

Eine Mixtur aus einer Million Peptide als ein zukünftiges Antibiotikum?

Forschungsteam der Freien Universität Berlin, der Hebrew University und der ETH Zürich zeigt neuen Ansatz, um Antibiotikaresistenz zu minimieren

Antibiotika sind aus der modernen Medizin nicht mehr wegzudenken. Sie werden nicht nur bei bakteriellen Infektionen eingesetzt, sondern auch prophylaktisch bei vielen Operationen. Allerdings führt dieser massenhafte Einsatz dazu, dass inzwischen viele Bakterien resistent gegen Antibiotika sind. Dies hat dramatische Konsequenzen, es wird geschätzt, dass weltweit circa 5 Millionen Menschen an antibiotika-resistenten Keimen jährlich sterben. Neben neuen Diagnosemöglichkeiten und gezielterem Einsatz sind weiterhin neue Medikamente erforderlich. Eine Idee ist, Kombinationen von Antibiotika zu verwenden, um den Bakterien die Entwicklung von Resistenzen zu erschweren. Eine Studie (The evolution of antimicrobial peptide resistance in *Pseudomonas aeruginosa* is severely constrained by random peptide mixtures), die in der renommierten Fachzeitschrift PLOS Biology erscheint, geht noch einen Schritt weiter und untersucht eine Mischung von bis zu einer Million verschiedener Moleküle.

(<https://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.3002692>)

Forschende der Freien Universität Berlin, der Hebrew University und der ETH Zürich haben untersucht, ob und wie *Pseudomonas aeruginosa*, einer der wichtigsten bakteriellen Erreger laut Weltgesundheitsorganisation, Resistenz gegen neuartige Antibiotika entwickelt. Dabei handelt es sich um antimikrobielle Peptide, eine Klasse von Substanzen, die alle Lebewesen nutzen. Eines dieser Peptide wird per Zufall aus zwei Aminosäuren, den Bausteinen des Lebens synthetisiert. Als Resultat dieses Prozesses enthält die Mischung dieser ‚Zufallspeptide‘ eine Million verschiedene Substanzen. „Innerhalb von vier Wochen, einem üblichen Behandlungszeitraum für eine Patientin mit einer Lungeninfektion durch *Pseudomonas aeruginosa*, konnten wir in unseren Labor-Experimenten keine Resistenz gegen das Zufallspeptid erzielen, aber gegen alle anderen getesteten Substanzen“, sagt der Erstautor der Studie, Evolutionsbiologe Dr. Bernardo Antunes von der Freien Universität Berlin. Dies konnte durch eine Kombination aus Evolution im Labor, Genom-Analysen und mathematischer Modellierung untermauert werden. „Auch wenn der Schritt zur Anwendung noch weit ist“, betont der Leiter der Studie Prof. Dr. Jens Rolff, Biologe an der Freien Universität Berlin, „zeigt unsere Arbeit, wie vielversprechend vielfältige Kombinationen sind, um antimikrobielle Resistenzen zu vermeiden“.

Originalpublikation:

Antunes B, Zanchi C, Maron B, Witzany C, Regoes R, Hayouka Z, Rolff J. Evolution of antimicrobial peptide resistance in *Pseudomonas aeruginosa* severely constrained by random peptide mixtures. PLoS Biology, (<https://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.3002692>)