

β -Laktam-Antibiotika inaktivieren. Theoretisch ist es daher möglich, dass sich eine Resistenz gegen Carbapeneme ausbreitet, obwohl der Tierarzt beim Nutztier eine andere Wirkstoffgruppe eingesetzt hat. Ist die Resistenz bei Bakterien vorhanden, gibt es viele Ausbreitungswege. Ein Stall ist kein steriler Ort, sondern belebte Umwelt. Mögliche Eintragswege für resistente Bakterien in einen Stall sind z. B. belebte Vektoren wie neu eingestellte Tiere, Mäuse, Fliegen oder Vögel, aber auch unbelebte Vektoren wie Futter, Wasser, Staub oder Gerätschaften.

Was hat sich seit dem Fund der Carbapenemase-bildenden Enterobakterien in Proben aus Nutztierbeständen für Ihre Arbeit beim BfR geändert?

Der Fund hatte vielfältige Konsequenzen. Wir haben vor allem die gezielten Untersuchungsaktivitäten verstärkt. Bakterien-Isolate aus Tierbeständen und Lebensmitteln werden seit 2014 im Rahmen des Resistenzmonitorings im BfR routinemäßig auf eine Carbapenem-Resistenz getestet. Außerdem steht seit 2015 für den Nachweis von Carbapenemase-bildenden Bakterien ein weiteres gezieltes Nachweisverfahren zur Verfügung. Hierzu müssen die Labore geschult werden. Zusätzlich werden im Nationalen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR Carbapenemase-verdächtige Bakterien auf die charakteristischen Resistenzgene hin untersucht. Am BfR wurden hierfür verschiedene Methoden für die Untersuchung von *E. coli* und *Salmonella* etabliert. Bisher wurden sehr selten solche Resistenzgene nachgewiesen: bei Nutztieren das Gen *bla_{VIM-1}*, bei einem Wildvogel das Gen *bla_{NDM-1}*.

Oftmals sind die Resistenzgene gegen Carbapeneme zusammen mit anderen Resistenzgenen auf mobilen genetischen Elementen lokalisiert. Warum ist hier besondere Vorsicht geboten?

Zunächst ist die Trefferwahrscheinlichkeit für eine Selektion höher, wenn mehrere Resistenzgene auf einem genetischen Element liegen, d. h., der Einsatz verschiedener Antibiotika kann zu einem Selektionsvorteil führen. Die Lokalisation von Resistenzgenen auf mobilen genetischen Elementen spielt für die Übertragbarkeit von Resistenzen eine wichtige Rolle. Denn: Diese Resistenzgene können mittels horizontalem Gentransfer auf ganz unterschiedliche Bakteriengruppen übertragen werden. Diese Erkenntnis hat eine Art Revolution ausgelöst. Lange Zeit wurde ein Erreger mit all seinen Eigenschaften als Einheit betrachtet. Kann die Resistenz aber zwischen Bakteriengruppen hin

und her übertragen werden, verfälscht das möglicherweise den Blick auf eine Gruppe. Folglich mussten die Nachweisverfahren umgestellt und die Übertragbarkeit von Resistenzen mit analysiert werden. Erschwerend kommt hinzu, dass ein Resistenzgen auf einem grundsätzlich ungefährlichen



Sammelt ein Infektionserreger über die Zeit mehrere Resistenzmechanismen, kann es sein, dass am Ende gar keine Therapie mehr wirkt.

Bakterium zum Problem werden kann. Manche Bakterien, wie beispielsweise *E. coli*, gehören zur normalen Darmflora. Trägt so ein Bakterium eine Resistenzeigenschaft, ist das erstmal nicht gefährlich. Aber: Es kann diese Eigenschaft möglicherweise an einen Infektionserreger weitergeben.

Welche konkreten Folgen kann eine solche Weitergabe von Resistenzeigenschaften haben?

Sammelt ein Infektionserreger über die Zeit mehrere Resistenzmechanismen, kann es sein, dass am Ende gar keine Therapie mehr wirkt. Schon jetzt weichen Ärzte auf Wirkstoffgruppen aus, die in der Humanmedizin lange verpönt waren. Dies gilt zum Beispiel für Colistin. Für den Menschen ist es nicht gut verträglich, mögliche Nebenwirkungen sind beispielsweise die Schädigung der Nieren oder des Nervensystems. In der Veterinärmedizin hat Colistin seit Jahrzehnten eine erhebliche Bedeutung, vor allem für die Behandlung von Infektionen des Magen-Darm-Traktes bei Nutztieren, auch um andere Wirkstoffgruppen zu vermeiden.

Spielt im Fall von Colistin die Mobilität des Resistenzgens auch eine besondere Rolle?

Inzwischen ja. Bis Ende 2015 waren sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler einig: Eine Colistin-Resistenz ist nicht übertragbar. Das heißt, kommt eine solche Resistenz bei einem Infektionserreger beim Nutztier vor, ist sie nicht per se auf ein humanpathogenes Bakterium übertragbar. Doch Ende 2015 wurde in China erstmals das übertragbare Gen *mcr-1* beschrieben. Untersuchungen in Belgien haben später zur Beschreibung eines weiteren mobilen Gens für die Colistin-Resistenz bei Nutztieren

