

Ökologische Brücken

26.8.2026 - | Leibniz-Gemeinschaft

Viele Nutztier-Resistenzgene finden sich auch in Bauernhofsmäusen wieder. Damit könnten Wildtiere eine ungeahnte Rolle bei der Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen spielen.

Antibiotikaresistenzen bei Menschen und Nutztieren sind eine große gesundheitliche Herausforderung. Eine neue Studie in der Fachzeitschrift „Nature Communications“ legt offen, dass dieses Problem nicht an Krankenhaustüren oder Bauernhoftoren endet – vielmehr lassen sich Antibiotika-Resistenzgene (ARG) auch in Wildtieren nachweisen. Ein Team unter der Leitung des Leibniz-Instituts für Zoo- und Wildtierforschung (Leibniz-IZW) und des Max Delbrück Centers konnte zeigen, dass wilde Mäuse auf Bauernhöfen circa 50 Prozent der ARG von Rindern, Schweinen oder Geflügel in sich tragen und dass unter anderem die Intensität der Tierhaltung maßgeblich bestimmt, welche und wie viele Resistenzgene in das Mikrobiom der Mäuse übertragen werden.

Für die Studie analysierten die Forschenden die Genome von Darm-Mikroorganismen aus einer großen Population von 875 wildlebenden Hausmäusen (*Mus musculus*) von Bauernhöfen in Deutschland. Dabei suchten sie nach Genen, die für Resistenzen gegen gängige Antibiotika verantwortlich sind und korrelierten das Vorkommen dieser ARG in den Mäusen mit einer Reihe von Umwelt- und Wirtsvariablen wie der Nutzung der Anbauflächen, der Nutztierdichte für Rinder, Schweine und Geflügel, dem Geschlecht und Körperzustand der Mäuse sowie mit klimatischen Variablen. Diese statistischen Auswertungen sollen erklären, welchen Einfluss diese Faktoren darauf haben, welche und wie viele ARG im Darm-Mikrobiom der Mäuse vorkommen. In einem zweiten Schritt verglichen die Resistenzprofile im Genom der Mäuse mit Resistenzgenen im Dung bzw. Mist von Nutztieren, deren Genominformationen aus anderen Projekten öffentlich zugänglich sind.

Die Hälfte der Resistenzgene der Nutztiere findet sich in Mäusen wieder

Frühere Studien wiesen nach, dass Gewässer in Städten und im Agrarland stark mit antibiotika-resistenten Bakterien belastet sind. Es war also für die Forschenden zu erwarten, dass sich in unmittelbarer Nähe zu größeren viehwirtschaftlichen Betrieben auch in Wildtieren Antibiotikaresistenzen nachweisen lassen würden. „Wir hatten jedoch keine Vorstellung davon, welche Ausmaße dieser Transfer von Resistenz in die Wildtiere haben könnte“, sagt Dr. Víctor Hugo Jarquín-Díaz vom Max Delbrück Center. „Wir haben eine gewisse Überschneidung erwartet, aber dass rund 50 Prozent der Resistenzgene aus den Kühen, Schweinen und Hühnern auch in unseren wildlebenden Mäusen wiederzufinden war, hat uns überrascht.“ Dies zeige, dass es viele ökologische Brücken zwischen den Menschen, den Nutztieren und den Wildtieren gibt und dass räumliche Nähe immer auch funktionale, ökologische Verflechtung bedeuten kann – und im Falle der antibiotikaresistenten Bakterien auch tut.

Darüber hinaus stellten die Forschenden fest, dass Umweltvariablen und die Intensität der Tierhaltung einen größeren Einfluss auf das spezifische Resistenzprofil im Darm-Mikrobiom einer wilden Bauernhofmaus haben als die Merkmale der Maus selbst. Wie Flächen in direkter Nähe zum Hof genutzt werden und welcher direkte und indirekte Kontakt zu Nutztieren sich dadurch ergibt, erklärt dreimal so gut, welche ARG in der Maus nachweisbar sind, als welches Geschlecht die Maus hat oder wie gesund sie ist. „Unsere statistischen Modelle zeigten auf, dass sich einzelne Faktoren sehr stark auf das Vorhandensein von einzelnen Resistenzgenen auswirken“, sagt Prof. Emanuel Heitlinger, der diese Studien an der Humboldt-Universität zu Berlin und dem Leibniz-IZW

durchführte und jetzt Wissenschaftler am Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz (LUA) ist. „So steht die Besatzdichte von Schweinen in starkem Zusammenhang mit Resistenzgenen, die mit von Tierärzten und Viehzüchtern häufig eingesetzten Breitbandantibiotika im Zusammenhang stehen, wie beispielsweise Sulfonamide, Tetracyclin oder Beta-Laktame.“ Es gebe also direkte, nachweisbare Auswirkungen von intensiver Nutztierhaltung auf spezifische Antibiotikaresistenzen in Wildtieren.

Antibiotikaresistenzen müssen ganzheitlicher analysiert, verstanden und bekämpft werden

Ökologische Konzepte sind bislang zu wenig in die Mikrobiomforschung eingebunden, so das Autorenteam. Die Studie zeige auf, dass es hochrelevante Zusammenhänge zwischen Wirten, Mikrobiomen, Resistenzgenen und räumlichen Umweltfaktoren gebe. „Wir konnten hier Pfade von Resistenzen über die Grenzen zwischen medizinischen oder agrarwirtschaftlichen Systemen hinweg in die Umwelt identifizieren“, sagt Prof. Stephanie Kramer-Schadt, Abteilungsleiterin am Leibniz-IZW und Professorin an der Technischen Universität Berlin. „Antibiotikaresistenz ist kein isoliertes, medizinisches Problem, sondern ein systemisches ökologisches Phänomen. Unsere Forschungen sind der erste Ansatz einer klaren ‚Landkarte‘ dafür, wie von Menschen stark genutzte und geprägte Ökosysteme die Entwicklung von Mikroorganismen in der Umwelt beeinflussen.“ Das Monitoring von Resistenzen müsse sich daher ausweiten und von der Fixierung auf klinische oder Nutztier-Kontexte lösen, so das Team. Wildtiere und natürliche Ökosysteme könnten eine große Unbekannte in dieser Gleichung sein und ungeahnte Reservoirs für Antibiotikaresistenzen darstellen.

Publikation

Gicquel M, Planillo A, Heitlinger E, Forslund-Startceva SK, Kramer-Schadt S, Ferreira SCM, Jarquín-Díaz V (2026): Farming practices exert selection pressures on the resistome of natural populations of house mice. Nat Commun 17, 7848 (2026). DOI: 10.1038/s41467-026-76403-9

Weitere Informationen und Kontakt

Pressemitteilung des Leibniz-Instituts für Zoo- und Wildtierforschung (IZW)

<https://www.leibniz-gemeinschaft.de/ueber-uns/neues/forschungsnachrichten/forschungsnachrichten-single/newsdetails/oekologische-bruecken>