2016) Combined analysis of variation in core, accessory and regulatory genome regions provides a super-resolution view into the evolution of bacterial populations. PLoS Genet 12(9): e1006280. doi:10.1371/journal.pgen.1006280.

[http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371%2Fjournal.pgen.1006280&utm\\_source=feedburner&utm\\_medium=feed&utm\\_campaign=Feed%3A%20plosgenetics%2FNewArticles%20%28PLOS%20Genetics%20-%20New%20Articles%29](http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371%2Fjournal.pgen.1006280&utm_source=feedburner&utm_medium=feed&utm_campaign=Feed%3A%20plosgenetics%2FNewArticles%20%28PLOS%20Genetics%20-%20New%20Articles%29)