

Zoonosen: Bekannte und neue Infektionskrankheiten – eine Herausforderung für die Forschung an der Schnittstelle von Human- und Veterinärmedizin

Viele humane Infektionskrankheiten entstehen durch Übertragung von Pathogenen zwischen Tier und Mensch. Die zugrunde liegenden Mechanismen an der Schnittstelle Tier – Mensch sind zentraler Forschungsgegenstand zur Prävention, Diagnose und Therapie zoonotischer Infektionskrankheiten. In elf themenspezifischen, interdisziplinären Forschungsverbänden, gefördert vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), werden zentrale Fragestellungen verschiedener zoonotischer Infektionskrankheiten erforscht.

Infektionskrankheiten sind laut der WHO mit mehr als 26% zweithäufigste Todesursache weltweit. Nur wenige Infektionskrankheiten betreffen ausschließlich den Menschen; die meisten humanen Krankheitserreger zirkulieren in Tieren oder weisen einen nicht-humanen Ursprung auf. Klassische Zoonosen, verursacht durch Krankheitserreger, die unter natürlichen Bedingungen wechselseitig zwischen Wirbeltieren und Menschen übertragen werden können, rufen immer wieder Krankheitsausbrüche globalen Ausmaßes hervor. Von über 1400 bekannten humanen Pathogenen weisen 61% zoonotisches Potenzial auf.^[1] Zoonosen werden sowohl durch Viren, Bakterien, Pilze, Parasiten als auch durch Prionen hervorgerufen, deren Bedeutung aufgrund des Klimawandels, einer gestiegenen Mobilität sowie veränderter Rahmenbedingungen der Nutztierzucht und -haltung ständig wächst.^[2] Die Bedeutung von Tieren als natürliches Reservoir und die Mechanismen, die beim Überschreiten der Artgrenzen wirken, sind bislang nur unvollständig aufgeklärt. Wolfe et al. postulieren fünf verschiedene Stadien zur Kategorisierung von humanpathogenen Krankheitserregern.^[3] Erreger der Kategorie I umfassen ausschließlich Pathogene, die Tiere befallen, wohingegen Kategorie V-Erreger nur Menschen infizieren können (Abb. 1). Die Grundlage zur Prävention, Diagnose und Therapie von zoonotischen Infektionskrankheiten ist die interdisziplinäre Erforschung der Mechanismen, die bei den Transmissionsprozessen vom Tier auf den Menschen greifen.

DIE AKTEURE

Seit 2007 fördert das BMBF Forschungsverbände zu zoonotischen Infektionskrankheiten. Das themenübergrei-

fende Ziel aller Forschungsverbände besteht in der interdisziplinären Erforschung der Übertragungs- und Pathogenitätsmechanismen humanpathogener Krankheitserreger. Die Heterogenität der zoonotischen Infektionserreger spiegelt sich in der Vielfalt der elf Forschungsverbände wider, deren infektionsmedizinischer Hintergrund und Zielsetzung nachfolgend vorgestellt wird.

FBI-Zoo: Lebensmittelbedingte zoonotische Infektionen beim Menschen (Food-borne zoonotic infections of humans)

Die hier untersuchten Zoonose-Erreger gehören zu den häufigsten bakteriellen Ursachen von Infektionskrankheiten weltweit. Die Erreger werden auf direktem Weg vom Tier auf den Menschen oder indirekt über Tierprodukte (vor allem Lebensmittel) oder kontaminierte Pflanzen übertragen. Sie verursachen beim Menschen neben Durchfallerkrankungen unter anderem Autoimmunkrankheiten wie z.B. das Guillain-Barré-Syndrom (GBS) und bestimmte Formen von Arthritis sowie das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS). Die ökonomischen Verluste durch Sperrung von Lebensmittelchargen (mehrere Mrd. Euro pro Jahr) und die Gesundheitskosten sind hoch: Für Salmonellosen werden beispielsweise – die Kosten für Krankenhausaufenthalte nicht mitgerechnet – mehr als 1 Mrd. Euro pro Jahr geschätzt.

Im Verbund FBI-Zoo untersuchen Lebensmittelhygieniker, Human- und Tiermediziner die humanmedizinisch bedeutsamen bakteriellen Zoonoseerreger – *Escherichia coli* (EHEC), Salmonellen, Yersinien und *Campylobacter*

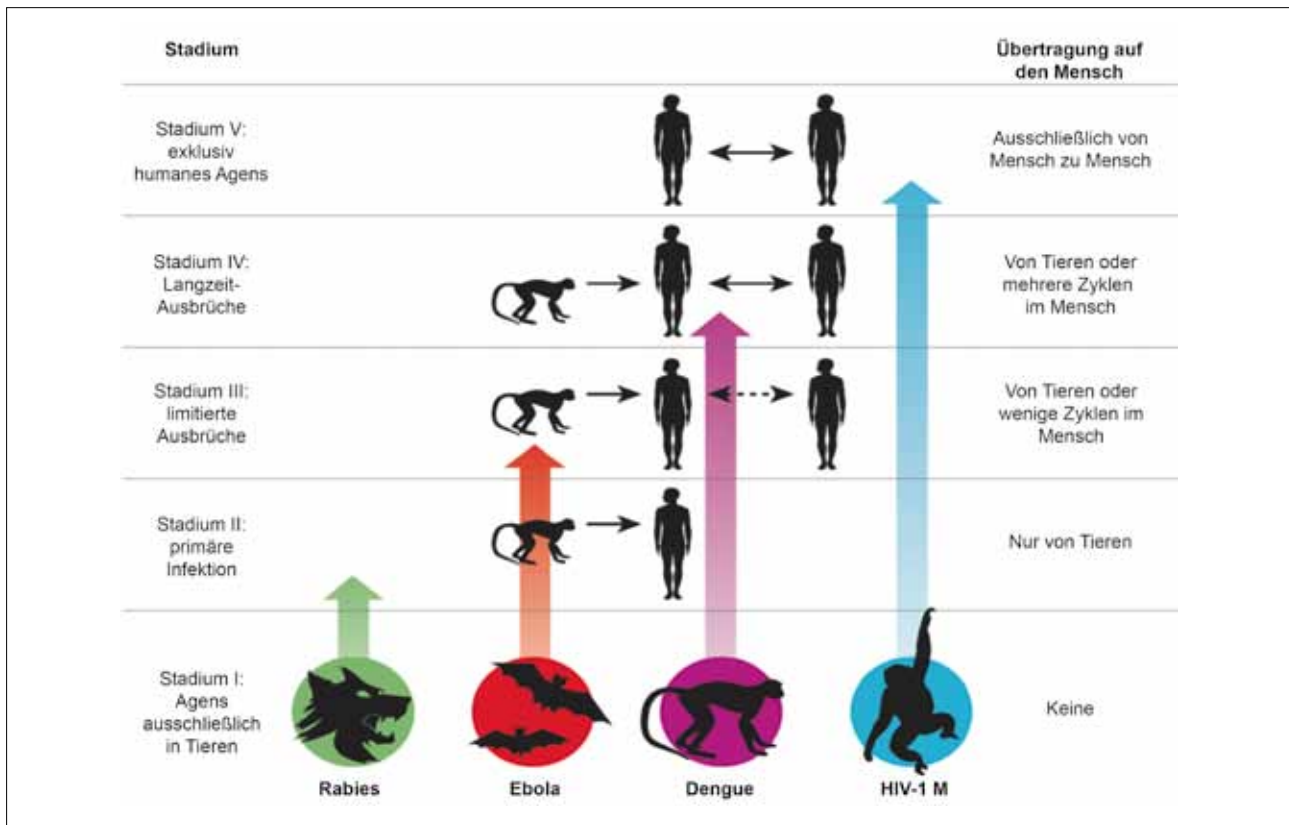


Abbildung 1 Kategorisierung der evolutionären Entwicklung humanpathogener Krankheitserreger (Quelle: Wolfe et al. (3)).

– hinsichtlich ihrer ökologischen, epidemiologischen und infektiologischen Eigenschaften im Reservoir Tier und beim Menschen mit dem Ziel einer signifikanten Verbesserung der Diagnostik. Insbesondere können durch die Etablierung innovativer molekularer Typisierungsmethoden Ausbrüche schneller und sicher erkannt werden. Zur Erfassung und Auswertung der Typisierungsdaten wird ein online gestütztes Datenbanksystem etabliert, das zu einem Frühwarnsystem weiterentwickelt wird.

FluResearchNet

Inflenzaviren gehören zu der Familie der *Orthomyxoviridae* und besitzen ein segmentiertes RNA-Genom negativer Polarität. Vertreter des Typs A von Inflenzaviren sind von großer human- und veterinärmedizinischer Bedeutung. Wie bei der H1N1-Pandemie 2009 erneut deutlich wurde, können sich aufgrund der genetischen Variabilität von Inflenzaviren immer wieder neue Virus-Reassortanten entwickeln, deren Pathogenität und Wirtsspezifität sehr unterschiedlich sein kann. Sowohl Schweine als auch Vögel spielen als Zwischenwirte eine herausragende Rolle bei den genetischen Reassortierungsprozessen. Die sorgfältige Überwachung der Zwischenwirte ist wesentliche Grundlage zur Vorbeugung zukünftiger Influenza-Pandemien.

Ziel des interdisziplinären Forschungsverbundes ist die Charakterisierung der Virus-Wirtsbeziehungen so-

wie der viralen, zellulären und genetischen Determinanten, die den Übertritt von Influenza A-Viren auf andere Spezies beeinflussen. Die fachübergreifende Analyse von Pathogenitätsmechanismen wird intensiv weiter verfolgt. Neueste Entwicklungen der Influenza-Forschung, wie das Auftreten von H1N1-Virusvarianten, fließen in die Forschungsstrategie des Verbundes ein. Das FluResearchNet setzt verstärkt auf die Erforschung möglicher Zielstrukturen für antivirale Substanzen, um dadurch die Translation der Ergebnisse aus der Grundlagenforschung in die klinische Anwendung zu beschleunigen.

Netzwerk „Lyssaviren – eine potentielle Gesundheitsgefahr“

Die Tollwut, die älteste bekannteste Zoonose der Menschheit, ist weltweit immer noch eine stark vernachlässigte Viruserkrankung, die eine ernsthafte Bedrohung der öffentlichen Gesundheit vor allem in Entwicklungsländern Afrikas und Asiens darstellt. Eine Fülle von Lyssaviruspezies und Virusvarianten, die durch eine Vielfalt von Wirtsspezies, mit Karnivoren und Fledermäusen als den Hauptreservoir, aufrechterhalten werden, stellt eine Herausforderung für die Bekämpfung und Tilgung dieser Viruserkrankung dar. Die Ökologie und Epidemiologie der Tollwut ermöglicht prototypische Einblicke in die Ursprünge neuartiger Fledermaus-assoziiierter viraler Erkrankungen.

Kurzname Verbund	Koordinator	Koordinationsstelle	Webseite
FBI-Zoo	Prof. Dr. L. Wieler	Fachbereich Veterinärmedizin, Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen, FU Berlin	www.fbi-zoo.net
FluResearchNet	Prof. Dr. S. Ludwig	Institut für Molekulare Virologie, Westfälische Wilhelms-Universität Münster	www.fluresearchnet.de
Netzwerk Lyssaviren	Dr. T. Müller	Institut für Epidemiologie, OIE und Nationales Referenzlabor für Tollwut, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Wusterhausen	http://lyssavirus.fli.bund.de
MedVet-Staph	Dr. R. Köck	Institut für Hygiene, Universitätsklinikum Münster	www.medvet-staph.org
Verbund Q-Fieber	Prof. Dr. H. Neubauer	Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena	http://www.fli.bund.de/de/startseite/forschung-institute/institut-fuer-bakterielle-infektionen-und-zoonosen/projekte/bmbf-verbundprojekt-q-fieber.html
RESET	Prof. Dr. L. Kreienbrock / Dr. R. Merle	Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover	www.reset-verbund.de
SARS	Prof. Dr. C. Drosten	Institut für Virologie, Universitätsklinikum Bonn	www.sarsconsortium.com/index.php?id=1
ToxoNet	Prof. Dr. D. Schlüter	Institut für Medizinische Mikrobiologie, Otto-von-Guericke Universität Magdeburg	www.med.uni-magdeburg.de/toxonet
VibrioNet	Dr. E. Strauch	Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Nationales Referenzlabor für die Überwachung von Bakterien in zweischaligen Weichtieren, Berlin	www.vibronet.de
Zoonotische Chlamydien	Dr. K. Sachse	Institut für molekulare Pathogenese, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena	www.fli.bund.de/de/startseite/forschung-institute/institut-fuer-molekulare-pathogenese/bmbf-verbundprojekt-zoonotische-chlamydien.html
ZooMAP	Prof. Dr. R. Goethe	Institut für Mikrobiologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover	www.zoo-map.de

Tabelle 1
Übersicht der Forschungsverbände für zoonotische Infektionskrankheiten

Der Forschungsverbund nutzt einen Hypothesengetriebenen Forschungsansatz, in dessen Mittelpunkt die Dynamik und der Erhalt von Lyssaviren, die Virus-Evolution und -Diversität sowie die Wirtsbiologie steht, um signifikante Fortschritte hinsichtlich der Prognostik und Intervention vernachlässigter Zoonosen zu leisten. Das Verständnis der natürlichen Reservoirs und Quellen von Lyssaviren als auch die Mechanismen, die diese Viren entwickelt haben, um in andere Wirte einschließlich des Menschen überzugreifen, sind essentielle Voraussetzungen für Entscheidungsfindungen und präventive Maßnahmen im Gesundheitssektor. Ein Technologietransfer in Länder, in denen die Tollwut noch immer endemisch ist, wird dazu beitragen, die Surveillance und Diagnostik zu verbessern und effektivere Kontrollmaßnahmen im weltweiten Kampf gegen diese Zoonose zu etablieren.

MedVet-Staph – Interdisziplinäres Forschungsnetzwerk zur zoonotischen Bedeutung von *Staphylococcus aureus*/MRSA

Staphylococcus aureus ist weltweit einer der wichtigsten Erreger schwerer Infektionen. Methicillin-resistente Stämme von *S. aureus* (MRSA) sind gefürchtete Erreger behandlungs-assoziiierter Infektionen beim Menschen. Schätzungen gehen davon aus, dass jährlich etwa 171.000 Krankenhausinfektionen durch MRSA in Europa auftreten. Neben ihrer Bedeutung als Erreger

von Krankenhausinfektionen werden MRSA seit einigen Jahren zunehmend in landwirtschaftlichen Nutztieren (z.B. Schweine, Rinder, Puten) nachgewiesen. Da die Besiedlung mit MRSA einen Hauptrisikofaktor für die Entwicklung von MRSA-Infektionen repräsentiert, rückt die Frage nach der Bedeutung von MRSA (und auch Methicillin-sensiblen *S. aureus*) als zoonotische Pathogene in den Blickpunkt.

Der Forschungsverbund MedVet-Staph beschäftigt sich mit Auftreten und Verbreitung von *S. aureus* Bakterien, insbesondere mit Methicillin-resistenten *S. aureus* (MRSA) als Zoonose-Erreger. Hier untersucht MedVet-Staph die potentielle Virulenz, Pathogenität, Antibiotikaresistenz und Wirts-Zell-Interaktion dieser Bakterien sowie die Mechanismen der Übertragung von *S. aureus* zwischen Tier und Mensch. Ziel ist es, den durch die Ergebnisse des Forschungsverbundes erzielten Erkenntnisgewinn für die Entwicklung rationaler, evidenzbasierter Empfehlungen für die Prävention und Kontrolle von zoonotischen *S. aureus*/MRSA zu nutzen.

Q-Fieber: Erforschung der molekularen Pathogenese des Q-Fiebers und ihre Anwendung in der Diagnostik und Epidemiologie in Deutschland

Q-Fieber (Query-Fieber) wird durch *Coxiella burnetii*, einem gramnegativen Bakterium verursacht und ist pri-

mär eine Erkrankung der Schafe, Ziegen und Rinder. Die Erkrankung bei Tieren ist gekennzeichnet durch Aborte, vermindertes Geburtsgewicht und Infertilität. Infizierte Tiere scheiden Coxiellen mit Geburtsprodukten, dem Urin, dem Kot und der Milch aus oder tragen infizierten Zeckenkot in ihrem Fell. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt meist auf aerogenem Weg durch die Inhalation infektiösen Staubes. Akutes Q-Fieber beim Menschen wird häufig nicht diagnostiziert. Nur schätzungsweise 30-40% der Infizierten entwickeln eine grippeartige Erkrankung, die durch Hepatitis, Pneumonie oder Myoperikarditis einen komplizierten Verlauf nehmen kann. Man geht davon aus, dass 1% aller Patienten chronisches Q-Fieber entwickeln.

Der Forschungsverbund beschäftigt sich mit chronischem Q-Fieber beim Menschen: Vorkommen, Klinik und Therapie der Q-Fieber-assoziierten Endokarditis; der Keimzahlquantifizierung, Methodenvergleich und -entwicklung, Expositionsbestimmungen im Feld, Q-Fieber und Fatigue/Chronic Fatigue sowie Chronifizierung; der differenzierenden molekularen Pathogenese von *Coxiella burnetii* bei Mensch und Tier sowie dem funktionellen Genom- und Proteomvergleich von *Coxiella burnetii* zur Diagnostik und Therapieentwicklung des Q-Fiebers.

RESET – ESBL und (Fluoro)Chinolone RESistenz in Enterobacteriaceae

Resistenzen gegen β -Lactam-Antibiotika durch die Produktion von Extended Spectrum Beta-Lactamasen (ESBL) und (Fluor-)Chinolone-Resistenzen in *Enterobacteriaceae* stellen Resistenzeigenschaften dar, welche die therapeutischen Möglichkeiten der Veterinär- und Humanmedizin dramatisch einschränken. Resistente *Escherichia coli* (*E. coli*) und *Salmonella enterica* (*S. enterica*) treten in verschiedenen Tierarten, der Umwelt, in Tierfutter und Lebensmitteln genauso wie im Menschen auf und werden innerhalb und zwischen diesen übertragen. Trotz einer Vielzahl von Studien zu Resistenzen sind die Bedeutung für die menschliche Gesundheit sowie die Übertragungsmechanismen resistenter Enterobakterien und Resistenzgene verschiedenen Ursprungs kaum verstanden.

Aktuell auftretende Isolate verschiedener Herkunft werden in sich ergänzenden Studien generiert und charakterisiert. Daten der verschiedenen Forschungsschwerpunkte epidemiologischer, molekulargenetischer und pharmakologischer Natur fließen in ein Konzept zur Risikobewertung ein. Basierend auf diesen Ergebnissen werden Empfehlungen zur Verbesserung der Kontrolle von resistenten Bakterien, speziell ESBL- und Plasmid-Mediated Quinolone Resistance-tragenden (PMQR) *E. coli* und *S. enterica*, in Deutschland gegeben. Im Forschungsverbund RESET wird eine Datensammlung etabliert, die genetische Informationen über Antibiotika-Resistenzgene aber auch epidemiologische Informationen enthält. Die auf diesen Daten basierende Risikobewertung liefert ei-

nen substantiellen Beitrag zu den Zielen der Deutschen Antibiotika-Resistenzstrategie DART.

SARS: Ökologie und Pathogenese einer archetypischen Zoonose

Sieben Jahre nach der SARS-Epidemie ist anerkannt, dass die Bedeutung der Coronaviren (CoV) bei Mensch und Tier in der Vergangenheit unterschätzt wurde. Neuere Untersuchungen deuten an, dass die CoV nach einem Wirtswechsel ein ganz besonders hohes Potential zur epidemischen Ausbreitung haben. Bislang konnten der SARS-Verbund und andere Arbeitsgruppen zeigen, dass weltweit ein enorm ergiebiges Reservoir an neuen CoV im natürlichen Wirt (Fledermäusen) existiert, von dem neue Epidemien ausgehen können.

Der SARS-Erreger ist ein CoV, dessen Ursprung in Fledermäusen liegt. Der Forschungsverbund befasst sich mit der coronaviralen Speziesbarriere und fragt, ob Fledermaus-CoV für Menschen oder andere Säugetiere eine Infektionsquelle darstellen. Zur Speziesbarriere wird ein zweiteiliges hypothetisches Konzept verfolgt, das zum einen aus der rezeptorabhängigen Eintrittsbarriere und zum anderen aus einer zunächst phänotypisch zu beschreibenden zellulären Replikationsbarriere besteht. Mechanistisch vermuten wir hier, dass das Interferonsystem einen wichtigen Beitrag zur Blockierung der Virusreplikation im Fehlwirt (also zum Beispiel im Menschen) leistet. Der Forschungsverbund SARS misst in experimentellen Ansätzen die Bereitschaft verschiedener Fledermaus-Coronaviren zum Wirtswechsel und leistet damit eine experimentell begründete Risikobewertung der Fledermaus-Coronaviren. Eine Reihe hochinteressanter antiviraler Ziele, die vom Forschungsverbund identifiziert wurden, werden derzeit validiert. Hierunter fallen auch zelluläre Zielstrukturen bereits für andere Zwecke zugelassener Medikamente.

TOXONET: Netzwerk zur Toxoplasmose bei Mensch und Tier in Deutschland: Pathogenese, Risikofaktoren und Kontrolle

Die Toxoplasmose ist eine klassische und die am weitesten verbreitete parasitäre Zoonose. Der Erreger – *Toxoplasma gondii* – kann über die von Katzen ausgeschiedenen Oozysten oder über den Verzehr von ungenügend behandeltem Fleisch oder Fleischprodukten auf den Menschen übertragen werden. Es wird geschätzt, dass 30 bis 40 Prozent der in Deutschland lebenden Bevölkerung latent mit Toxoplasmen infiziert sind. Dabei persistiert der Parasit in Neuronen des Gehirns und der Retina. Eine Infektion von Feten bei Erstinfektion der Schwangeren und eine Reaktivierung persistierender Zysten beim immun-schwachen Menschen können zu schweren, auch tödlichen Verläufen führen.

Ziel des TOXONET ist es, konkret Risikofaktoren der Übertragung von *T. gondii* in der deutschen Bevölkerung

zu erfassen und das Risiko der Übertragung von Toxoplasmen durch Fleischprodukte zu bestimmen. In den letzten Jahren sind Toxoplasma-Infektionen des Auges bei Immunkompetenten als Ursache schwerer Augenerkrankungen festgestellt worden. Neue Aspekte der Klinik, Epidemiologie und Pathogenese der okulären Toxoplasmose werden im TOXONET erforscht. Ebenso wird die intraokuläre Immunantwort untersucht. Bei der Schwangeren-Toxoplasmose ist die Festlegung des exakten Infektionszeitpunktes von eminenter Bedeutung, da nur erstinfizierte Schwangere ihre Feten infizieren können. Um diese diagnostischen Probleme zu reduzieren, sollen neue verbesserte Antigene des Erregers für die Diagnostik identifiziert sowie ein T-Zell-basiertes Nachweis-system entwickelt werden.

VibrioNet: Lebensmittel und Wasser-bedingte Vibrio-Infektionen

Vibrionaceae sind gramnegative, halophile Bakterien, die in Meeresgewässern und Flussmündungen weit verbreitet sind. Sie stellen eine der Hauptursachen von bakteriellen Durchfallerkrankungen dar, die durch den Verzehr von kontaminierten Meeresfrüchten und Fischprodukten und durch verseuchtes Trinkwasser hervorgerufen werden. Die Entstehung neuer hochpathogener Klone von *Vibrio parahaemolyticus* in Südostasien und deren weltweite Verbreitung innerhalb weniger Jahre unterstreichen die Notwendigkeit der Forschung zu Vibriosen als „emerging disease“. In Perioden mit sehr warmem Wetter wurde eine Zunahme von Vibrionen in Badegewässern auch in unseren Küstengewässern beobachtet; dies erhöht die Wahrscheinlichkeit von Wundinfektionen durch Meerwasser-Kontakt.

Der Forschungsverbund beschäftigt sich mit pathogenen Vibrionen in der marinen Umwelt als potentielle, neu auftretende Zoonoseerreger und wird eine forschungsbasierte Bewertung des Risikos vornehmen, das vornehmlich von pathogenen Nicht-Cholera-Vibrionen im zentraleuropäischen Raum ausgeht. In Zusammenarbeit mit internationalen Partnern aus Entwicklungsländern werden die globalen Veränderungen der Vibrionenpopulationen in der Umwelt erfasst um geeignete nationale Programme zum Monitoring, zur Risikobewertung und zu Präventionsmaßnahmen zu erarbeiten. Dabei soll unter anderem anhand der Identifizierung von Markern die schnelle Detektion von pathogenen Vibrionen im klinischen Bereich, in der Lebensmittelproduktion und in der Umwelt ermöglicht werden.

Zoonotische Chlamydien – Modelle für chronische und persistente Infektionen bei Mensch und Tier

Das Spektrum der von Chlamydien verursachten Erkrankungen reicht von Atemwegs- und Urogenitalerkrankungen bis hin zu Gelenk- und Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Da die Chlamydien auch für bestimmte

Zoonosen verantwortlich sind, stellen sie ein Problem sowohl für die Human- als auch die Veterinärmedizin dar. So gelten die von *Chlamydia (C.) psittaci* hervorgerufene Psittakose und die von *C. abortus* hervorgerufenen Aborte als zurzeit noch unterbewertete und unterschätzte Infektionskrankheiten. Die berufsbezogenen Risiken für Personen, die häufig direkten Kontakt mit infizierten Tieren haben, bedürfen noch einer detaillierten Bewertung. Darüber hinaus ist über die Konsequenzen einer ökologischen Langzeit-Exposition mit diesen Erregern praktisch nichts bekannt.

Ziel des Forschungsverbundes ist es, neue und applikative Erkenntnisse zu den folgenden thematischen Schwerpunkten zu gewinnen: *in vitro*- und Tiermodelle für die humane Infektion, Virulenzfaktoren, Pathogen-Wirts-Interaktionen, Immunantwort des Wirtsorganismus und neue Therapieansätze beim Menschen. Aus humanmedizinischer Sicht ist die Durchführung einer Studie zur Abschätzung eines möglichen Zusammenhangs zwischen der Exposition mit zoonotischen Chlamydien und akuten oder chronischen Lungenerkrankungen von zentraler Bedeutung. Basierend auf den Vorarbeiten des Verbundes werden neue DNA-Mikroarray-basierte diagnostische Verfahren zur direkten Identifizierung und Genotypisierung von Chlamydien aus klinischen Proben evaluiert.

ZooMAP: *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* – von der Johne'schen Krankheit zum Morbus Crohn

Mycobacterium avium ssp. *paratuberculosis* (MAP), der Erreger der Paratuberkulose der Wiederkäuer (Johne'sche Krankheit), wird seit langem als mögliches ätiologisches Agens für den Morbus Crohn (MC) des Menschen diskutiert. Der Forschungsverbund befasst sich mit der Charakterisierung der pathobiologischen Eigenschaften von MAP, einer Optimierung des Nachweises von MAP in Milch und Geweben, der Beteiligung von MAP an Darmveränderungen des Menschen sowie der Verbesserung der molekularen Typisierung von MAP. Die Ergebnisse sollen zur besseren Risikoabschätzung der Bedeutung von MAP beim MC des Menschen beitragen.

Ziel des interdisziplinären ZooMAP-Verbundes ist es, ein besseres Verständnis der Erregerepidemiologie, des zoonotischen Übertragungspotentials sowie der zellulären und molekularen Virulenzeigenschaften von MAP zu erarbeiten, um eine bessere Risikoabschätzung der noch ungeklärten Bedeutung von MAP beim MC des Menschen zu ermöglichen. Es sollen Arbeiten zur zellulären und molekularen Bakterien-Wirts-Interaktion, zur Stammtypisierung und Epidemiologie, zur Etablierung molekularer Nachweismethoden, zur Identifizierung neuer diagnostisch einsetzbarer Antigene sowie zur Etablierung von *in vivo*-Infektionsmodellen durchgeführt werden. Auf der Seite des Erregers können Ergebnisse über mögliche neue diagnostische Nachweismethoden genutzt werden, um in-

novative diagnostische Strategien zu etablieren und um die pathobiologische Bedeutung von MAP in humanem und tierischem Material zu untersuchen.

ZUSAMMENFASSUNG

Grundlage für die erfolgreiche Bekämpfung von Zoonosen ist die interdisziplinäre Zusammenarbeit von Human- und Veterinärmedizin. Bereits in der ersten Förderphase (2007-2010) konnten zahlreiche grundlegende Forschungsergebnisse erzielt werden, die international zusammengesetzte Gutachtergremien überzeugten. Die vorgestellten Forschungsverbände bearbeiten von 2010-2013 insgesamt 110 Teilprojekte, an der sich mehr als 90 verschiedene Forschungsgruppen aus der Human- und Veterinärmedizin sowie der Infektionsbiologie beteiligen. Die Forschungsverbände setzen sich aus Partnern von universitären und außeruniversitären Forschungseinrichtungen, Ressortforschungseinrichtungen sowie privatwirtschaftlichen Unternehmen zusammen.



DR. GERLINDE BENNINGER

Nationale Forschungsplattform für Zoonosen
Geschäftsstelle, Standort Münster
Von-Esmarch-Str. 56, D-48149 Münster
Tel.: +49 251 8 35 30 11
E-Mail: benninge@ukmuenster.de
<http://www.zoonosen.net>

AUTOREN

Dr. rer. nat. Gerlinde Benninger – für die Forschungsverbände zu zoonotischen Infektionskrankheiten

und die Koordinatoren der zoonotischen Forschungsverbände.

Prof. Dr. C. Drosten – Institut für Virologie, Universitätsklinikum Bonn

Prof. Dr. R. Goethe – Institut Mikrobiologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Dr. R. Köck – Institut für Hygiene, Universitätsklinikum Münster

Prof. Dr. L. Kreienbrock – Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsvereinbarung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Prof. Dr. S. Ludwig – Institut für Molekulare Virologie, Westfälische Wilhelms-Universität Münster

Dr. R. Merle – Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsvereinbarung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Dr. T. Müller – Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Wusterhausen

Prof. Dr. H. Neubauer – Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena

Dr. K. Sachse – Institut für molekulare Pathogenese, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena

Prof. Dr. D. Schlüter – Institut für Medizinische Mikrobiologie, Otto-von-Guericke Universität Magdeburg

Dr. E. Strauch – Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Nationales Referenzlabor für die Überwachung von Bakterien in zweischaligen Weichtieren, Berlin

Prof. Dr. L. Wieler – Fachbereich Veterinärmedizin, Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen, FU Berlin

LITERATUR

- [1] L.H. Taylor, S.M. Latham, and M.E.J. Woolhouse. Risk factors for human disease emergence. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B.* 356, 983-989 (2001).
- [2] S.J. Cutler, A.R. Fooks, and W.H.M. van der Poel. Public Health Threat of New, Reemerging, and Neglected Zoonoses in the Industrialized World. *Emerg Infect Dis.* 16, 1-6 (2010).
- [3] N.D. Wolfe, C.P. Dunavan, and J. Diamond. Origins of major human infectious diseases. *Nature* 447 (7142): 279-283 (2007).