

Jena, 20. Januar 2025

**PRESSEMITTEILUNG VOM 19. NOVEMBER 2024**

**Cluster of Excellence**  
Friedrich Schiller University Jena

## **Medikamentenresistente Pilze breiten sich aus**

**Der Hefepilz "Candida parapsilosis" zeigt sich in der Studie als wachsende Bedrohung besonders für hospitalisierte Menschen mit schweren Grunderkrankungen. Ein Team unter der Leitung von Dr. Amelia Barber vom Exzellenzcluster „Balance of the Microverse“ der Friedrich-Schiller-Universität Jena und Dr. Grit Walther vom Nationalen Referenzzentrum für Invasive Pilzinfektionen (NRZMyk) untersuchten den Ausbruch eines multiresistenten, im Krankenhaus erworbenen Stammes dieses Pilzes. Dabei entwickelten die Forscherinnen und Forscher eine neue molekulare Nachweismethode, mit der sich verschiedene Stämme von "C. parapsilosis" schnell und kostengünstig differenzieren lassen. Die Ergebnisse wurden in "The Lancet Microbe" veröffentlicht.**

**Juliane Seeber**

Science Communication Officer

+49 3641 532 1316  
juliane.seeber@uni-jena.de

**Office**

Friedrich Schiller University Jena  
Cluster of Excellence  
*Balance of the Microverse*  
Neugasse 23  
Adolf-Reichwein-Straße 23  
07745 Jena | German

[www.microverse-cluster.de](http://www.microverse-cluster.de)

*Candida parapsilosis* ist ein Hefepilz, der die Haut und den Verdauungstrakt von Menschen besiedeln kann und meist harmlos ist. Bei Menschen, deren Immunsystem durch eine Krebserkrankung oder eine Organtransplantation geschwächt ist oder die sich infolge einer schweren Erkrankung langen Krankenhausaufenthalten unterziehen müssen, kann es jedoch zu schweren Wund- und Gewebeinfektionen bis hin zur lebensbedrohlichen Sepsis kommen.

So wie Antibiotika zur Behandlung von bakteriellen Infektionen eingesetzt werden, werden Antimykotika zur Behandlung von Pilzinfektionen verwendet. In den letzten Jahren hat jedoch die Häufigkeit von Stämmen, die gegen diese Medikamente resistent sind, dramatisch zugenommen, so dass diese Infektionen viel schwieriger zu behandeln sind.

### **Ein gefährlicher Pilz macht sich breit**

Die Studie liefert eine detaillierte genomische Analyse eines langanhaltenden Infektionsereignisses, das durch antimikrobiell resistente *C.*

**FRIEDRICH-SCHILLER-  
UNIVERSITÄT  
JENA**

*parapsilosis* in mehreren Gesundheitseinrichtungen in Berlin verursacht wurde. Das Forschungsteam fand heraus, dass ein einziger, genetisch nicht unterscheidbarer Stamm allein 33 invasive Infektionen zwischen 2018 und 2022 verursachte. Auch wenn sich die Zahl zunächst gering anhört, erfordern invasive Infektionen immer eine intensive medizinische Betreuung und führen zu einer starken Beeinträchtigung der Lebensqualität. Besonders besorgniserregend ist, dass sich der Erreger von Mensch zu Mensch und auch über verschiedene Einrichtungen hinweg verbreitet. Seine Resistenz gegen die bevorzugten antimykotischen Medikamente macht ihn zu einer ernsthaften Bedrohung.

Bezeichnenderweise war der Stamm aus den Berliner Krankenhäusern eng mit Stämmen verwandt, die bereits in Kanada, im Nahen Osten und in Ostasien gefunden wurden, was die weltweite Ausbreitung arzneimittelresistenter Pilze belegt.

### **Entwicklung eines neuartigen Identifizierungsschemas**

Die Forschenden haben in ihrer Studie nicht nur die genetischen Beziehungen und die Übertragungsdynamik der mit dem Ausbruch verbundenen Stämme von *C. parapsilosis* aufgedeckt, sondern auch eine neue Identifizierungsstrategie (Typisierung) für diesen Erreger entwickelt. Bei dieser als „Multilocus Sequence Typing“ (MLST) bezeichneten Typisierungsstrategie werden mehrere kurze DNA-Regionen sequenziert, um Stämme genetisch zu unterscheiden. Dies bietet eine Alternative zur herkömmlichen Sequenzierung des gesamten Genoms.

„Das neu entwickelte MLST-Schema ermöglicht eine schnelle und kostengünstige Unterscheidung und Verfolgung von *C. parapsilosis*-Stämmen. Damit können wir rasch auf neue Ausbrüche reagieren und so effektiv zur Eindämmung der Pilze beitragen. Das ist vor allem dann hilfreich, wenn eine Genomsequenzierung aus Kostengründen oder wegen fehlender Bioinformatikkenntnisse vor Ort einfach nicht möglich ist“, erklärt Dr. Amelia Barber, Leiterin der Nachwuchsgruppe „Fungal Informatics“ an der Universität Jena.

Dr. Grit Walther, Mitautorin des Beitrags und Co-Leiterin des NRZMyk am Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie – Hans-Knöll-Institut (Leibniz-HKI), fügt hinzu: „Die Studie macht deutlich, wie wichtig es ist, Pilzinfektionen und eventuelle Resistenzen schnell zu erkennen, um eine Übertragung auf andere Patientinnen und Patienten oder andere Einrichtungen zu verhindern. Sollten Kliniken nicht über die Möglichkeit verfügen, das MLST selbst durchzuführen, können sie sich bei einem Ausbruchsverdacht an das NRZMyk wenden.“

### **Exzellente Forschung im Verbund**

Die Studie entstand durch die übergreifende Zusammenarbeit der beiden Hauptautorinnen Dr. Amelia E. Barber und Dr. Grit Walther mit Expertinnen und Experten des Paulinenkrankenhauses und diagnosti-

scher Labore in Berlin. Die Arbeiten wurden von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) und den Bundesministerien für Bildung und Forschung (BMBF) und für Gesundheit (BMG) gefördert.

Amelia Barber ist Mitglied des Exzellenzclusters „Balance of the Microverse“ der Friedrich-Schiller-Universität. In diesem Forschungsverbund untersuchen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die komplexen Wechselwirkungen innerhalb mikrobieller Gemeinschaften sowie deren Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit und die Umwelt.

Das vom Robert Koch-Institut und dem BMG berufene NRZMyk ist Ansprechpartner für Ärzte und Mikrobiologen aus ganz Deutschland bei Fragen zur Diagnostik und Behandlung invasiver Pilzinfektionen. Neben einer gezielten Beratung bietet das NRZMyk auch spezielle diagnostische Verfahren zum Nachweis von invasiven Pilzerkrankungen an.

#### **Original-Publikation:**

Phillip J T Brassington, MSc, Frank-Rainer Klefisch, Barbara Graf, Roland Pfüllere, Prof Oliver Kurzai, Grit Walther, Amelia E Barber [Genomic reconstruction of an azole-resistant \*Candida parapsilosis\* outbreak and the creation of a multi-locus sequence typing scheme: a retrospective observational and genomic epidemiology study](#) *The Lancet Microbe*, Volume 0, Issue 0, 100949

## **Drug resistant fungi spreading**

**The yeast "*Candida parapsilosis*" is emerging as a growing threat for hospitalized patients in a new study. A team led by Dr Amelia Barber from the Cluster of Excellence "Balance of the Microverse" at Friedrich Schiller University Jena and Dr Grit Walther from the National Reference Centre for Invasive Fungal Infections (NRZMyk) investigated an outbreak of multi-drug resistant hospital-acquired strain of this fungus. The researchers developed a new molecular detection method that can quickly and cost-effectively differentiate strains of "*C. parapsilosis*". The results were published in "*The Lancet Microbe*".**

*Candida parapsilosis* is a yeast fungus that can colonise the skin and digestive tract of humans and is usually harmless. However, it can cause severe wound and tissue infections, including life-threatening septicaemia, in people who are immunocompromised as a result of cancer or organ transplants or with serious medical conditions requiring prolonged hospitalizations.

Just as antibiotics are used to treat bacterial infections, antifungal agents are used to treat fungal infections. In recent years, however, the frequency of strains that are resistant to these drugs has increased dramatically, making these infections much more difficult to treat.

## **A dangerous fungus is spreading**

The study provides a detailed genomic analysis of a long-lasting outbreak event caused by antimicrobial-resistant *C. parapsilosis* in several healthcare facilities in Berlin. The research team found that a single, genetically indistinguishable strain alone caused 33 invasive infections between 2018 and 2022. Although the number may sound small at first, invasive infections always require intensive medical care and lead to severe impairment of quality of life. What is particularly worrying is that the pathogen was spread from person to person and also across different facilities. Its resistance to the preferred antifungal drugs makes it a serious threat.

Significantly, the strain from the Berlin hospitals was closely related to strains already found in Canada, the Middle East and East Asia, demonstrating the global spread of drug-resistant fungi.

## **Development of an innovative typing scheme**

In their study, the researchers not only uncovered the genetic relationships and transmission dynamics of the strains of *C. parapsilosis* associated with the outbreak, but also developed a new identification (typing) strategy for this pathogen. This typing strategy, known as Multilocus Sequence Typing (MLST), involves sequencing multiple short DNA regions to genetically distinguish strains. This offers a cheaper and faster alternative to whole genome sequencing.

"The newly developed MLST scheme enables rapid and cost-effective differentiation and tracking of *C. parapsilosis* strains. This allows us to react quickly to new outbreaks and effectively contain this often drug-resistant fungus. This is particularly valuable when genome sequencing is simply not possible due to cost or lack of local bioinformatics knowledge," explains Dr Amelia Barber, head of the Fungal Informatics junior research group at University of Jena.

Dr Grit Walther, co-author of the paper and co-director of the NRZMyk at the Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology - Hans Knöll Institute (Leibniz-HKI), adds: "The study highlights the importance of quickly recognizing fungal infections and possible resistance in order to prevent transmission to other patients or other facilities. If clinics do not have the facilities to carry out the MLST themselves, they can contact the NRZMyk if an outbreak is suspected."

## **Excellent collaborative research**

The study was the result of an interdisciplinary collaboration between the two main authors, Dr Amelia E. Barber and Dr Grit Walther, and experts from the Paulinen Hospital and diagnostic laboratories in Berlin. The work was funded by the German Research Foundation (DFG) and the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) and the Federal Ministry of Health (BMG). Amelia Barber is a member of the Cluster of Excellence "Balance of the Microverse" at Friedrich Schiller University. In this research network, scientists investigate the complex

interactions within microbial communities and their effects on human health and the environment.

The NRZMyk, appointed by the Robert Koch Institute and the BMG, is the point of contact for doctors and microbiologists from all over Germany for questions relating to the diagnosis and treatment of invasive fungal infections. In addition to targeted counselling, the NRZMyk also offers special diagnostic procedures for the detection of invasive fungal diseases.

**Original publication:**

Phillip J T Brassington, MSc, Frank-Rainer Klefisch, Barbara Graf, Roland Pfüllere, Prof Oliver Kurzai, Grit Walther, Amelia E Barber [Genomic reconstruction of an azole-resistant \*Candida parapsilosis\* outbreak and the creation of a multi-locus sequence typing scheme: a retrospective observational and genomic epidemiology study](#) *The Lancet Microbe*, Volume 0, Issue 0, 100949

Foto / Photo:

Colonies of *Candida parapsilosis*. Image: Grit Walther  
Kolonien von *Candida parapsilosis*. Foto: Grit Walther