

Ein Würzburger und Alumnus der Universität Würzburg wurde bei einem internationalen Wettbewerb in Großbritannien, der jährlich vom britischen Parlament organisiert wird, von mehreren Hundert eingegangenen Bewerbungen für eine exklusive Präsentation seiner Forschung im britischen Parlament auserwählt. Der 29-jährige Pharmakologie-Doktorand der Universität Cambridge hat Biologie, Business Management und Europarecht an der Universität Würzburg studiert, bevor er für einen zweiten Master und eine Doktorarbeit nach Cambridge in England gezogen ist.

In seiner Doktorarbeit erforscht Arthur bakterielle Proteine, welche unterschiedlichste Antibiotika aus der bakteriellen Zelle mit hoher Effizienz herauspumpen und damit multiple Antibiotika-Resistenz in krankheitserregenden bakteriellen Stämmen verursachen. Sein Auftritt vor dem Parlament war für den Nachwuchswissenschaftler eine große Ehrung und zugleich auch die Möglichkeit, Parlamentarier, Wissenschaftler und die Öffentlichkeit aufmerksam zu machen auf das, was die Weltgesundheitsorganisation als eines der potentiell gefährlichsten Bedrohungen für die Gesundheit der Weltbevölkerung einstuft: Multiple Antibiotika-Resistenz.

Laut Prognosen von Gesundheitsexperten weltweit steht die Menschheit kurz davor in das 19. Jahrhundert zurückgeworfen zu werden, in welchem die heute sonst so gängigen Infektionen als das Ergebnis von Routineoperationen mit hoher Wahrscheinlichkeit für den Patienten tödlich ausgehen würden. Antibiotikaresistenz ist dabei durchaus kein neuer evolutionärer Trend.

Wissenschaftler haben vor Kurzem Antibiotika-Resistenz Gene in 30.000 Jahre alten Permafrostböden in Kanada entdeckt. Neu ist jedoch die alarmierende Ausbreitung von krankheitserregenden bakteriellen Stämmen, die es mit mehreren Antibiotika gleichzeitig aufnehmen können. Ein Hauptgrund für ihre Ausbreitung ist u.a. die exzessive und unkontrollierte Anwendung von Antibiotika in Lebensmitteln und in der Medizin. Diese haben dazu beigetragen, dass pathogene Stämme unter dem fortwährenden Selektionsdruck in diesen Antibiotika-reichen Umgebungen sich an solche anpassen und zu multiresistenten Killerstämmen evolvieren können.

Erschwerend kommt noch hinzu, dass pharmazeutische Unternehmen die Entwicklung von Antibiotika bereits vor Jahrzehnten so gut wie eingestellt haben. Schuld daran ist die Kombination aus generell niedrigen Preisen für Antibiotika und die rasante Ausbreitung von Antibiotika-Resistenzen, welche die Lebensspanne eines neuen Medikamentes auf dem Markt deutlich verkürzt.

Neue Entwicklungsversuche wurden zwar initiiert, waren allerdings bisher aufgrund eines Mangels an Wissen darüber wie multiple Antibiotika-Resistenz auf molekularer Ebene funktioniert und eines Verständnisses für die Mechanismen ihrer Entstehung und Ausbreitung nicht erfolgreich. Eines der Hauptmechanismen die man heute kennt, stellen Antibiotika-transportierende Pumpen dar.

Diese molekularen Strukturen (Proteine), eingebettet in der die Bakterienzelle umgebenden Membran, erkennen die Großzahl an Antibiotika bei ihrem Versuch diese Membran zu passieren, um in die Zelle zu gelangen (wo sie ihre tödliche Wirkung zeigen sollen), und pumpen sie wieder heraus (Neuberger und van Veen, 2015). Im Resultat können solche pathogene Bakterien in einem ansonsten für sie tödlichen Antibiotikacocktail überleben und sich vermehren (Neuberger und van Veen, 2015).

Die Wissenschaft hat viele Fragen zu diesen Pumpen: Wie genau erkennen sie eine solche Vielzahl an höchst unterschiedlichen chemischen Antibiotikastrukturen? Kann man diese Pumpen blockieren, um somit die alten gängigen Medikamente wieder nutzen zu können? Kann man neue Antibiotika entwickeln, die von diesen Pumpen nicht erkannt werden? In seiner Forschung versucht Arthur diese und andere Fragen zu beantworten.

Arthur Neuberger