

Aktuelle Daten und Trends zu Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) traten erstmals vor 50 Jahren und schon während der klinischen Erprobung von Methicillin in England auf – in den nachfolgenden Jahrzehnten mit unterschiedlicher Prävalenz weltweit. Bis Ende der 1990er-Jahre waren MRSA nahezu ausschließlich krankenhausessoziiert und wurden dort zu einem Problemkeim. Seit dem Auftreten von MRSA-Infektionen außerhalb der Krankenhäuser Mitte der 1990er-Jahre sowie auch bei Nutztieren seit 2005 ist es aus klinisch-epidemiologischer Sicht sinnvoll, zwischen MRSA in kurativen Einrichtungen („hospital acquired MRSA“, HA-MRSA), MRSA, die innerhalb der Bevölkerung auftreten („community acquired MRSA“, CA-MRSA), und mit der Tiermast assoziierten MRSA („livestock associated MRSA“, LA-MRSA) zu unterscheiden [1]. Durch kürzere Krankenhausverweilzeiten können im Krankenhaus erworbene MRSA häufig erst nach der Entlassung als Besiedler oder Infektionserreger in Erscheinung treten; dies sind dann „hospital associated community onset MRSA“ (HCA-MRSA; [2]).

Mit dem Auftreten von HA-MRSA und HCA-MRSA sind typische Risikofaktoren assoziiert, die mit der Behandlung in Krankenhäusern und medizinischen Einrichtungen im Zusammenhang stehen [3]. Auftreten und Verbreitung von CA-MRSA sind davon unabhängig und treten insbesondere bei jungen Gesunden und im familiären Umfeld auf. LA-MRSA sind bezüglich des eigentlichen Reservoirs mit der konventionellen Tiermast (Massentierhaltung; vorrangig Schweine, aber auch Mastbullen und Mastgeflügel) asso-

ziiert und insbesondere bei Menschen mit Kontakt zu solchen Tieren als nasale Besiedler weit verbreitet.

Wenn die Daten des Krankenhaus-Infektions-Surveillance Systems (KISS) im Modul MRSA-KISS in den letzten Jahren für die daran teilnehmenden Krankenhäuser einen zunehmend größer werdenden Anteil an „mitgebrachten“ MRSA aufweisen (für 2010: 83,87 % mitgebracht gegenüber 16,13 % für in den Krankenhäusern erworbene MRSA), dann handelt es sich sehr wahrscheinlich bei diesen Stämmen um HCA-MRSA.

Im Zusammenhang mit der Etablierung von MRSA-Netzwerken erfolgte im Sinne einer „Zustandsanalyse“ ein Krankenhausaufnahme-screening für eine vergleichsweise hohe Zahl von Patienten in mehreren Bundesländern. Dabei wurde z. T. auch eine Erregertypisierung durchgeführt wie im Falle des MRSA-Netzwerkes Süd-Brandenburg (die Prävalenz von MRSA betrug hier 0,77 %; neben HA-MRSA stellten LA-MRSA 10 % dieser Isolate [4]). In Regionen mit einer hohen Dichte an Schweinemastbetrieben ist dieser Anteil höher (EUREGIO-Netzwerk Twente-Münsterland: MRSA-Prävalenz 1,6 %; daran Anteil von LA-MRSA ~30 % [5]).

Daten zur Häufigkeit des Auftretens von MRSA in Deutschland und in Europa

PEG-Resistenzstudie

Die AG „Empfindlichkeitsprüfungen und Resistenz“ der Paul-Ehrlich-Gesellschaft (PEG) für Chemotherapie erhebt seit den

1970er-Jahren in einem 3-Jahres-Rhythmus Resistenzhäufigkeiten bei wichtigen Erregern von Krankenhausinfektionen, u. a. bei Isolat von *S. aureus*. Die Studien sind als Längsschnittstudie konzipiert und werten Daten aus 30 teilnehmenden Laboren aus Deutschland, Österreich und der Schweiz aus. Es werden in allen Laboratorien die gleichen Methoden zur Identifizierung der Bakterienstämme und Empfindlichkeitsprüfung angewendet (Mikrodilution nach EUCAST), um eine bestmögliche Vergleichbarkeit der Daten zu gewährleisten. Die MRSA-Raten zeigen für 2010 einen leichten Rückgang im Vergleich zu 2007 (■ **Abb. 1a**) und reflektieren somit den Trend aus anderen Surveillance-Systemen wie ARS und EARS-Net (s. folgende Abschnitte). Die ■ **Abb. 1b** zeigt die Koresistenzen bei MRSA im Zeitraum von 1995 bis 2010. Auch hier zeigt sich der aus den Daten des NRZ für Staphylokokken sichtbare Trend eines Rückgangs aller Resistenzen gegen andere Substanzklassen als β -Lactame (mit Ausnahme der Fluorchinolone). Dieser Rückgang geht nicht mit einem Resistenzverlust einher, sondern spiegelt die Dynamik in der Verbreitung bestimmter MRSA-Epidemieklonen wider. Die in den letzten Jahren verstärkt auftretenden Varianten (Isolate der klonalen Linie ST22 („Barnim Epidemiestamm“) und ST225 („Rhein-Hessen-Epidemiestamm“)) zeigen ein deutlich schmaleres Resistenzspektrum als ältere epidemische MRSA. Eine molekulare Charakterisierung der MRSA-Isolate aus der PEG-Resistenzstudie 2010 erfolgt derzeit am NRZ für Staphylokokken.

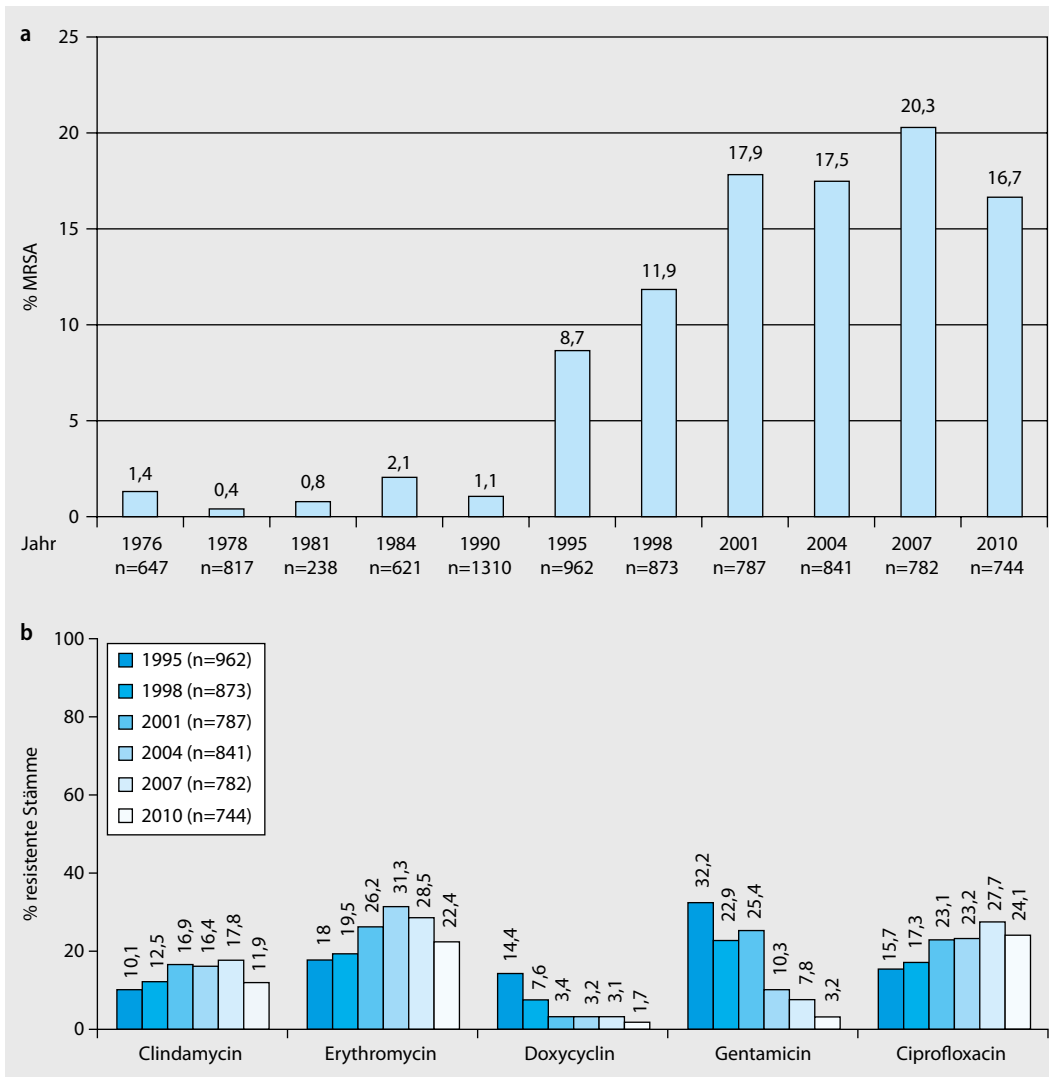


Abb. 1 **a** Anteil der MRSA an allen untersuchten *S. aureus*; Daten aus den Resistenzstudien der Paul-Ehrlich-Gesellschaft. (M. Kresken, unveröffentlichte Daten für 2010). **b** Koresistenzen gegen wichtige Substanzen bei MRSA; Daten aus den Resistenzstudien der Paul-Ehrlich-Gesellschaft. (M. Kresken, unveröffentlichte Daten für 2010)

Antibiotic Resistance Surveillance System (ARS)

ARS ist ein laborgestütztes Surveillance-System, das kontinuierlich Resistenzdaten aus der Routine (aktuell 24 Labore der stationären und ambulanten Versorgung) für klinisch relevante bakterielle Erreger erhebt [6]. Die in ARS ermittelten Daten zur MRSA-Prävalenz (2008: 21,2 %; 2009: 24,1 %; 2010: 24,2 %, 2011: 21,9 %) zeigen aktuell einen leicht rückläufigen Trend, was auch den Ergebnissen der PEG-Resistenzstudie entspricht.

Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System (KISS)

Von Januar 2005 bis Dezember 2009 haben 586 Intensivstationen Daten zur Häu-

figkeit von nosokomialen Infektionen und deren Erregern an ITS-KISS geliefert. Unter Intensivpatienten mit multi-resistenten Erregern (MRE) sind MRSA am häufigsten. Zum Beispiel liegt der Anteil von MRSA an nosokomialen Infektionen für beatmungsassoziierte Infektionen der unteren Atemwege bei 7,2 %, für mit zentralen Venenkathetern assoziierte Sepsis bei 5,8 %. Die Daten für das Jahr 2009 zeigen eine Gesamtprävalenz von 1,38 MRSA je 100 Patienten. Dabei ist der Anteil von Patienten mit MRSA über die letzten Jahre konstant geblieben, während der Anteil an anderen MRE bei Intensivpatienten anstieg [7].

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net, früher EARSS)

Die im Rahmen von EARS-Net erhobenen Daten umfassen Blutkulturisolate (Anzahl 2010: 1561) aus bis zu 25 deutschen Laboratorien. Im Zeitraum von 1999 bis 2005 war ein kontinuierlicher Anstieg der MRSA-Raten (von 8,3 % auf 21,4 %) zu verzeichnen, seit 2006 sind diese Zahlen leicht rückläufig. Im Jahr 2010 lag die Methicillin-Resistenzrate bei *S. aureus* aus Blutkulturen bei 20,8 %. Die **Abb. 2** fasst die Daten aus den Jahren 2007 bis 2010 für Deutschland und weitere europäische Länder zusammen. In den meisten Staaten sind fallende oder stagnierende MRSA-Raten zu verzeichnen, während die MRSA-Raten in 4 Ländern

ansteigen. In 8 der 28 europäischen Länder sind die MRSA-Prävalenzen immer noch höher als 25 % [8].

Aktuelle Daten und Trends aus dem Nationalen Referenzzentrum für Staphylokokken

Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland mit überregionaler Verbreitung

HA-MRSA treten als epidemische MRSA auf und gehören molekularbiologisch bestimmten klonalen Linien an. Diese Epidemiestämme wurden in Mitteleuropa zunächst nach der geografischen Region ihres ersten Auftretens benannt. Seit mehr als 10 Jahren wird in Deutschland eine überregionale Dynamik bei der Verbreitung dieser HA-Epidemiestämme beobachtet [9]. Einen Überblick über die diesbezüglichen Daten des NRZ für Staphylokokken für die Jahre 2005 bis 2011 zeigt **Tab. 1**.

Derzeit sind in den meisten Krankenhäusern Isolate der klonalen Linie ST22 („Barnim-Epidemiestamm“) verbreitet (49 %), zweithäufigster Epidemiestamm ist ST225 („Rhein-Hessen-Epidemiestamm“) in 30 % der Krankenhäuser. Sowohl ST22 als auch ST225 sind nahezu im gesamten Bundesgebiet verbreitet (s. auch **Abb. 3**). Im Jahr 2010 trat der „Berliner Epidemiestamm“ (ST45) zunehmend häufiger auf, dieser Trend war jedoch 2011 wieder rückläufig. In 26 % der Krankenhäuser traten Infektionen mit MRSA ST8 (PVL und *arcA*-negativ, kein CA-MRSA USA300!) auf.

Die in Großbritannien am zweithäufigsten (nirgends sonst in Europa!) verbreiteten MRSA ST36 (Epidemiestamm „EMRSA-16“, CC30) traten in den Vorjahren vorrangig in der Region Bremen auf; auch im Jahr 2011 erfolgten Einzelnachweise (keine Infektketten).

MRSA ST239 („Wiener Epidemiestamm“) wurde 2011 in 5 Krankenhäusern nachgewiesen. Dieser MRSA ist nach wie vor häufig in Südosteuropa (Türkei) und in Russland und war es bis Ende der 1990er-Jahre auch in Tschechien und in Österreich. Bisher selten in Deutschland sind die in Spanien weit verbreite-

Bundesgesundheitsbl 2012 · 55:1377–1386 DOI 10.1007/s00103-012-1560-x
© Springer-Verlag 2012

F. Layer · C. Cuny · B. Strommenger · G. Werner · W. Witte

Aktuelle Daten und Trends zu Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Zusammenfassung

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) gehören weltweit zu den häufigsten Erregern nosokomialer Infektionen. Am Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Staphylokokken wird stetig eine repräsentative Anzahl an Isolaten aus deutschen Krankenhäusern und anderen medizinischen Einrichtungen analysiert, um die Dynamik des Auftretens und der Verbreitung von MRSA-Klonen zu verfolgen. Gemäß den vom NRZ vorgegebenen Kriterien für die Einsendung, werden vor allem Isolate aus einem gehäuften Auftreten von Infektionen sowie aus schweren Infektionsverläufen eingesandt. Der vorliegende Beitrag befasst sich mit aktuellen Daten

aus dem NRZ für Staphylokokken zu Antibiotikaresistenzen und MRSA-Epidemiestämmen krankenhausassoziierter Infektionen. Weiterhin werden Ergebnisse zu Community-assoziierten MRSA, die außerhalb medizinischer Einrichtungen auftreten, und zu MRSA aus zoonotischen Reservoiren vorgestellt und diskutiert.

Schlüsselwörter

Hospital-assoziierte MRSA (HA-MRSA) · Community-assoziierte MRSA (CA-MRSA) · Livestock-assoziierte MRSA (LA-MRSA) · Antibiotikaresistenz · Epidemiologie

Current data and trends on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Abstract

Nosocomial infections caused by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) are a problem in hospital settings worldwide. The National Reference Centre for Staphylococci performs molecular typing on a representative sample set of MRSA isolates from German hospitals for assessing long-term trends thus following the dynamics of emergence and spread of MRSA clones. The article focuses on recent data concerning antibiotic resistance and epidemic MRSA in nosocomial settings and also reflects the impact of commu-

nity-acquired MRSA and MRSA from zoonotic reservoirs. Identifying common and newly emerging clones is an on-going challenge in the changing epidemiology of MRSA and prevention of further spread needs molecular surveillance.

Keywords

Hospital-acquired MRSA (HA-MRSA) · Community-acquired MRSA (CA-MRSA) · Livestock-associated MRSA (LA-MRSA) · Antibiotic resistance · Epidemiology

ten MRSA ST125, *spa* t067 und der in Dänemark auf insgesamt niedrigem Niveau häufige MRSA ST8, *spa* t024.

MRSA-Infektionen in verschiedenen klinischen Disziplinen stationärer Gesundheitseinrichtungen

Die **Tab. 2** zeigt eine Aufstellung zur Herkunft der dem NRZ 2011 eingesandten MRSA-Isolate. Wie in den Vorjahren, gab es die meisten Infektionen in den Abteilungen der Inneren Medizin und im intensivmedizinischen Bereich sowie in der Chirurgie, in der Wundinfektionen im Vordergrund standen. In der Inneren Medizin und im ITS-Bereich überwogen hingegen Septikämien und Beatmungs-

pneumonien. Der Trend verstärkter Einsendungen aus urologischen Stationen mit Harnwegsinfektionen, auf denen MRSA bisher eher selten auftraten, bleibt auch im Jahr 2011 bestehen.

Klinische Herkunft von MRSA aus nosokomialen Infektionen und ihre Zuordnung zu klonalen Komplexen

Die diesbezüglichen Daten zur Herkunft von MRSA sind in **Tab. 3** zusammengestellt. Der überwiegende Anteil der Einsendungen an das NRZ für Staphylokokken entstammt Wundinfektionen (17 %), Sepsis (7 %), Harnwegsinfektionen (6 %) und Beatmungspneumonien (5 %).

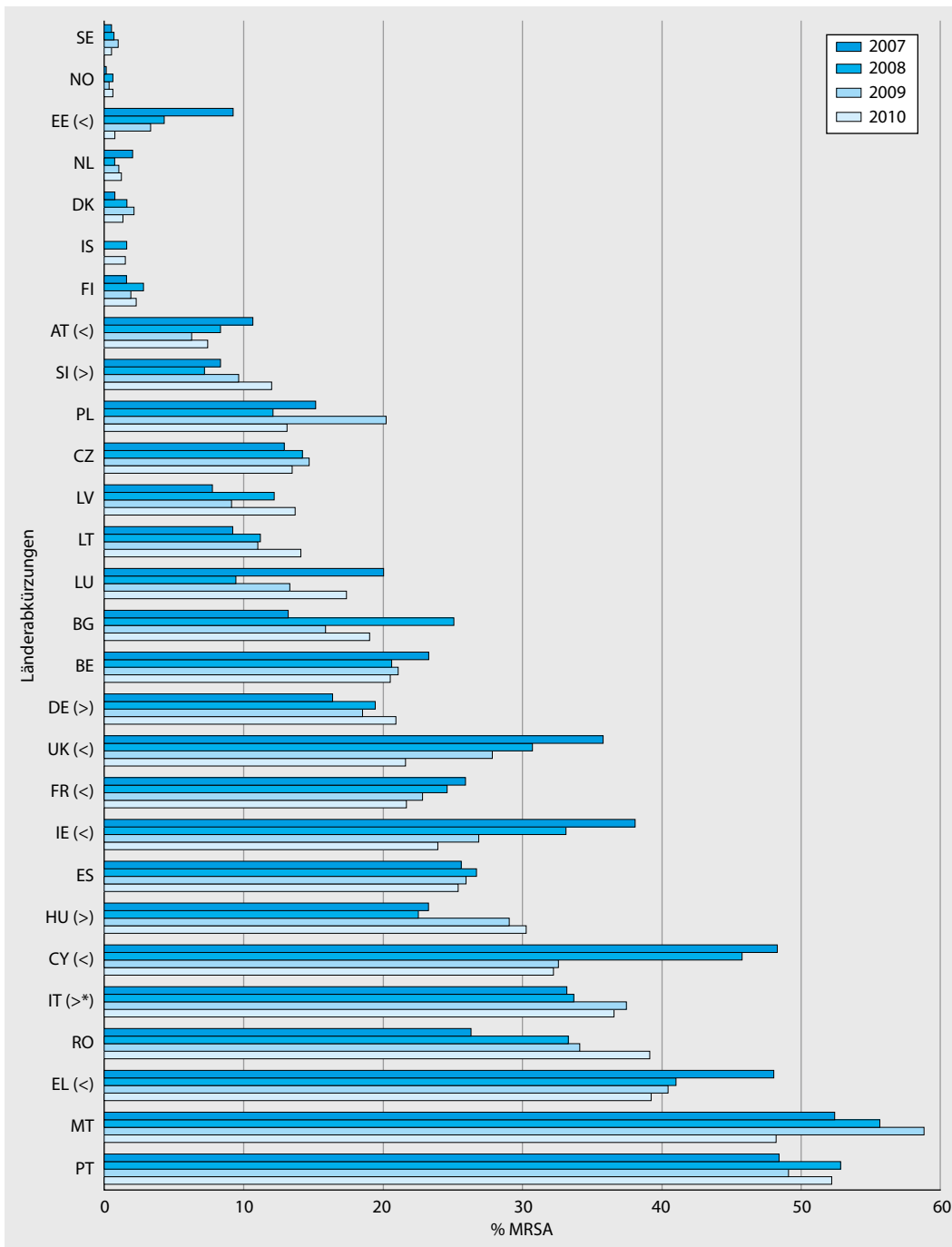


Abb. 2 Anteil der MRSA an *S. aureus*-Isolaten aus Blutkulturen für verschiedene europäische Staaten (2007–2010; [8]). AT Österreich, BE Belgien, BG Bulgarien, CY Zypern, CZ Tschechische Republik, DE Deutschland, DK Dänemark, EE Estland, EL Griechenland, ES Spanien, FI Finnland, FR Frankreich, HU Ungarn, IE Irland, IS Island, IT Italien, LT Litauen, LU Luxemburg, LV Lettland, MT Malta, NL Niederlande, NO Norwegen, PL Polen, PT Portugal, RO Rumänien, SE Schweden, SI Slowenien, UK Vereinigtes Königreich

Bei den Sepsisisolaten sind anteilmäßig die klonalen Komplexe CC5 (vorwiegend ST225) und CC22 (nahezu ausschließlich ST22) deutlich höher vertreten als die klonalen Komplexe CC8, CC22, CC30, CC45 und CC398.

Resistenz gegen weitere Antibiotikaklassen bei MRSA aus 191 deutschen Krankenhäusern

Die Häufigkeiten des Auftretens von Resistenzen gegen Indikatorsubstanzen für Antibiotikagruppen zusätzlich zur Resistenz gegen β -Laktam-Antibiotika sind in **Tab. 4** zusammengestellt. Hier setzt sich 2011 der Trend der Vorjahre fort; 93 % aller MRSA aus Krankenhausinfektionen

sind gegen Ciprofloxacin, 91 % auch gegen Moxifloxacin resistent. Für eine Reihe von Antibiotika liegen die Resistenzhäufigkeiten deutlich unter 10 %; für die wichtige Substanz Rifampicin bei 1,7 %; auch für potenzielle Kombinationspartner (Cotrimoxazol, Fusidinsäure-Natrium, Fosfomycin) liegen noch günstige Werte vor.

MRSA-Isolate mit Daptomycin-Resistenz waren häufig mehrfachresistent; diese gehören überwiegend den derzeit

Tab. 1 Dynamik des Auftretens von epidemischen MRSA mit überregionaler Verbreitung in Krankenhäusern in Deutschland

Klonaler Komplex	Klonale Linie	2005 (%)	2007 (%)	2008 (%)	2009 (%)	2010 (%)	2011 (%)	Multiresistenzphänotypen
CC8	ST8 (t008)		39	13,6	23	15,4	26	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP
CC8	ST247; t052 (norddeutscher Epidemiestamm)	0,2	0,7	1,6	0	0	0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, GEN, SXT, RAM
	ST239, t037		2,0	2,6	1,8	0,6	2,5	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, GEN, RIF, SXT, OTE, RAM, (PHO, LIN)
CC398	ST398		2,6	1,6	1,8	2	9,0	PEN, OXA, (CIP), ERY, CLI, OTE, (SXT)
CC5	ST228; t001 (süddeutscher Epidemiestamm)	6,2	9,0	5,0	9	4	2,5	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, GEN, OTE
	ST5; t002 (Rhein-Hessen-Epidemiestamm)	21	10,2	2,6	6	6	0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP
	ST225; t003 (Rhein-Hessen-Epidemiestamm)		47	38	70	59	31,4	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP
CC22	ST22; t005, t022, t032 (Barnim-MRSA)	35,3	60	46	76	76	51	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP
CC45	ST45 (Berliner Epidemiestamm)	8,6	31	13,6	18	30	21	PEN, OXA, CIP, (ERY, CLI)
CC30	ST36	0,3	0,7	3,1	2,3	0	1,3	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP
Anzahl der Krankenhäuser mit Epidemiestämmen		194	151	191	121	162	156	

Andere, selten in 2011 aufgetretene klonale Linien: ST7 (3); ST8, spa t024 (2); ST59 (2); ST88 (1); ST101 (1); ST125, spa t067 (2); Angaben in Klammern: Nachweis nur bei einem Teil der Isolate.

Tab. 2 Auftreten von Infektionen mit HA-MRSA in Gesundheitseinrichtungen, aufgeschlüsselt nach klinischen Disziplinen

Klinische Disziplin	2009 (n)	2010 (n)	2011 (n)
Altenheim	3	7	11
Ambulant ^a	164	168	109
Chirurgie	253	375	282
Dermatologie	8	7	8
Dialyse	12	2	–
Gynäkologie	8	11	15
Herzchirurgie	1	–	–
HNO	1	18	18
Innere Medizin	340	539	465
ITS, allgemein	301	350	289
ITS Chirurgie	24	17	18
ITS Innere	31	15	28
ITS Neugeborene	4	–	4
ITS Neurologie	12	9	6
Neurochirurgie	8	–	7
Neugeb/Neonatologie	6	62	7
Neurochirurgie	9	7	–
Neurologie	179	170	127
Onkologie	4	14	4
Ophthalmologie	1	–	–
Orthopädie	114	84	82
Pädiatrie	27	23	24
Psychiatrie	2	1	–
Rehabilitation	14	5	9
Urologie	87	101	99
Andere	92	116	118
Summe (n)	1705	2101	1730

^aAmbulant: bereits bei Aufnahme bestehende Infektion.

am weitesten verbreiteten klonalen Linien von HA-MRSA (ST22 und ST225) an. Im Jahr 2010 gab es ein MRSA-Isolat mit Resistenz gegen Glykopeptide (negativ für *vanA* und *vanB*), das auch gegen

Daptomycin resistent war. Über Genomanalysen aufeinanderfolgender, im Verlauf einer antibiotischen Behandlung gewonnener Isolate konnte in verschiedenen Studien gezeigt werden, dass die

unter der Therapie auftretenden Mutationen sowohl Resistenz gegen Glykopeptide als auch gegen Daptomycin verursachen können [10, 11]. Der molekulare Mechanismus, der diesen Resistenzphänotyp bedingt, ist allerdings immer noch Gegenstand aktueller Forschungen.

Die Linezolid-Resistenz beruhte bei einem der aufgetretenen Isolate von MRSA ST225 auf einer Mutation in der 23S rRNA, bei einem LA-MRSA ST398 auf einer *cfr*-Gen-vermittelten übertragbaren Resistenz. Dieser LA-MRSA wurde aus dem Trachealsekret eines Landwirts mit Schweinezucht isoliert. Ursprünglich wurde das *cfr*-Gen erstmals in koagulase-negativen Staphylokokken von Tieren nachgewiesen, später bei einem MRSA ST398 eines Schweines [12]. Aus Spanien wurde über einen Krankenhausausbruch mit einem HA-MRSA mit *cfr*-kodierter Linezolid-Resistenz berichtet, bei dem 5 Menschen starben [13]. Das Auftreten solcher Isolate bedarf besonderer Aufmerksamkeit. Neue, zwischen Bakterien übertragbare Antibiotikaresistenzen aus zoonotischen Reservoiren können über Staphylokokken mit wenig ausgeprägter Wirtsspezifität den Menschen erreichen.

Die Resistenz gegen Mupirocin stieg 2011 auf nahezu 7 % an, da – vermutlich aufgrund des in Deutschland verstärkt durchgeführten MRSA-Aufnahmescreenings – von einem häufigen Einsatz dieses Antibiotikums auszugehen ist. Ähnliches wird auch in Asien und vereinzelt in anderen europäischen Ländern beobachtet [14, 15].

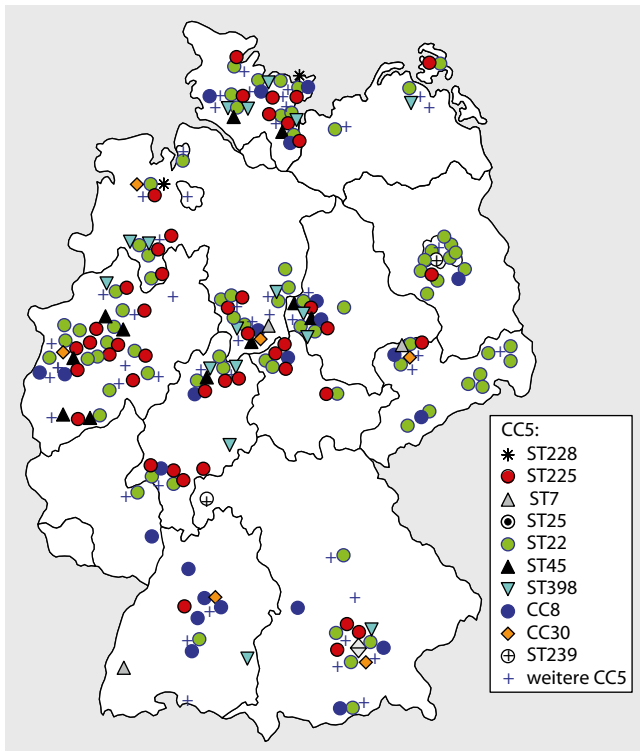


Abb. 3 ▲ Verbreitung der am häufigsten aufgetretenen HA-MRSA-Epidemiestämme aus Krankenhausinfektionen in Deutschland im Jahr 2011

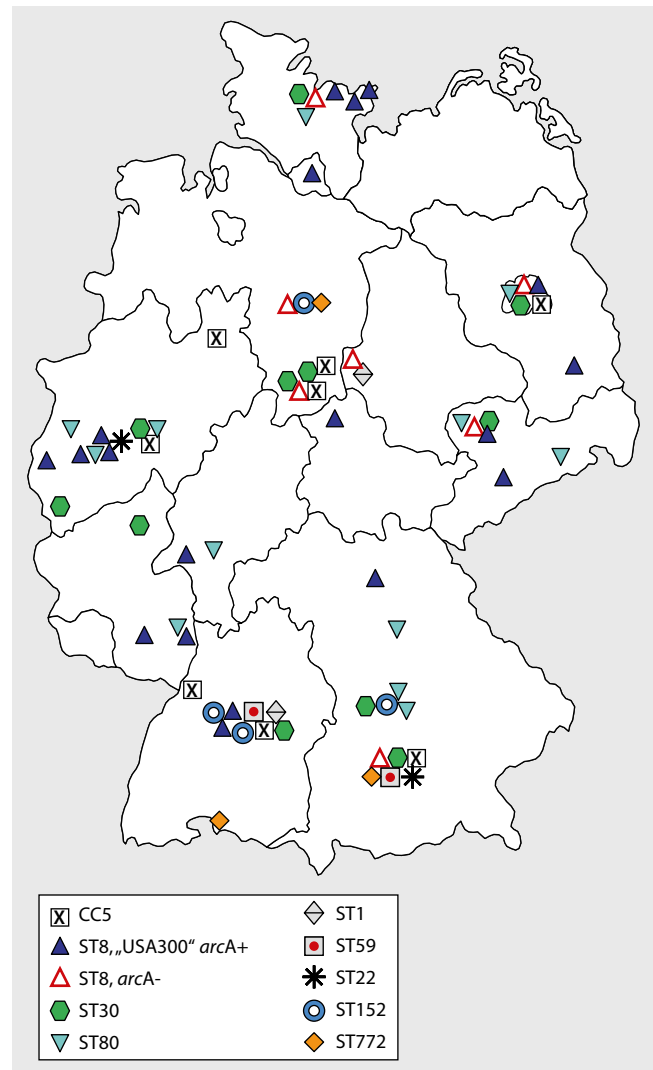


Abb. 4 ► Verbreitung der am häufigsten aufgetretenen klonalen Linien von CA-MRSA in Deutschland im Jahr 2011

Auftreten und Verbreitung von CA-MRSA in Deutschland

Die ersten Fälle von CA-MRSA wurden Anfang der 1990er-Jahre bei nationalen Minderheiten in Australien und den USA beschrieben. Heute wird weltweit von MRSA berichtet, die unabhängig von den mit HA-MRSA assoziierten Risikofaktoren außerhalb der Krankenhäuser auftreten [16]. Klinisch manifestieren sich diese Infektionen meist als lokal begrenzte Haut-Weichgewebe-Infektion, oft als rezidivierende Abszesse oder Furunkulose. Lebensbedrohliche Krankheitsbilder wie die nekrotisierende Pneumonie oder nekrotisierende Faszitis treten seltener auf, sind aber dann als Superinfektion mit einer hohen Letalität verbunden.

Das NRZ erhält CA-MRSA aus unterschiedlichen diagnostischen Einrichtun-

gen niedergelassener Ärzte und Kliniken und aus Laboratorien des Öffentlichen Gesundheitsdienstes. Die **Tab. 5** zeigt die klonalen Linien, bei denen CA-MRSA im Jahr 2011 nachgewiesen wurden, sowie ebenfalls die Arten von Infektionen, aus denen diese isoliert wurden. Die meisten Stämme entstammen tiefgehenden Haut-Weichgewebe-Infektionen (Abszesse, Furunkel, Karbunkel, Wundinfektionen). Im Vordergrund standen Isolate der klonalen Linien ST8 (CA-MRSA „USA300“; *arcA*-positiv, *lukPV*-positiv), ST30 („Ozeanischer Klon“; *lukPV*-positiv) und ST80 („Europäischer Klon“; *etd*-positiv, *lukPV*-positiv), die nahezu im ganzen Bundesgebiet auftraten (**Abb. 4**). Cluster von CA-MRSA-Infektionen finden sich gelegentlich familiär gehäuft. Die weltweite zunehmende Verbreitung des ozeanischen Klons ST30 zeigt sich auch in den vor-

liegenden Daten, somit bestätigt sich der bereits 2010 beschriebene Trend auch für das Jahr 2011. Nur bei wenigen Patienten konnte der Erwerb des CA-MRSA ST30 im südostasiatischen Raum vermutet werden. Ein Nachweis im Jahr 2010 in Norddeutschland betraf einen Asylbewerber aus Somalia, der von einer tiefgehenden Haut-Weichgewebe-Infektion betroffen war. In der Folge wurde bei 232 Personen aus diesem Asylbewerberheim ein MRSA-Screening durchgeführt, und es wurden 2 weitere *lukPV*-positive CA-MRSA ST80 detektiert (Geschwisterkinder aus Serbien; [17]).

In einigen Fällen konnte das Auftreten des CA-MRSA ST8 („USA300“) mit MSM („men-who-have-sex-with-men“), Aufenthalt in den USA bzw. mit amerikanischen Staatsbürgern in Zusammenhang gebracht werden. Der Nach-

Tab. 3 Häufigkeit verschiedener Arten von Besiedlungen und von Infektionen mit MRSA bei Krankenhauspatienten im Jahr 2011

Art der Infektion	CC5 (n)	CC8 (n)	CC22 (n)	ST130 (n)	CC30 (n)	CC45 (n)	ST398 (n)	Andere bzw. nicht bestimmbar (n)	Summe (n)
Abszess (Haut- und Weichgewebe)	17	3	40	2	–	1	3	–	66
Bakteriämie, Sepsis	53	–	56	–	6	2	3	3	123
Dekubitus	11	–	1	–	–	–	1	–	13
Empyem	–	–	2	–	–	–	–	–	2
Endokarditis	–	–	–	–	–	–	1	–	1
Furunkel/Karbunkel	1	1	2	–	–	–	–	–	4
Gangrän	–	–	1	–	–	–	–	–	1
Harnwegsinfektion	42	2	51	–	–	2	–	3	100
Osteomyelitis/Gelenkersatz	3	–	6	–	–	–	–	1	10
Otitis	–	1	–	–	–	–	–	1	2
Exfoliative Dermatitis	–	–	1	–	–	2	–	–	3
Pneumonie (Beatmung)	27	–	57	2	–	1	1	–	88
Toxic-Shock-Syndrom	–	–	1	–	–	–	–	–	1
Ulcus cruris	6	–	9	1	1	–	–	–	17
Verbrennung	–	–	3	–	–	–	–	–	3
Wundinfektion	99	9	172	2	–	4	5	14	305
Sonstige	2	1	1	–	–	–	–	–	4
Besiedlung	186	18	344	1	9	11	29	16	614
Summe (n)	447	35	747	8	16	23	42	39	1783

Tab. 4 Resistenz gegen weitere Antibiotika (zusätzlich zur Resistenz gegen β -Laktam-Antibiotika) bei HA-MRSA 2006–2011

Antibiotikum	2006 (%)	2007 (%)	2008 (%)	2009 (%)	2010 (%)	2011 (%)
Ciprofloxacin	93,8	95,8	91	90	86	93
Moxifloxacin	–	94,4	89,6	87	86	91,3
Erythromycin	72,5	75	80,7	67	65	64,3
Clindamycin	65,4	72	73,4	60	59	59,9
Gentamicin	13,3	9,8	10,5	9,5	5,3	4,4
Oxytetracyclin	7,4	6,8	7,3	8	6,0	4,6
Rifampicin	2,5	1,07	0,4	1,6	0,8	1,7
Cotrimoxazol	3,1	2	10,8	5,3	0,8	0,7
Fusidinsäure-Natrium	6,4	3,8	2,0	5,2	4,0	2,7
Fosfomycin	3,3	0,56	1,1	0,15	0,6	0,4
Linezolid	0,04	0,11	0,1	0,1	0,08	0
Tigezyklin	0	0	0	0	0,12	0
Daptomycin	0	0	0,65	1,3	1,6	2,1
Mupirocin	2,6	3,3	5,3	4,0	4,6	6,9
Vancomycin	0	0	0	0	0,08	0
Teicoplanin	0	0	0	0	0,2	0,1

weis *lukPV*-positiver, *arcA*-negativer CA-MRSA ST8 warf die Frage auf, ob es sich bei diesen Stämmen um eine Subpopulation des Stammes „USA300“ handelt, die das ACME-Gencluster verloren hat, oder ob sich diese konvergent entwickelt haben. Weiterführende molekularbiologische Untersuchungen, unter anderem mit genomweiten SNP-Analysen, weisen darauf hin, dass auch *arcA*-negative Isolate

eine enge Verwandtschaft mit „USA300“ Referenzstämmen aufweisen können. Wahrscheinlich können Elemente des akzessorischen Genoms (u. a. *arcA*, *lukPV*, *SCCmec*) an verschiedenen Lokalisationen im phylogenetischen Baum erworben und auch wieder verloren werden (Strommenger et al., unveröffentlicht).

Vereinzelte Infektionen mit CA-MRSA ST22 betrafen hauptsächlich Patienten in

Nordrhein-Westfalen und Bayern, der letzte Ausbruch mit CA-MRSA ST22 war 2005 in Niederbayern zu verzeichnen.

Erstmals wurden 2011 CA-MRSA ST772 („Bengal Bay Clone“) und CA-MRSA ST88 isoliert. CA-MRSA ST772 kommen vorrangig auf dem indischen Subkontinent vor und zeigen einen multi-resistenten Phänotyp. In den meisten Fällen kann eine Verbindung der betroffenen Patienten nach Indien, Bangladesch oder Großbritannien (große indisch-stämmige Community) hergestellt werden. In einem unserer Fälle war die Patientin als Entwicklungshelferin in Indien tätig, damit ist „Import“ dieses Klons sehr wahrscheinlich. CA-MRSA ST88 wurden unter anderem bei einer Pflegekraft isoliert; ein Bezug zum afrikanischen oder asiatischen Raum, in dem diese Stämme beschrieben werden, konnte bei keinem der betroffenen Patienten hergestellt werden.

Bei anderen klonalen Linien von CA-MRSA lässt sich ebenfalls ein Import aus Ländern vermuten, in denen diese MLST-Typen häufig vorkommen, dies betrifft z. B. ST5 (Südosteuropa), ST152 (Balkanstaaten), ST1 (Kanada, USA), ST59 (asiatisch-pazifischer Raum). Die Nachweisrate von LA-MRSA ST398 als Ursache von MRSA-Infektionen außerhalb der Krankenhäuser lag im Jahr 2011 bei 11 %.

Tab. 5 Klinische Herkunft und Zuordnung zu klonalen Gruppen bei CA-MRSA, die im Jahr 2011 an das NRZ für Staphylokokken eingesandt wurden

Klinische Herkunft	Iso- late (n)	Klonale Komplexe												
		ST1	CC5	CC8 (arc+)	CC8 (arc-)	CC22	CC30	ST59	ST72	ST80	ST88	ST152	ST772	CC398
Abszesse	50	3	16	7		7	1		6	2	2	1	5	
Furunkel, Karbunkel	7	2	1		1			3						
Wundinfektionen	22	1	2	1	2	1	3	1	3		1	1	6	
Follikulitis; Besiedlung/verschiedene Epitope	35	1	3	8	4		12		4		2	1		
Phlegmone	2							1	1					
Gelenkersatz-Osteosynthese														
Septikämie	1	1												
Harnwegsinfektion														
Tonsillitis/Pharyngitis	1										1			
Pneumonie	1	1												
Panaritium, Hautinfektionen (Ekzem, Mastitis, Otitis, exfoliative Dermatitis)	4								1		1		2	
Summe	123	2	12	26	13	2	22	2	1	18	2	7	3	13

Tab. 6 Häufigkeit der Resistenz gegen weitere Antibiotika bei CA-MRSA

Antibiotikum	Häufigkeit bei Isolaten in 2011 % (n)	Von Resistenz vorwiegend betroffene klonale Linie
Oxacillin	100 (125)	
Clindamycin	9,6 (12)	
Erythromycin	38,4 (48)	
Gentamicin	13,6 (17)	ST152
Oxytetracyclin	34,4 (43)	ST80, ST398
Ciprofloxacin	21,6 (27)	ST8
Moxifloxacin	17,6 (22)	ST8
Fusidinsäure-Natrium	13,6 (17)	ST80
Cotrimoxazol	0 (0)	
Rifampicin	0,8 (1)	

Die **Tab. 6** zeigt die Resistenz gegen weitere Antibiotika bei vorliegender Oxacillin-Resistenz bei CA-MRSA. CA-MRSA ST8 („USA300“) sind immer auch resistent gegen Erythromycin, etwa 60 % der Stämme zeigen auch eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin und Moxifloxacin. Vereinzelt kamen zusätzlich Resistenzen gegen Gentamicin, Oxytetracyclin und/oder Fusidinsäure-Natrium dazu. Die meisten CA-MRSA ST80 sind zusätzlich resistent gegen Oxytetracyclin und gegen Fusidinsäure-Natrium. Die Resistenzlage bei Antibiotika, die wegen guter Konzentrationsspiegel im Haut- und Weichgewebe vorzugsweise zur systemischen Behandlung von CA-MRSA-Infektionen eingesetzt werden, wie z. B. Rifampicin/Cotrimoxazol und Linezolid, ist immer noch gut. Es wurde außerdem keine Resistenz gegen Mupirocin detektiert.

Auftreten von „neuen“ MRSA mit negativem Nachweis für *mecA* und PBP2a

Bisher verbreitete MRSA sind – aufgrund der Bildung des zusätzlichen Penicillin-Bindeproteins PBP2a, das vom *mecA*-Gen kodiert wird – phänotypisch resistent gegen alle β -Laktam-Antibiotika einschließlich Oxacillin/Sulbactam. Dieses Gen ist in Genkassetten enthalten, die als transferable Elemente in das Chromosom von Staphylokokken integriert sind (SCC*mec*-Elemente). Aufgrund der heterogenen Ausprägung der Oxacillin-Resistenz in In-vitro-Kulturen kann der phänotypische Nachweis mit Oxacillin als Testsubstanz problematisch sein. Gegen Cefoxitin ist der Heteroresistenzphänotyp in viel geringerem Maße ausgeprägt, weshalb dieses Antibiotikum zunehmend für In-

vitro-Resistenzbestimmungen verwendet wird [18].

Dem molekularen Nachweis von MRSA dienen bisher die PCR für das *mecA*-Gen sowie der PBP2a-Nachweis mittels Agglutinationstest [19]. Das kürzlich beschriebene Auftreten von MRSA mit negativen Nachweisergebnissen in beiden Tests erfordert besondere Aufmerksamkeit. Diese MRSA wurden zuerst aus England bekannt, dann auch aus Dänemark und Deutschland. Sie gehören bis auf wenige Ausnahmen zur klonalen Linie ST130 [20, 21]. In England wurden sie auch im Zusammenhang mit Mastitis beim Rind beschrieben [22], sodass eine zoonotische Herkunft wahrscheinlich ist.

Die β -Lactam-Resistenz beruht bei MRSA ST130 auf einem Penicillin-Bindeprotein, das vom *mecC*-Gen kodiert wird (bekannt aus *S. aureus* LGA251, dessen Genom sequenziert wurde; Acc. No. FR821779, EMBL Database) und eine ~70 %ige Homologie zu *mecA* besitzt [21]. Das Resistenzgen *mecC* (ursprüngliche Bezeichnung: *mecA*_{LGA251}) ist mit einem SCC*mec*-Element des Typs XI assoziiert, dessen Herkunft bei koagulase-negativen Staphylokokken (KNS) vermutet wird. KNS gelten im Allgemeinen auch als Reservoir für „neue“ SCC*mec*-Elemente. Der PCR-Nachweis ist sowohl mittels spezifischer Primer möglich als auch über Primer, die sowohl *mecA* als auch *mecLGA251* erfassen [20, 23]. Die in Deutschland nachgewiesenen Isolate von

MRSA ST130 zeigen vergleichsweise niedrige Cefoxitin-MHK; ihr Nachweis über chromogene Selektivmedien, die Cefoxitin enthalten, kann deshalb ggf. problematisch sein. MRSA dieses Sequenztyps sind meist nur resistent gegen β -Laktam-Antibiotika, gelegentlich noch gegen Ciprofloxacin und bisher in Deutschland vergleichsweise selten detektiert [20, 23].

Unter den 2329 MRSA-Isolaten, die 2011 durch das NRZ für Staphylokokken bearbeitet wurden, waren 44 *mecA*-negativ, aber phänotypisch resistent gegen Oxacillin und gegen Oxacillin/Sulbactam (1,9 %), 14 von ihnen waren in weiteren PCR-Analysen positiv für *mecC* (0,6 %). Neben Isolaten des Sequenztyps ST130 waren darunter auch Stämme mit den Sequenztypen ST7, ST25 und ST599 vertreten. Kriegeskorte et al. [23] beschreiben das Auftreten von *mecC* in Deutschland noch im Zusammenhang mit Stämmen der Sequenztypen ST1946 und ST1245.

Livestock-assoziierte MRSA (LA-MRSA) und deren Bedeutung für die Bevölkerung

Übertragung von LA-MRSA auf den Menschen

Die Übertragung von Staphylokokken erfolgt primär über körperlichen Kontakt, eine Kolonisation auch über die Inhalation kontaminierten Stallstaubes. Bei 86 % der beruflich Exponierten (Landwirte, Tierärzte), die in den untersuchten MRSA-positiven, konventionell betriebenen Schweinemastanlagen tätig sind, liegt ebenfalls eine nasale Besiedlung mit LA-MRSA vor [24]. Bei nicht unmittelbar exponierten Familienangehörigen, die auf dem gleichen Hof leben, ist dies nur zu 4–5 % der Fall. Unmittelbar exponierte Menschen, d. h. mit direktem Tierkontakt, haben ein 138-fach erhöhtes Risiko, eine MRSA-Besiedlung zu erwerben, als nicht Exponierte im gleichen Umfeld. Seit 2008 gibt es in der Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) für ein prästationäres Aufnahmescreening eine Erweiterung um diesen Personenkreis. Eine Verbreitung von LA-MRSA ST398 über diesen Personenkreis hinausgehend ist offenbar sehr selten

[24]. Eine dazu vom NRZ für Staphylokokken am RKI durchgeführte Untersuchung in 2 Alten- und Pflegeheimen sowie bei Schülern einer Sekundarschule in der gleichen Region mit hoher Dichte an Schweinemastanlagen konnte das bestätigen. Die in Deutschland gewonnenen Untersuchungsergebnisse sind mit Daten aus den Niederlanden vergleichbar [25].

Dem gegenüber stehen die Ergebnisse einer Studie in 40 Betrieben alternativer Haltungsformen, die zeigen, dass weder die dort lebenden Tiere (Schweine, Hunde, Pferde) noch die dort tätigen 98 Exponierten sowie deren Familienmitglieder mit MRSA besiedelt waren [26]. Die vorliegenden Daten verdeutlichen, dass eine Übertragung von LA-MRSA auf Menschen möglich ist, diese aber gegenwärtig im Wesentlichen mit einem direkten Tierkontakt in Anlagen der konventionellen Tiermast assoziiert ist und nur in einem geringeren Maß mit dem Kontakt mit LA-MRSA kolonisierten Menschen im unmittelbaren Wohnumfeld. MRSA wurden auch bei lebenden Masttieren, wie z. B. bei Rindern und Geflügel, sowie im Auftauwasser von Mastgeflügel und in den Rohfleischprodukten nachgewiesen [27, 28, 29]. In welchem Maß eine Exposition bei der Zubereitung kontaminierter Lebensmittel zu einer Besiedlung oder Infektion beim Menschen beiträgt, ist bisher unbekannt und Gegenstand laufender Untersuchungen.

Infektionen beim Menschen

LA-MRSA können tiefgehende Haut-Weichgewebe-Infektionen verursachen, die einer chirurgischen Intervention bedürfen. Davon waren bisher überwiegend Menschen mit direkter beruflicher Exposition, gelegentlich auch deren Familienangehörige betroffen. Insgesamt gesehen sind diese Infektionen selten. Unter MRSA aus tiefgehenden Haut-Weichgewebe-Infektionen nehmen LA-MRSA einen Anteil von ~17 % ein (Daten des NRZ für Staphylokokken aus einer Stichprobe von 317 Isolaten, 2007 bis 2011). Ausgehend von einer nasalen Besiedlung können auch nosokomiale Infektionen auftreten, wie z. B. Infektionen nach Hüftgelenkersatz, Lungenentzündung bei künstlich beatmeten Patienten

oder auch Sepsis [30]. Der Anteil von LA-MRSA an MRSA aus nosokomialen Infektionen lag in den vergangenen 3 Jahren bei 1,8 %. Sie breiten sich jedoch im Krankenhaus – anders als krankenhaussassoziierte MRSA – bisher nur selten aus. Dass eine solche Ausbreitung aber möglich ist, zeigt das Cluster an Infektion/Besiedlungen in einem Krankenhaus in den Niederlanden (4 behandelte Patienten mit Besiedlung zeitgleich mit dem Nachweis eines infizierten Ulcus cruris; [31]). In einer Stichprobe von Isolaten aus Blutkulturen aus dem gesamten Bundesgebiet lag der Anteil von LA-MRSA an den MRSA im Jahr 2011 bei 1,7 % (Stichprobe von 467 MRSA aus Blutkulturen aller Einsendungen an das NRZ für Staphylokokken im Jahr 2011). Bei einer Untersuchung von Isolaten aus Landkreisen im Nordwesten Nordrhein-Westfalens mit einer hohen Dichte an Schweinemastbetrieben lag die LA-MRSA-Rate für den Zeitraum 2008 bis 2011 bei durchschnittlich 9 % (Daten aus dem EUREGIO Netzwerk Münsterland/Twente; s. auch [32]).

LA-MRSA unterscheiden sich gegenwärtig aber noch von HA-MRSA in ihrer epidemischen Potenz zur Ausbreitung von Mensch zu Mensch. Besondere Aufmerksamkeit erfordern hier allerdings neue Antibiotikaresistenzen, die den Menschen ausgehend von bei Tieren vorkommenden Staphylokokken über MRSA mit wenig ausgeprägter Wirtsspezifität erreichen können (zum Beispiel *cfr*-kodierte, übertragbare Linezolid-Resistenz s. oben).

Korrespondenzadresse

Dr. F. Layer
Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken, Robert Koch-Institut
Burgstr. 37, 38855 Wernigerode
layerf@rki.de

Interessenkonflikt. Der korrespondierende Autor gibt für sich und seine Koautoren an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Literatur

1. Morgan M (2008) Methicillin-resistant Staphylococcus aureus and animals: zoonosis or humanosis? *J Antimicrob Chemother* 62:1181–1187
2. Bartels MD, Boye K, Rhod Larsen A et al (2007) Rapid increase of genetically diverse methicillin-resistant Staphylococcus aureus, Copenhagen, Denmark. *Emerg Infect Dis* 13:1533–1540
3. Robert Koch-Institut (2008) Kommentar zu den „Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von MRSA-Stämmen in Krankenhäusern und anderen medizinischen Einrichtungen“. *Epidemiol Bull* 42:363
4. Robert Koch-Institut (2012) Untersuchung der MRSA-Prävalenz in der Bevölkerung im Bereich des lokalen MRE-Netzwerkes Südbrandenburg. *Epidemiol Bull* 8:63–67
5. Köck R, Brakensiek L, Mellmann A et al (2009) Cross-border comparison of the admission prevalence and clonal structure of methicillin-resistant Staphylococcus aureus. *J Hosp Infect* 71:320–326
6. Robert Koch-Institut: ARS. <https://ars.rki.de> (Zugegriffen: 24. April 2012)
7. Geffers C, Gastmeier P (2011) Nosocomial infections and multidrug-resistant organisms in Germany: epidemiological data from KISS (the Hospital Infection Surveillance System). *Dtsch Arztebl Int* 108:87–93
8. Antimicrobial Resistance Surveillance on Europe 2011 (2011) Annual report of the European Antimicrobial resistance Surveillance Network (EARS-Net). ECDC, Stockholm
9. Witte W, Braulke C, Cuny C et al (2001) Changing pattern of antibiotic resistance in methicillin-resistant Staphylococcus aureus from German hospitals. *Infect Control Hosp Epidemiol* 22:683–686
10. Boyle-Vavra S, Jones M, Gourley BL et al (2011) Comparative genome sequencing of an isogenic pair of USA800 clinical methicillin-resistant Staphylococcus aureus isolates obtained before and after daptomycin treatment failure. *Antimicrob Agents Chemother* 55:2018–2025
11. Cui L, Isii T, Fukuda M et al (2010) An RpoB mutation confers dual heteroresistance to daptomycin and vancomycin in Staphylococcus aureus. *Antimicrob Agents Chemother* 54:5222–5233
12. Kehrenberg C, Cuny C, Strommenger B et al (2009) Methicillin-resistant and -susceptible Staphylococcus aureus strains of clonal lineages ST398 and ST9 from swine carry the multidrug resistance gene *cf*. *Antimicrob Agents Chemother* 53:779–781
13. Sanchez Garcia M, De la Torre MA, Morales G et al (2010) Clinical outbreak of linezolid-resistant Staphylococcus aureus in an intensive care unit. *JAMA* 303:2260–2264
14. Lee AS, Macedo-Vinas M, Francois P et al (2011) Trends in mupirocin resistance in methicillin-resistant Staphylococcus aureus and mupirocin consumption at a tertiary care hospital. *J Hosp Infect* 77:360–362
15. Park SY, Kim SM, Park SD (2012) The prevalence, genotype and antimicrobial susceptibility of high- and low-level mupirocin resistant methicillin-resistant Staphylococcus aureus. *Ann Dermatol* 24:32–38
16. David MZ, Daum RS (2010) Community-associated methicillin-resistant Staphylococcus aureus: epidemiology and clinical consequences of an emerging epidemic. *Clin Microbiol Rev* 23:616–687
17. Dudareva S, Barth A, Paeth K et al (2011) Cases of community-acquired methicillin-resistant Staphylococcus aureus in an asylum seekers centre in Germany, November 2010. *Euro Surveill* 16
18. Witte W, Pasemann B, Cuny C (2007) Detection of low-level oxacillin resistance in mecA-positive Staphylococcus aureus. *Clin Microbiol Infect* 13:408–412
19. French GL (2009) Methods for screening for methicillin-resistant Staphylococcus aureus carriage. *Clin Microbiol Infect* 15(Suppl 7):10–16
20. Cuny C, Layer F, Strommenger B, Witte W (2011) Rare occurrence of methicillin-resistant Staphylococcus aureus CC130 with a novel mecA homologue in humans in Germany. *PLoS One* 6:e24360
21. Garcia-Alvarez L, Holden MT, Lindsay H et al (2011) Methicillin-resistant Staphylococcus aureus with a novel mecA homologue in human and bovine populations in the UK and Denmark: a descriptive study. *Lancet Infect Dis* 11:595–603
22. Sung JM, Lloyd DH, Lindsay JA (2008) Staphylococcus aureus host specificity: comparative genomics of human versus animal isolates by multi-strain microarray. *Microbiology* 154:1949–1959
23. Kriegeskorte A, Ballhausen B, Idelevich EA et al (2012) Human MRSA isolates with novel genetic homolog, Germany. *Emerg Infect Dis* 18:1016–1018
24. Cuny C, Nathaus R, Layer F et al (2009) Nasal colonization of humans with methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) CC398 with and without exposure to pigs. *PLoS One* 4:e6800
25. Cleef BA van, Verkade EJ, Wulf MW et al (2010) Prevalence of livestock-associated MRSA in communities with high pig-densities in The Netherlands. *PLoS One* 5:e9385
26. Cuny C, Friedrich AW, Witte W (2012) Absence of livestock-associated methicillin-resistant staphylococcus aureus clonal complex CC398 as a nasal colonizer of pigs raised in an alternative system. *Appl Environ Microbiol* 78:1296–1297
27. Tenhagen BA, Fetsch A, Stührenberg B et al (2009) Prevalence of MRSA types in slaughter pigs in different German abattoirs. *Vet Rec* 165:589–593
28. Graveland H, Wagenaar JA, Heesterbeek H et al (2010) Methicillin resistant Staphylococcus aureus ST398 in veal calf farming: human MRSA carriage related with animal antimicrobial usage and farm hygiene. *PLoS One* 5:e10990
29. Cuny C, Layer F, Witte W (2011) Staphylococcus aureus and MRSA in thawing liquid of broiler chicken carcasses and their relation to clonal lineages from humans. *Int J Med Microbiol Abstract ZOV01*
30. Witte W, Strommenger B, Stanek C, Cuny C (2007) Methicillin-resistant Staphylococcus aureus ST398 in humans and animals, Central Europe. *Emerg Infect Dis* 13:255–258
31. Wulf MW, Markestein A, Linden FT van der et al (2008) First outbreak of methicillin-resistant Staphylococcus aureus ST398 in a Dutch hospital, June 2007. *Euro Surveill* 13
32. Köck R, Harlizius J, Bressan N et al (2009) Prevalence and molecular characteristics of methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) among pigs on German farms and import of livestock-related MRSA into hospitals. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 28:1375–1382

Exzessive Computerspiel- und Internetnutzung vor allem bei jungen Menschen ein Problem

Anlässlich der heutigen Jahrestagung der Bundesdrogenbeauftragten zur exzessiven und pathologischen Computerspiel- und Internetnutzung erklärt Prof. Dr. Elisabeth Pott, Direktorin der Bundeszentrale für gesundheitliche Aufklärung (BZgA): "Die exzessive oder pathologische Computerspiel- und Internetnutzung ist in Deutschland vor allem ein Problem bei jungen Menschen. Etwa 1,4 Mio. der 14- bis 24-Jährigen gelten als problematische Internetnutzer, rund 250.000 als internetabhängig. Besonders Jugendliche sind von Computerspielen und Internetangeboten fasziniert. Neue Spielwelten und die permanent verfügbaren Kommunikationsmöglichkeiten sprechen die jugendliche Neugier und den Drang nach Neuem besonders an. Umso wichtiger ist es, dass junge Menschen einen kompetenten Umgang mit PC und Internet lernen und die damit verbundenen Gefahren kennen. Wer etwa durch übermäßiges Spielen am PC beginnt, andere Interessen, Freunde oder Familie stark zu vernachlässigen, ist gefährdet, eine Sucht zu entwickeln. Prävention muss deshalb frühzeitig ansetzen und vor allem Jugendliche für die Risiken von übermäßigem Computerspiel- und Internetgebrauch sensibilisieren." Die BZgA hat daher die Kampagne "Ins Netz gehen" gestartet, die sich mit Angeboten an Jugendliche und Eltern richtet. Die Internetseite <http://www.ins-netz-gehen.de> bietet Jugendlichen eine Vielzahl an interaktiv aufbereiteten Informationen zum Thema Computerspiel- und Internetnutzung sowie praktische Hilfen.

Alle Materialien der BZgA-Präventionskampagne "Ins Netz gehen" stehen auf <http://www.bzga.de/infomaterialien/suchtvorbeugung> zum Download bereit. Sie können dort kostenlos bestellt werden.

Quelle: Bundeszentrale für gesundheitliche Aufklärung (BZgA), www.bzga.de