

# Krank durch Lebensmittelkeime: Erbgut enttarnet Infektionsquelle

Die Aufklärung lebensmittelbedingter Krankheitsausbrüche ist für verantwortliche Behörden ein Wettlauf gegen die Zeit. Je eher die Quelle gefunden wird, desto weniger Krankheits- und Todesfälle und Kosten entstehen. Der Einsatz der Gesamtgenomsequenzierung bei der Erregercharakterisierung ermöglicht es, Infektionsquellen eindeutig zu identifizieren. Auch das BfR nutzt diese Technologie als Untersuchungsmethode.

Um ein Lebensmittel als Quelle von Infektionserkrankungen zu erkennen oder auszuschließen, werden labordiagnostische Untersuchungsmethoden zur Charakterisierung der Krankheitserreger eingesetzt. Das grundlegende Prinzip dahinter: Der ursächliche Keim wird bei Erkrankten isoliert und mit Isolaten des gleichen Erregers aus Lebensmitteln verglichen. Für den Vergleich werden bestimmte Eigenschaften, zum Beispiel die Erbinformationen des Erregers wie die DNA oder RNA, herangezogen. Auf diese Weise wird die Verwandtschaft der Isolate bestimmt und gegebenenfalls eine gemeinsame Herkunft festgestellt. Je umfassender eine Methode den Erreger charakterisiert, desto zuverlässiger ist das Ergebnis des Abgleichs.

## Gesamtgenomsequenzierung durchleuchtet Zellen

Mit herkömmlichen Methoden wie der Pulsfeld-Gel-elektrophorese konnten bisher nur Abschnitte der Erbinformation bestimmt und verglichen werden. Die gewonnenen Informationen waren oft unzureichend, um ein Lebensmittel sicher als die Infektionsquelle zu identifizieren. Gesamtgenomsequenzierungen erlauben es hingegen, die kompletten Erbinformationen von Viren, Bakterien- und Parasitenzellen zu entschlüsseln. Gesamtgenomsequenzierungen durchleuchten die Erbinformation; das ist vergleichbar mit der Vorstellung, dass jemand das Licht in einem dunklen Raum anschaltet und man erkennt, was sich in ihm befindet. Ohne Licht wären die Gegenstände nur schemenhaft zu erkennen.

## Listeriose-Ausbruch aufgeklärt

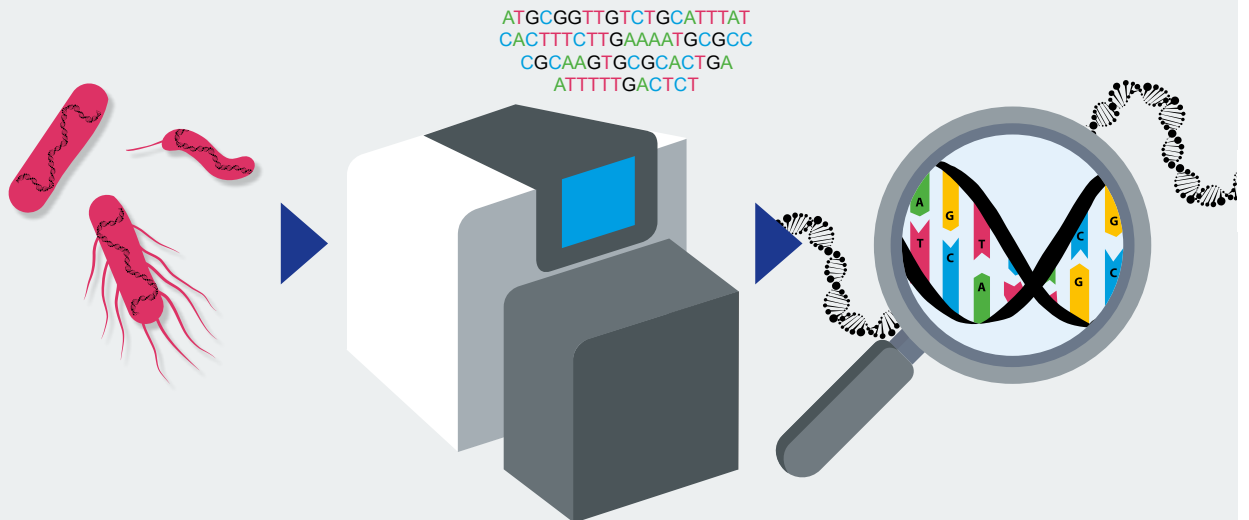
Licht ins Dunkel brachte die Gesamtgenomsequenzierung zum Beispiel bei der Aufklärung eines langanhaltenden Listeriose-Ausbruchs in Süddeutschland: In den Jahren 2012 bis 2016 waren 78 Menschen durch den gleichen Stamm des Bakteriums *Listeria monocytogenes* erkrankt, acht von ihnen starben. Patientenbefragungen lieferten nur vage Hinweise, welches Lebensmittel die Ursache des Ausbruchs sein könnte. Der Grund hierfür ist, dass bei einer Listeriose oft mehrere Wochen zwischen dem Verzehr des kontaminierten Lebensmittels und dem Auftreten der Krankheitssymptome vergehen. Für Erkrankte ist es nicht leicht, sich nach so langer Zeit im Detail an verzehrte Lebensmittel zu erinnern. Durch die Schwere der Erkrankung können Betroffene zudem oft erst spät oder gar nicht befragt werden.

Das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR hat daher mehr als 500 Isolate des Listerioseerregers aus verschiedenen Lebensmitteln



Grundlage für Gesamtgenomsequenzierungen sind Erbinformationen, beispielsweise DNA aus Isolaten pathogener Keime.

## Das Prinzip der Gesamtgenomsequenzierung



**Pathogene Bakterien**  
mit Erbinformation  
(z.B. aus Lebensmitteln  
oder von Patienten)

**Gesamtgenomsequenzierung**  
der bakteriellen Erbinformation

**Detaillierte Informationen**  
über die pathogenen Bakterien,  
z.B. für die Aufklärung von  
Krankheitsausbrüchen

typisiert. Mit den bis dahin üblichen Methoden wurden mehrere Lebensmittel unterschiedlicher Herkunft als mögliche Infektionsquelle identifiziert. Erst durch den Einsatz der Gesamtgenomsequenzierung gelang die richtige Zuordnung: Im März 2016 testete ein amtliches Untersuchungslabor in Bayern ein Schweinefleischprodukt positiv auf *Listeria monocytogenes*. Die Sequenzierung dieses Isolats am BfR ergab: Dessen Erbinformation war identisch mit der DNA der *Listeria monocytogenes*-Isolate, die bei den Erkrankten gefunden wurden. Andere Lebensmittel, die zuvor aufgrund der bisherigen Methoden als Infektionsquelle in Betracht kamen, konnten ausgeschlossen werden.

### Neue Herausforderungen

Die neue Welt der Gesamtgenomsequenzierung fordert die Wissenschaft heraus: Es werden riesige Datenmengen erzeugt, die ausgewertet, verwaltet und für die Labore zugänglich gemacht werden müssen. Wie bei jeder neuen Methode gilt es, internationale Standards zu entwickeln und Datenbanken zu etablieren. Das

BfR ist hierzu an nationalen und europäischen Drittmittelprojekten beteiligt, die die Harmonisierung der Technik, den Genomdatenbankaufbau und den Wissensaustausch fördern. Die Anwendung der Gesamtgenomsequenzierung ermöglicht es, die Verbreitung mikrobieller Erreger durch Lebens- und Futtermittel über Landesgrenzen hinweg präzise zu verfolgen und Krankheitsausbrüche zu stoppen oder bereits im Vorfeld zu verhindern. ■

#### Mehr erfahren:

Lüth et al. 2018: Whole genome sequencing as a typing tool for foodborne pathogens like *Listeria monocytogenes* – The way towards global harmonisation and data exchange. Trends Food Sci Technol. 73: 67–75.

Kleta et al. 2017. Molecular tracing to find source of protracted invasive listeriosis outbreak, Southern Germany, 2012–2016. Emerg Infect Dis. 23 (10): 1680–1683.

[www.bfr.bund.de](http://www.bfr.bund.de) > Forschung > Drittmittelprojekte > Expositionsschätzung und Bewertung biologischer Risiken

[www.engage-europe.eu](http://www.engage-europe.eu)