



Epidemiologisches Bulletin

27. April 2009 / Nr. 17

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Auftreten und Verbreitung von MRSA in Deutschland 2008

Bericht aus dem Nationalen Referenzzentrum für Staphylokokken

Diese Woche 17/2009

Aus einer Reihe von Gründen ist es zweckmäßig, zwischen Methicillin-resistenten *Staphylococcus (S.) aureus* (MRSA), die mit Einrichtungen der stationären Behandlung/Pflege assoziiert sind (*hospital acquired* MRSA, **haMRSA**), die in einer stationären Einrichtung erworben und durch Patienten wieder in Krankenhäuser zurückgebracht werden (*hospital acquired community associated*, **hcaMRSA**), *community acquired* MRSA (**caMRSA**) und MRSA von Masttieren (*livestock associated*, **laMRSA**) zu unterscheiden.¹ Mit dem Auftreten von haMRSA und hcaMRSA sind typische Risikofaktoren assoziiert, die mit der Behandlung in Krankenhäusern und vergleichbaren Einrichtungen in Zusammenhang stehen; Auftreten und Verbreitung von caMRSA sind davon unabhängig. laMRSA sind bezüglich des eigentlichen Reservoirs mit der Tiermast (vorrangig Schweine, aber auch Mastbullen und Puten) assoziiert.²

MRSA

Auftreten und Verbreitung in Deutschland 2008

Public Health

- ▶ 1. Internationaler Tag der Händehygiene im Gesundheitswesen
- ▶ Stellenausschreibung für Ausbildungsprogramm des ECDC

Mit Hilfe der molekularen Typisierung ist es möglich, innerhalb der Spezies *S. aureus* einzelne Stämme (klonale Linien) und davon abgeleitet „Subklone“ zu unterscheiden. Die Einführung einer Sequenz-basierten Typisierung, die auf dem Polymorphismus der X-Region des *spa*-Gens beruht, bedeutet einen erheblichen Fortschritt im Hinblick auf die Vergleichbarkeit von Typisierdaten und den Aufbau eines europäischen Netzwerks.^{3,4} Die *spa*-Typisierung wird dabei als Basismethode angewendet, die je nach Situation und Fragestellung durch weitere Verfahren (z. B. Multi-Locus-Sequenz-Typisierung [MLST] als „Gold-Standard“ für die Definition von klonalen Linien) ergänzt wird. Die Zuordnung von Isolaten zu **klonalen Linien (ST)/klonalen Komplexen (CC)** nur aufgrund des *spa*-Typs ist bei epidemiologischen Analysen über begrenzte Zeiträume und geografische Regionen gut möglich, darüber hinaus sind tiefer gehende Analysen erforderlich, da bei MRSA bestimmte klonale Linien offenbar unabhängig voneinander durch weit verbreitete und empfindliche Vorläufer entstehen können (z. B. MRSA ST5⁵).

Meldepflichtige

Infektionskrankheiten

Aktuelle Statistik

14. Woche 2009

(Datenstand: 22. April 2009)

Methicillin-Resistenz wird bei Staphylokokken durch das *mecA*-Gen kodiert, das auf SCC*mec*-Elementen lokalisiert ist. Bisher sind mindestens fünf verschiedene Grundtypen bekannt (I–V); Isolate der gleichen klonalen Linie können verschiedene SCC*mec*-Elemente erworben haben (die Evolution dieser MRSA erfolgte unabhängig voneinander und wird durch eine umfassende Analyse von Genom-weiten Einzelnukleotidpolymorphismen deutlich belegt⁵).

Unter haMRSA treten bestimmte klonale Linien mit einer offenbar weiten Verbreitung und häufigen Nachweisen besonders hervor: die sogenannten **Epidemiestämme**.⁶ Wie bereits seit mehr als 10 Jahren in Deutschland beobachtet,⁷ gibt es eine Dynamik von ha-Epidemiestämmen; Tabelle 1 (s. S. 156) zeigt dies für die Jahre 2005, 2007 und 2008. Nach wie vor gehören die meisten eingesandten Isolate der klonalen Linie ST22 an („Barnim“-Epidemiestamm), als zweithäufigster Epidemiestamm ist ST225 („Rhein-Hessen“-Epidemiestamm) mit 38% aller Isolate vertreten. Sowohl ST22 als auch ST225 sind nahezu im

