

ANTIBIOTIKARESISTENZ

Mittwoch, 14.06.2017, 17:00 Uhr, Hörsaal B, Fachbereich Chemie, Martin-Luther-King-Platz 6

Resistenz hoch, höher, Tuberkulose

Prof. Dr. Stefan Niemann

Forschungszentrum Borstel, Leibniz-Zentrum für Medizin und Biowissenschaften,
Molekulare und Experimentelle Mykobakteriologie
E-Mail: sniemann@fz-borstel.de

Mit ca. 9 Millionen Erkrankten und 1,5 Millionen Toten pro Jahr zählt die Tuberkulose (TB) auch heute noch zu den weltweit am häufigsten zum Tode führenden Infektionskrankheiten. Besonders besorgniserregend ist das vermehrte Auftreten von resistenten, multiresistenten (MDR) und extensiv resistenten (XDR) *Mycobacterium tuberculosis*-Komplex (MTBK)-Stämmen.



Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) schätzt, dass 2015 ca. ein halbe Millionen Menschen neu an einer MDR-TB erkrankten, bei ca. 9,5 % davon handelt es sich schon um eine XDR-TB. Insgesamt starben 2015 mehr als 200.000 Menschen an den Folgen einer M/XDR-TB.

Generell ist die Behandlung von M/XDR-Patienten, im Vergleich zu Patienten mit sensibler TB, langwieriger und deutlich schwieriger. Der Behandlungserfolg von MDR-TB Patienten liegt nur bei ca. 50%, bei XDR-TB Patienten ist er mit unter 30% noch einmal niedriger.

Für die erfolgreiche Kontrolle der M/XDR-TB Epidemie ist eine schnelle Diagnostik, adäquate Therapie und das Aufdecken von Infektionsketten zwingend erforderlich. So ist die genaue Kenntnis der aktuellen TB-Epidemiologie in einer bestimmten Region von entscheidender Bedeutung für die Optimierung von Bekämpfungsmaßnahmen und die frühe Erkennung zukünftiger Entwicklungen wie zum Beispiel der vermehrten Übertragung resistenter MTBK-Stämme. In der Tat zeigen aktuelle Studien, dass Ausbrüche von MDR-Stämmen ein wichtiger Faktor für die beobachtete Zunahme an M/XDR-TB-Fällen darstellen und die M/XDR-Raten in einer Region signifikant beeinflussen können.

Hier bieten moderne „Next Generation Sequencing“ (NGS)-Verfahren für die Genomanalyse der Erreger neue Ansätze für Diagnostik und Epidemiologie. Die Anwendung genom-basierter Verfahren für mikrobiologische Fragestellungen und die Analyse der Ausbreitung von Pathogenen ist hierbei erst durch die Verfügbarkeit schneller und kostengünstiger NGS-Verfahren möglich geworden. Neuere sogenannte „Bench Top“ Geräte können in den Workflow eines normalen Labors integriert werden und erlauben eine kosteneffektive Analyse kleinerer Datensätze auch im Routinebetrieb eines mikrobiologischen Labors. Zudem stehen einfache Verfahren für die Probenvorbereitung zur Verfügung, die die Durchführung der Genomsequenzierung auch von geringen DNA-Mengen ermöglichen.