

Praxis-Informationen

Entstehung und globale Ausbreitung multiresistenter Salmonellen

Quelle: Applied and Environmental Microbiology 82 (8):2516-2526

Salmonellen zählen weltweit zu den häufigsten Lebensmittel assoziierten Krankheitserregern. Für die USA werden jährlich 1,4 Million Salmonellosen, 17.000 Klinikaufenthalte und 600 Todesfälle geschätzt. Global wird *Salmonella enterica* serovar Typhimurium am häufigsten isoliert. *S. Typhimurium* besteht aus mehreren Subtypen, die klassisch mittels Phagentypisierung definiert sind. In den letzten 3 Jahrzehnten ist als der bedeutendste und am besten untersuchte Phagentyp der *S. Typhimurium* Phagentyp DT104 aufgrund seiner schnellen globalen Verbreitung hervorgetreten. DT104 ist typischerweise resistent gegen die Antibiotika Ampicillin, Chloramphenicol, Streptomycin, Sulfonamid und Tetracyclin (ACSSuT) und kann zusätzliche Resistenzen gegen klinisch wichtige Antibiotika erwerben. Diese MDR- (*multi-drug resistant*) Form, MDR DT104, kann alle domestizierten Nutztiere infizieren.

Forscher der Technischen Universität Dänemarks, des Instituts Pasteur (F), der University of Oxford (UK) und des Oak Ridge National Laboratory (USA) haben anhand von Vergleichen der (gesamten) Erbinformationen von 315 Isolaten des gegen mehrere Antibiotika resistenten Salmonellen-Phagentyp *Salmonella enterica* serovar Typhimurium DT104 (MDR DT104) dessen globale Ausbreitung seit dem ersten „Autauchen“ vor etwa 30 Jahren (erstmalig in 1984) nachgezeichnet (LEEKITCHAROENPHON und Mitarbeiter [2016] *Global Genomic Epidemiology of Salmonella enterica Serovar Typhimurium DT104*). Komplette Genome von Isolaten unterschiedlichen globalen Ursprungs wurden sequenziert und einer zeitlich strukturierten Sequenzanalyse unterworfen. Daraus wurden zeitliche und räumliche Entwicklungslinien abgeleitet sowie Mutationsraten und Divergenzzeiten abgeschätzt. Die Stämme wurden zwischen 1969 und 2012 in 21 Ländern auf 6 Kontinenten isoliert.

Es wurde geschätzt, dass DT104 zunächst als Antibiotika empfindlicher Keim in 1948 (95 % Wahrscheinlichkeitsbereich [Wb]: 1934 bis 1962) auftauchte und erst später, in 1972 (95 % Wb: 1972 – 1988) mehrfachresistent (MDR) wurde, und zwar durch den horizontalen Transfer der 13-kb *Salmonella* genomischen Insel 1 (SGI1) MDR Region in sensitive Stämme, die SGI1 bereits enthielten.

Dem folgten multiple Übertragungseignisse, zunächst von Zentral-Europa und später zwischen mehreren europäischen Ländern. Voneinander unabhängig erfolgten Übertragungen nach USA und Japan, von dort gelangte MDR DT104 dann wahrscheinlich nach Taiwan und Kanada.

Ein unabhängiger Erwerb von Resistenzgenen erfolgte in Thailand in 1975 (95 % Wb 1975 bis 1990). In Dänemark erfolgte eine Transmission zwischen Tierherden. Mit dem dänischen Salmonellen-Bekämpfungsprogramm wurde MDR DT104 von 1996 – 2000 erfolgreich zurückgedrängt. Die Ergebnisse der Studie widerlegen mehrere Hypothesen zur Evolution von DT104 und legen nahe, dass die Genomsequenzierung nutzbringend im Rahmen des Monitorings neu auftauchender Klone und der Entwicklung von Strategien zur Prävention von Salmonella-Infektionen eingesetzt werden kann.

KRÖCKEL