

Resistenzgene in Lebensmitteln

Open Science > Medizin - Mensch - Ernährung > Resistenzgene in Lebensmitteln



, Bild: Michael Bernkopf/Vetmeduni

Eine aktuelle Studie des FFoQSI (Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety & Innovation) der Vetmeduni und der Universität León in Spanien widmet sich der Untersuchung antimikrobieller Resistenzgene in Lebensmitteln und Produktionsumgebungen in Europa. Die Ergebnisse wurden in der renommierten Fachzeitschrift *Nature Microbiology* veröffentlicht und liefern wichtige Erkenntnisse zur Lebensmittelsicherheit und zum Umgang mit antimikrobiellen Resistenzen.

Im Fokus der Studie steht das sogenannte Resistom – die Gesamtheit der Gene, die Bakterien resistent gegen Antibiotika machen. Obwohl bereits bekannt war, dass die Lebensmittelkette als Übertragungsweg für antibiotikaresistente Bakterien dienen kann, ist diese Untersuchung nach Angabe der Forscher:innen die bislang umfassendste und detaillierteste ihrer Art.

Verbreitung von Resistenzgenen in Lebensmitteln

Die Forscher:innen analysierten knapp 2.000 Proben aus Rohstoffen und Lebensmitteln wie Milch, Fleisch, Fisch, Käse und Gemüse sowie von Oberflächen und industriellen Umgebungen aus über 100 europäischen Unternehmen – darunter 18 Betriebe in Vorarlberg und Kärnten in Österreich.

„Die Ergebnisse zeigen, dass mehr als 70 % der bekannten Antibiotikaresistenzgene entlang der gesamten Lebensmittelproduktionskette vorkommen. Allerdings ist nur ein Teil dieser Gene besonders häufig vertreten“, erklärt Martin Wagner, wissenschaftlicher Leiter des FFoQSI. Hervorzuheben sind Resistenzgene, die mit Tetracyclinen, Beta-Lactamen, Aminoglykosiden und Makroliden in Verbindung stehen – Antibiotikaklassen, die für die Behandlung von Infektionen bei Menschen und Tieren von zentraler Bedeutung sind. „Die Analyse identifizierte zudem die Hauptträger dieser Gene. Viele von ihnen zählen zur ESKAPEE-Gruppe, die für schwer behandelbare Krankenhausinfektionen bekannt ist“, so Wagner weiter. Zur ESKAPEE-Gruppe zählen unter anderem *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* und *Klebsiella pneumoniae*. Weitere nachgewiesene Arten umfassen *Staphylococcus equorum* und *Acinetobacter johnsonii*. Bemerkenswert ist, dass fast 40 % dieser Gene mit Plasmiden assoziiert sind – mobilen genetischen Elementen, die den Gentransfer zwischen Bakterien erleichtern und somit das Risiko der Ausbreitung von Resistenzen erhöhen können.

Die Studie liefert außerdem wertvolle Erkenntnisse darüber, wie bestimmte industrielle Prozesse und Produktionsbedingungen die Verbreitung und Präsenz dieser Gene beeinflussen können. Dies eröffnet neue Möglichkeiten, um Lebensmittelsysteme nachhaltiger und sicherer zu gestalten. Laut den Forschenden sind diese Ergebnisse von entscheidender Bedeutung, um effektivere Strategien für den Einsatz von Antibiotika in der Lebensmittelproduktion zu entwickeln. Sie sollen zudem als Grundlage für politische Entscheidungen dienen, um der wachsenden Herausforderung durch antimikrobielle Resistenzen entgegenzuwirken.

Europäische Zusammenarbeit im Projekt MASTER

Die Untersuchung ist Teil des europäischen Projekts [MASTER](#) (Microbiome Applications for Sustainable food systems through Technologies and Enterprise) und wurde von Narciso M. Quijada (FFoQSI/Vetmeduni, derzeit: Institute of Functional Biology and Genomics, IBFG, CSIC-USAL, Spanien) und Martin Wagner (FFoQSI GmbH/Vetmeduni) sowie Avelino Álvarez-Ordóñez und José Francisco Cobo Díaz von der Universität León (Spanien) geleitet.

bg, 11.08.2025

Quellenangaben

Presseaussendung der Vetmeduni: Resistenzgene in Lebensmitteln: Produktionssysteme im Fokus, 7.8.2025

Originalpublikation:

Quijada, N. M., Cobo-Díaz, J. F., Valentino, V., Barcenilla, C., De Filippis, F., Cabrera-Rubio, R., Carlino, N., Pinto, F., Dzieciol, M., Calvete-Torre, I., Sabater, C., Rubino, F., Knobloch, S., Skirnisdottir, S., Ruiz, L., López, M., Prieto, M., Marteinson, V. T., Margolles, A., ... Álvarez-Ordóñez, A. (2025). The food-associated resistome is shaped by processing and production environments. *Nature Microbiology*, 10(8), 1854–1867.

<https://doi.org/10.1038/S41564-025-02059-8>