

EuroThrax

Detektion, Bioforensik und Genomik von *Bacillus anthracis*/hochpathogener *Bacillus cereus sensu lato*

Programm / Ausschreibung	FORTE, FORTE, FORTE - F&E-Dienstleistungen 2019	Status	abgeschlossen
Projektstart	01.01.2021	Projektende	31.12.2023
Zeitraum	2021 - 2023	Projektlaufzeit	36 Monate
Keywords	Anthrax; Bioforensik; CBRN Preparedness, Medical Intelligence		

Projektbeschreibung

Die Rückverfolgung (Trace-back-Analysen) von B-Erregern in Ausbruchs-Situationen ist eine zentrale Maßnahme von Bundesbehörden nach der Erstversorgung. Um natürliche Ausbrüche von möglichen vorsätzlichen Kontaminationen unterscheiden zu können und geeignete Maßnahmen anzuordnen, ist ein detailliertes Wissen bezüglich der genetischen Daten der Erreger erforderlich. Die starke Vernetzung im Wirtschafts- und Lebensraum Europa verlangt einen holistischen und staatenübergreifende Ansatz in der Bioforensik von hochpathogenen Ausbruchserregern. Der Fokus dieses Projektes liegt auf dem sporenbildenden Bakterium *Bacillus anthracis*, dem ätiologische Erreger der Zoonose Milzbrand, der sowohl Menschen als auch Tiere infizieren kann. Die aktuellen Klimaveränderungen können das Verbreitungsgebiet von *B. anthracis* begünstigen und historische Milzbrand-Loci könnten erneut zu Ausbrüchen führen. Da in der Vergangenheit *B. anthracis* bereits mehrfach von terroristischen Gruppen genutzt worden ist, ist es wichtig vorsätzliche und natürliche *B. anthracis* Kontaminationen zu unterscheiden. Eine genaue Rückverfolgung kann jedoch nur mit dem Abgleich von charakterisierten Isolaten von *B. anthracis* erfolgen. Die Kenntnis über die vorhandenen Genotypen von *B. anthracis* in Zentraleuropa ist aktuell sehr gering. Obwohl in der Historie Österreichs Ausbrüche von Milzbrand bekannt sind, liegen bisher nur die Genomsequenzierung eines Ausbruchsstamms aus Tirol vor. Genomdaten von Umweltisolaten sind bisher nicht verfügbar. Ziel dieses Projektes ist es daher ein umfassendes Wissen über die genetische Variabilität von *B. anthracis* Stämmen sowie nahverwandter *Bacillus cereus sensu lato* (s.l.) Stämme klinischen Ursprung, aus historischen Gewebesammlungen und von historischen Milzbrand-Loci zu gewinnen. Das vertiefte Verständnis der Genotypen und deren Wirtsanpassungen in den jeweiligen ökologischen Nischen liefert einen essentiellen Beitrag zur Verbesserung der Rückverfolgbarkeit. Der Vergleich von Verfahren zur Erregerisolation aus Bodenmatrizen verbessert die Einsatzbereitschaft von nationalen Behörden hinsichtlich des Seuchenmanagements bei zukünftigem Auftreten des Erregers.

Die genetische Homogenität der *B. cereus* s.l Gruppe und die dadurch erschwerte Charakterisierung und Diagnostik erfordert einen internationalen Zusammenschluss aus Bundeseinrichtungen und Universität für umfassende und detaillierte Analysen. Das Projektteam aus Österreich und Deutschland umfasst daher die Exzellenzlaboratorien, die sich mit Spezies der genetisch homogenen aber bezüglich ihres pathogenen Potentials hoch diversen *B. cereus* s.l. Gruppe beschäftigen. Zudem werden durch den personellen und wissenschaftlichen Austausch zwischen den Partnern die persönliche Entwicklung und Fachexpertise der Nachwuchswissenschaftler gefördert und vertieft.

Abstract

Trace back analysis of biological agents is the prime directive of public authorities after initial medical first response. Detailed knowledge about the pathogen is of utmost importance to rapidly distinguish natural contamination from intentional contamination events in order to initiate appropriate measures. In an ever-growing interconnected world, a holistic approach on an international level is needed to combat outbreaks. This project focuses on *Bacillus anthracis*, the etiological agent of anthrax, which is a zoonotic spore forming bacterial pathogen that affects humans and animals. *B. anthracis* has gained increased prominence because of its past and recent misuse as an agent of bioterror. With the ongoing climate change the organism's habitability in European soils is possibly increasing and, as a consequence, the likelihood of natural contaminations and outbreaks is increasing as well. Furthermore, if environmental factors are changing, historical anthrax sites might pose additional potential threats. Data on past and current genotypes of *B. anthracis* in Central Europe, respectively Austria, is very limited. Although anthrax is historically known in Austria, only one clinical isolate from Tyrol has been sequenced so far and genetic information from environmental isolates is literally lacking.

This project is expected to increase the knowledge on genotypes of *B. anthracis* and closely related *Bacillus cereus* sensu lato (s.l.) strains from various origins, including clinical specimen, specimens from historical collections and soils from historical anthrax sites. By elucidating present and past genotypes, microevolution and host-adaptation, this project will improve trace back analysis in future outbreak scenarios. The comparison of isolation protocols for different soil types will contribute significantly to CBRN readiness capabilities of partner states.

The genetic homogeneity of these bacteria, the resulting challenges regarding characterization and diagnostics of associated infections, requires international collaboration between applied government research institutions and university research. Thus, to meet the objectives of this project, a consortium of three partners, running expert laboratories, two from Austria and one from Germany, has been build. The partners will conduct research on the genetically homogenous, yet in their respective pathogenic potential diverse, species of the *B. cereus* s.l. group. Furthermore, personnel and scientific exchange will promote guidance and mentoring for junior scientists of the participating nations with the aim of fostering subject expertise and skill development.

Projektkoordinator

- Veterinärmedizinische Universität Wien

Projektpartner

- Bundesministerium für Landesverteidigung