

Neue Studie gibt Einblicke in die globale Verbreitung des multiresistenten und humanpathogenen *S. maltophilia* Erregers

Ein internationales Konsortium unter der Leitung des Forschungszentrums Borstel, Leibniz Lungenzentrum, hat erstmals die weltweite Populationsstruktur und Verbreitung opportunistischer, multiresistenter Krankheitserreger des *Stenotrophomonas maltophilia*-Komplexes untersucht. Die jetzt in *Nature Communications* veröffentlichte Studie liefert ein systematisches Verständnis der globalen Phylogenie von *S. maltophilia*-Stämmen und ermöglicht eine effiziente Überwachung auf der Grundlage eines neu entwickelten genomischen Klassifikationssystems.

Bakterien aus dem *S. maltophilia*-Komplex kommen in verschiedenen natürlichen und mit dem Menschen assoziierten Ökosystemen vor. Zudem handelt es sich bei diesem Keim um einen opportunistischen Erreger, der im Krankenhaus erworbene, antibiotikaresistente Infektionen verursacht. Besonders gefährlich kann dies für Patienten mit Immunsuppression oder bereits bestehenden entzündlichen Lungenerkrankungen wie z.B. einer Mukoviszidose werden. Obwohl fast jedes Organ betroffen sein kann, sind Infektionen der Atemwege, Bakteriämie oder katheterbedingte Infektionen der Blutbahn am häufigsten.

Besonders alarmierend ist die inhärente Resistenz der *S. maltophilia*-Stämme gegen eine große Zahl von Antibiotika, was die Behandlungsmöglichkeiten stark einschränkt. Angesichts der zunehmenden Bedeutung der Erreger und der oftmals schweren klinischen Folgen einer Infektion, sind Erkenntnisse über die Virulenzfaktoren der *S. maltophilia* Bakterien sowie über die lokale und globale Verbreitung dringend erforderlich.

„Jüngste Berichte weisen auf die weltweite Verbreitung klar definierter und sehr erfolgreicher Untergruppen verschiedener Erreger im Krankenhaus-umfeld hin. Über die *S. maltophilia* Bakterien liegen jedoch nur wenige Informationen vor, da die Infektionen nicht routinemässig gemeldet und systematisch analysiert werden“, so Prof. Stefan Niemann, Leiter des Konsortiums und Leiter der Forschungsgruppe Molekulare und Experimentelle Mykobakteriologie am Forschungszentrum Borstel.

Die Wissenschaftler*innen eines Bioinformatik-Unternehmens und renommierter Forschungseinrichtungen aus insgesamt acht Ländern etablierten zunächst einen Genotypisierungsansatz, der die standardisierte Analyse der verschiedenen Genome von *S. maltophilia*-Stämmen ermöglicht, indem die Genomsequenzen in einen einzigartigen und stammspezifischen Barcode übersetzt werden (whole-genome Multilocus Sequence Types). Im nächsten Schritt führten sie eine groß angelegte genombasierte Analyse einer weltweiten Sammlung von 1305 *S. maltophilia*-Isolaten aus 22 Ländern durch, um die globale Phylogenie zu definieren und die internationale und lokale Verbreitung bestimmter Subtypen zu erfassen.

Ein wichtiges Ergebnis dieser Analyse war, dass der *S. maltophilia*-Komplex in insgesamt 23 Linien mit unterschiedlichem Vorkommen unterteilt ist. Stämme einer bestimmten Abstammungslinie traten weltweit auf und hatten die höchste Rate an human-assoziierten Stämmen. Zudem war diese „Sm6“ genannte Linie durch das Vorkommen wichtiger Virulenz- und Resistenzgene

gekennzeichnet. „Dies deutet darauf hin, dass eine spezielle Gen-Ausstattung die Verbreitung verschiedener *S. maltophilia*-Subtypen im Krankenhausumfeld, d.h. unter antimikrobieller Behandlung, fördern kann“, sagt Matthias Gröschel, Erstautor der Studie von der Medizinischen Fakultät der Harvard Universität.

Die Übertragungsanalyse konnte zudem mehrere potenzielle Ausbruchseignisse genetisch eng verwandter Stämme identifizieren, die innerhalb von Tagen oder Wochen in denselben Krankenhäusern isoliert wurden. „Zusammen mit Studien zu anderen Krankheitserregern zeigen unsere Ergebnisse, wie eine systematische genombasierte Überwachung von *S. maltophilia* und anderen Erregern im Krankenhausumfeld helfen kann, um Übertragungswege zu definieren und die Infektionskontrolle zu verbessern“, fügt Thomas Kohl vom Forschungszentrum Borstel, Seniorautor der Studie, hinzu.

In Zukunft sollen weitere Forschungsprojekte auf den Weg gebracht werden, um mittels genombasierter Instrumente das Verständnis dieses aufkommenden Krankheitserregers zu vertiefen, insbesondere im Hinblick auf mögliche Übertragungswege des Erregers im Krankenhausumfeld.

Originalpublikation:

Gröschel, M.I., Meehan, C.J., Barilar, I. et al. The phylogenetic landscape and nosocomial spread of the multidrug-resistant opportunist *Stenotrophomonas maltophilia*. Nat Commun 11, 2044 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15123-0>