



Forschungsverbund FBI-Zoo

Lebensmittel-bedingte zoonotische Infektionen beim Menschen (Food-borne zoonotic infections of humans)

Ansprechpartner (siehe auch Expertenliste):

Prof. Lothar H. Wieler, Inst. für Mikrobiologie und Tierseuchen, Freie Universität Berlin
Tel.: 030 2093 6300, Fax: 030 2093 6067, E-Mail: wieler.lothar@vetmed.fu-berlin.de

Ziele

Im Verbund FBI-Zoo untersuchen Lebensmittelhygieniker, Human- und Tiermediziner die humanmedizinisch bedeutsamen bakteriellen Zoonoseerreger – Escherichia coli (EHEC), Salmonellen, Yersinien und Campylobacter – interdisziplinär hinsichtlich ihrer ökologischen, epidemiologischen und infektiologischen Eigenschaften im Reservoir Tier und beim Menschen.

Ergebnis soll eine signifikante Verbesserung der Diagnostik sein. Insbesondere können durch die Etablierung innovativer molekularer Typisierungsmethoden Ausbrüche schneller und sicher erkannt werden. Zur Erfassung und Auswertung der Typisierungsdaten wird ein online gestütztes Datenbanksystem etabliert, das zu einem Frühwarnsystem weiterentwickelt wird. Mit automatisierter Online-Ausbruchserkennung und direkter automatisierter Warnung ermöglicht es schnelle Schutzmaßnahmen. Da diese Typisierungsmethoden auch bislang nicht bekannte Typen umgehend erfassen, wird das Auftreten neuer Erregervarianten in Echtzeit erkannt.

Hintergründe

Die hier untersuchten Zoonose-Erreger gehören zu den häufigsten bakteriellen Ursachen von Infektionskrankheiten weltweit. In Deutschland werden jährlich weit über 100.000 Fälle gemeldet, bei hoher geschätzter Dunkelziffer. Die Erreger werden auf direktem Weg vom Tier auf den Menschen oder indirekt über Tierprodukte (vor allem Lebensmittel) oder kontaminierte Pflanzen übertragen. Sie verursachen beim Menschen neben Durchfallerkrankungen unter anderem Autoimmunkrankheiten wie z.B. das Guillain-Barré Syndrom (GBS) und bestimmte Formen von Arthritis sowie das Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS). Die ökonomischen Verluste durch Sperrung von Lebensmittelchargen (mehrere Mrd. Euro pro Jahr) und die Gesundheitskosten sind unverträglich hoch: Für Salmonellosen werden beispielsweise – die Kosten für Krankenhausaufenthalte nicht mitgerechnet – mehr als 1 Mrd. Euro pro Jahr geschätzt. Entstehung neuer Erregervarianten sowie Eintritts- und Verbreitungswege von Erregern können ohne molekulare Typisierung nicht erkannt werden, weshalb auch keine erfolgreiche Intervention stattfinden kann.

Bisherige Ergebnisse und aktuelle Arbeit

Durch die assoziative Auswertung epidemiologischer Daten mit molekularen Typisierungsergebnissen ist das Management EHEC-infizierter Patienten gezielter möglich, da nur bestimmte Subtypen des Erregers mit schweren Krankheitsverläufen assoziiert sind. Bei bestimmten EHEC-Typen kann auch die Behandlung mit bestimmten Antibiotika die Toxizität der in den E. coli-Bakterien befindlichen Phagen erhöhen und dadurch letztlich kontraproduktiv sein. Die Erregertypisierung ermöglicht eine entsprechende Anpassung der Therapie. Die erstmalige Sequenzanalyse von Y. enterocolitica Serotyp O3 ermöglicht neue Einblicke in die Pathogenitätsmechanismen dieses Erregers. Bislang existiert kein valides Typisierungsschema für Campylobacter, dieses wird in FBI-Zoo anhand DNA-Sequenzbasierter Techniken zunächst auf der Basis einer Multilokus-Sequenztypisierung etabliert.