

Resistenter Tuberkulosestamm: Von Tests übersehen und schwer behandelbar

Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler vom Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum, sowie dem Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) haben einen multiresistenten Tuberkulosestamm im südlichen Afrika identifiziert, der mit dem modernen Standardtest nicht erkannt wird und auch gegen ein neues Antibiotikum sowie ein seit kurzem gebräuchliches bereits resistent ist. Die Ergebnisse wurden in der Fachzeitschrift *Genome Medicine* veröffentlicht.

Etwa 1,4 Millionen Menschen sterben weltweit pro Jahr an den Folgen der Tuberkulose (TB). Eines der größten Probleme bei der Behandlung stellt die zunehmende Resistenzentwicklung dar: Der auslösende Erreger, das *Mycobacterium tuberculosis*, wird immer häufiger unempfindlich gegen die angewandten [Antibiotika](#) – die [Bakterien](#) lassen sich dann nicht mehr mit diesen Medikamenten bekämpfen.

Auch Eswatini (vorher: Swasiland) im südlichen Afrika, ist ein Land mit hoher TB-Rate (363 Neuerkrankungen pro 100.000 Einwohner), etwa neun Prozent der Erkrankten sind mit einer multiresistenten Variante infiziert. Ein Forschungsteam um Prof. Stefan Niemann, FZ Borstel und DZIF, hat mittels Gesamtgenomsequenzierung gezeigt, dass mehr als ein Drittel der multiresistenten Tuberkulose-Fälle in Eswatini durch einen TB-Ausbruchsstamm verursacht wird, der mit den aktuell verwendeten Tests nicht nachgewiesen werden kann. In Eswatini wird zum Nachweis multiresistenter TB standardmäßig der von der [WHO](#) empfohlene sogenannte Xpert MTB/RIF-Test eingesetzt. Darüber hinaus sind demnach mehr als die Hälfte der aus Patientinnen und Patienten isolierten Erreger dieses Ausbruchsstammes unempfindlich gegen das neue Antibiotikum Bedaquilin und das für die Therapie von multiresistenten Erregern wichtige Antibiotikum Clofazimin.

„Dass der Erregerstamm von diesem Test nicht als multiresistent erkannt wird, hat zur Konsequenz, dass die Patienten fälschlicherweise als „sensibel“ eingestuft und mit Standardantibiotika behandelt werden, was erfolglos bleibt. Dadurch kann sich der Erreger auch schneller weiterverbreiten“, sagt der federführende Autor Prof. Niemann. Die Ergebnisse stellen die Rolle molekularer Schnelltests wie Xpert MTB/RIF in Regionen mit häufigem Vorkommen solcher Isolate in Frage und unterstreichen die Bedeutung von Methoden, die alle multiresistenten TB-Fälle nachweisen können, wie beispielsweise die Genomsequenzierung.

Quelle:

[Pressemitteilung Forschungszentrum Borstel](#)