

Presseinformation



Referat für Presse und Information
www.jki.bund.de

Ihre Ansprechpartnerin:
Dr. Gerlinde Nachtigall
pressestelle@jki.bund.de
Tel.: 0531 / 299-3204

Antibiotikaresistenzen können sich in der Umwelt weiter ausbreiten

Kernaussagen des internationalen EDAR-3 Symposiums, das sich mit den Verbreitungswegen von Antibiotikaresistenzen und ihrem Vorkommen in der Umwelt beschäftigte

(Braunschweig/Wernigerode) „Global steigt der Einsatz von Antibiotika in Humanmedizin und Tierhaltung noch immer. Dies verstärkt die Gefahr der Entstehung von Bakterien mit übertragbaren Resistenzen gegen diese Wirkstoffe nicht nur in Krankenhäusern und Tierställen, sondern auch in der Umwelt“, so ein Fazit der EDAR-3 Tagung „*The Environmental Dimension of Antibiotic Resistance*“ Ende Mai 2015. Insgesamt 155 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 30 Ländern aller Kontinente stellten in Wernigerode/Harz an fünf Tagen ihre aktuellen Forschungsergebnisse vor und diskutierten deren Auswirkungen. Sie stimmten darüber überein, dass es Verbindungen zwischen der Antibiotikaresistenzen in der Umwelt und Resistenzen von klinischen Pathogenen gibt, die es genauer zu erforschen gilt. Eingeladen hatte zu dieser dritten Tagung Prof. Dr. Kornelia Smalla vom Julius Kühn-Institut (JKI) in Braunschweig. Die organisatorische Abwicklung des EDAR-Kongresses lag in den Händen der Conventus GmbH, Jena.

Bekannt ist, dass ein wiederholter Einsatz von Antibiotika zu Resistenzen führen kann. Auch, dass Menschen und Tiere Antibiotika zum großen Teil wieder ausscheiden, die zusammen mit bereits antibiotikaresistenten Bakterien über Abwasser und Gülle in die Umwelt gelangen können, ist gut dokumentiert. Die Fähigkeiten von Bakteriengemeinschaften, sich an den Selektionsdruck durch Antibiotika anzupassen, werden derzeit intensiv erforscht. So spielen Prozesse, die unter dem Begriff „Horizontaler Gentransfer“ zusammengefasst werden, eine wichtige Rolle: Bakterien tragen mobile genetische Elemente, z. B. sogenannte Plasmide, mit denen sie genetische Informationen untereinander austauschen können. Diese mobilen Elemente können nicht nur ein Gen tragen, das zum Beispiel die Resistenz gegen ein bestimmtes Antibiotikum vermittelt, sondern auch gleichzeitig weitere Gene, die die Bakterien beispielsweise gegen andere Antibiotika, Desinfektionsmittel oder Metallverbindungen resistent machen. Dies führt zu Problemen, die als Ko-Selektion bezeichnet werden. Mehrere Experten referierten, dass Antibiotika, die vor allem in der Tierhaltung genutzt werden, bei Bakterien auch Resistenzen gegen andere Antibiotika „ko-selektieren“ können, die für die Humantherapie von Bedeutung sind.

Welche Antibiotika in verschiedenen Umweltbereichen, z. B. im Boden, auftreten und wie sie persistieren, wird wesentlich von ihrer chemischen Struktur bestimmt. In diesem Forschungsfeld

arbeitete das Julius Kühn-Institut im Rahmen der DFG-Forschergruppe 566. Stellvertretend stellte Dr. Jan Siemens (Universität Bonn) vor, dass an die Bodenmatrix gebundene Antibiotika aus der Gruppe der Sulfonamide in kleinen Mengen über mehrere Monate freigesetzt werden. Zudem zeigte er einen Zusammenhang zwischen der Antibiotika-Konzentration im Boden und dem gehäuftem Auftreten von Resistenzgenen und mobilen genetischen Elementen auf (siehe auch JKI-Pressinformation vom 1.7. 2014).

„Kläranlagen und Güllelager sind ohne Zweifel „hot spots“ der bakteriellen Evolution. Hier kommen hohe Bakterienkonzentrationen, ein breites Spektrum an Nährstoffen für Bakterien, verschiedene Antibiotika, aber auch Desinfektionsmittel oder Metallverbindungen zusammen. Dies begünstigt genetische Veränderungen in den Mikroorganismen“, fasst Prof. Smalla eine wichtige Erkenntnis aus den Redebeiträgen ihrer Wissenschaftskolleginnen und Kollegen zusammen. Prof. Dr. Fernando Baquero (CSIC-INTA, Madrid) wies darauf hin, dass bereits sehr geringe Konzentrationen von Antibiotika in der Umwelt beachtliche Effekte auf Bakteriengemeinschaften haben können.

Immer wieder wurden bei den Tagungsbeiträgen die enge Vernetzung unterschiedlicher Lebensräume (Agrar- und aquatische Ökosysteme) sowie die globale Dimension des Themas deutlich. Viele der präsentierten Daten weisen darauf hin, dass es verschiedene Übertragungswege zwischen Landwirtschaft und Humanmedizin gibt.

Die Mikrobiologin Smalla vom Julius Kühn-Institut forscht selbst an Themen, die Dr. Ed Topp (Quebec/Kanada) präsentierte. Alle die Pflanze besiedelnden Mikroorganismen, die auch als Mikrobiom bezeichnet werden, sind durch den Boden und damit auch durch die Nutzung von organischem Dünger (z. B. Gülle) und Beregnungswasser mit der Gesamtheit der Antibiotikaresistenz-vermittelnden Gene (Resistom) verknüpft. Topp konnte dies am Beispiel von Gemüsekulturen wie Tomate, Rettich, Möhre und Salat nachweisen. Trotz aller Fortschritte im Verständnis, warum sich Bakterien bei Selektionsdruck, z. B. durch ein Antibiotikum, genetisch so schnell anpassen können, bleiben doch noch viele Fragen offen. „Vor allem müssen wir die biotischen und abiotischen Faktoren, die die Häufigkeit und Übertragbarkeit von Antibiotikaresistenzgenen beeinflussen, weiter erforschen“, so Professor Smallas Fazit für die eigene Arbeit. Sie hofft, dass mit der heute möglichen Analytik und neuen Methoden die Übertragungswege der Resistenzgene sowie die wichtigsten Einflussfaktoren bereits in naher Zukunft besser verstanden werden.

EDAR-4 wird im Mai 2017 in East Lansing in den USA stattfinden. Prof. James Tiedje von der Michigan State University ist der Organisator.

Wissenschaftlerin:

Prof. Dr. Kornelia Smalla

Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Fachinstitut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Braunschweig

kornelia.smalla@jki.bund.de