

Zuwendungsempfänger

Günter Klein, Dr. med. vet., Univ.-Prof., Dipl. ECVPH
Direktor des Instituts für Lebensmittelqualität und -sicherheit

Institut für Lebensmittelqualität und -sicherheit
(ILMQS), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
Bischofsholer Damm 15, 30173 Hannover
Telefon: 0511-8567256
Fax: 0511-856827256
guenter.klein@tiho-hannover.de

Aktenzeichen: 514-06.01-2809HS017

„MRSA-Vorkommen in der Schlacht- und Verarbeitungslinie bei Schlachtschweinen“

Abschlußbericht

Laufzeit: 26 Monate

Berichtszeitraum

01.08.2010-30.09.2012

Zusammenarbeit mit anderen Stellen:

Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR)
Abteilung "Biologische Sicherheit"
FG. 41: Mikrobielle Toxine
NRL für koagulasepositive Staphylokokken
Diedersdorfer Weg 1
12277 Berlin

1. Ziele und Aufgaben des Vorhabens

Das Projekt sollte zur Klärung beitragen, ob und inwieweit Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) von Lebensmittel liefernden Tieren über den Schlachtprozess auf den Menschen übertragen werden können. Der Schwerpunkt lag dabei auf der Ermittlung von Eintragsquellen in die Lebensmittelkette sowie der Erfassung der Besiedlungsdynamik des Erregers, um Kontaminationsverläufe auf Bestandesebene, aber auch in den Schlachtstätten aufzudecken.

1.1 Planung und Ablauf des Vorhabens

Der Einstieg in das Projekt begann mit einer Abstimmung der einzelnen Verbundprojektpartner, um harmonisierte Protokolle zu den Probenahmestellen auf Bestandesebene sowie entlang der Schlacht- und Verarbeitungslinie von Schlachtschweinen, zur Probenahmetechnik, dem kulturellen Nachweis von MRSA sowie zur molekularen Bestätigungsdiagnostik zu erstellen.

Es folgte eine Vorauswahl von sechs Mastschweinebeständen, um ausgehend von diesen Beständen vertikale Untersuchungen über den Weg der belieferten Schlachtstätten bis zum fein zerlegten Produkt durchzuführen. Dabei sollten Betriebe mit unterschiedlicher Ausgangsbelastung in das Vorhaben einbezogen werden und in jeweils zwei Mastdurchgängen betrachtet werden. Basierend auf den voraussichtlichen Ablieferungsterminen der jeweiligen Landwirte wurde in Koordination mit den einzelnen Schlachtstätten ein Zeitplan für die Probenahmen festgelegt und anhand dessen die Beprobung der Mastdurchgänge aller Bestände durchgeführt.

Aus diesen Proben wurde der Erreger unter Anwendung der harmonisierten Protokolle kulturell nachgewiesen, die gewonnenen Isolate asserviert und dem Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) zur molekularbiologischen Differenzierung zugesandt.

1.2 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) sind gefürchtete Infektionserreger beim Menschen, die auch Tiere besiedeln oder bei Tieren als Infektionsursache auftreten können (Weese u. van Duijkeren, 2010). MRSA zeichnen sich durch ihre besondere Resistenzeigenschaft aus, die durch das Gen *mecA* vermittelt wird (Archer u. Niemeyer, 1994; Hanssen u. Ericson Sollid, 2006). Dieses Gen kodiert eine Transpeptidase, die auch als Penicillin-bindendes Protein 2a (PBP2a) bezeichnet wird. Das PBP2a weist nur eine geringe Affinität für β -Laktam Antibiotika auf. In Anwesenheit von β -Laktam Wirkstoffen (wie Penicillinen und Cephalosporinen) kann das PBP2a die Funktion gehemmter PBP übernehmen und somit dem Erreger Resistenz gegenüber dieser Wirkstoffklasse vermitteln (Katayama et al., 2000; Hanssen u. Ericson Sollid, 2006). Damit stehen für eine Behandlung von MRSA-Infektionen nur noch limitierte therapeutische Optionen zur Verfügung (Tiemersma et al., 2004).

In den letzten Jahren zeigten zunächst verschiedene Studien aus den Niederlanden, dass eine massive Besiedlung von Schweinen in Mastanlagen mit MRSA vorliegt (Voss et al., 2005; de Neeling et al., 2007; van Duijkeren et al., 2007). Auch bei exponierten Personen (Landwirte) und Kontaktpersonen wurde ein deutlich erhöhtes Risiko einer MRSA-Besiedlung festgestellt (Voss et al., 2005, Armand-Lefevre et al., 2005). Eine Typisierung der Isolate zeigte, dass ein charakteristischer Typ, der Multilocus-Sequenztyp ST398 bei MRSA vorherrscht, der insbesondere bei Schweinen vorkommt (Voss et al., 2005; de Neeling et al., 2007; van Duijkeren et al., 2007). Diesen MRSA vom Typ ST398 können vorrangige *spa*-Typen zugeordnet werden. Somit bestehen gute Möglichkeiten, die Verbreitungswege des Erregers zu untersuchen (Robert Koch Institut, 2008). Auch wenn ursprünglich von einer besonderen Anpassung der MRSA ST398 an Schweine ausgegangen werden konnte (Armand-Lefevre et al., 2005), so zeigten weitere Untersuchungen, dass dieser MRSA-Typ auch bei anderen Nutztierarten, wie Rindern und Geflügel, vorkommt (Cuny et al., 2010). In Deutschland schlossen sich nun Untersuchungen an, um die nasale Besiedlung von Schweinen mit MRSA zu erfassen. Dabei wurde

der MRSA-Typ ST398 bei Mastschweinen aus dem Nordwestdeutschen Raum nachgewiesen (Meemken et al., 2008).

Durch die hohe Bedeutung des Erregers als Infektionsursache beim Menschen stellte sich die Frage, ob und auf welchen Wegen eine Übertragung von MRSA von Schweinen auf den Menschen möglich ist. Auch wenn eine Studie von einer erheblichen Exposition durch MRSA-positive Fleischproben in den Niederlanden berichtete (de Boer et al., 2009), ließ die bestehende Datenlage keine detaillierten Aussagen über die Besiedlungsdynamik und mögliche Übertragungswege durch die Lebensmittelkette in Deutschland zu.

2. Material und Methoden

Zu Beginn der Untersuchungen wurde in Abstimmung mit der Außenstelle für Epidemiologie Bakum, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, ein Probenahmeprotokoll festgelegt (Anh.1), welches eine Untersuchung der Teilbereiche Primärproduktion bzw. Bestand, Schlachtung und Zerlegung vorsah. Basierend auf den Ergebnissen des vorangegangenen Verbundprojektes wurde mit der Außenstelle Bakum eine Auswahl von sechs Mastschweinebeständen aus Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen, die in jeweils zwei Mastdurchgängen untersucht werden sollten, getroffen und den Landwirten in darauf folgenden Telefonaten das Projekt sowie dessen Ablauf detailliert geschildert. Aus Befragungen der Mäster ergaben sich Informationen zur ausstehenden Mastdauer des jeweiligen Durchganges, den anstehenden Ablieferungsterminen, den Viehhandlungen, welche die Verladung der Tiere durchführten, sowie den Schlachtstätten, die beliefert wurden.

Zur Ermittlung der MRSA-Ausgangslast wurden die Mastbetriebe einige Wochen vor Ablieferung (i.d.R. 2-4 Wochen) aufgesucht und Nasentupferproben von 60 Tieren genommen, um sowohl die Einzeltier- als auch die Intraherdenprävalenz bestimmen zu können. Zur Ermittlung der Einzeltierprävalenz erfolgte eine Untersuchung von 12 Nasentupfern, die Intraherdenprävalenz ergab sich aus der Untersuchung von 12 Pools je vier Nasentupferproben. Zusätzlich wurden bei diesen Bestandsbesuchen einige Tiere mittels gesonderter Ohrmarken gekennzeichnet, um

sicherzustellen, dass jeweils dieselben Tiere bzw. Schlachttierkörper entlang der gesamten Schacht- und Verarbeitungslinie untersucht werden konnten.

Die weiteren Daten wurden während einer Untersuchung unmittelbar vor der Ausstellung am Tage der Schlachtung sowie während der Schlachtung der Tiere und der anschließenden Zerlegung des Fleisches erhoben.

Insgesamt wurden 1008 Tupferproben aus dem Nasenvorhof der Tiere und Tierkörper, von den Betriebseinrichtungen und Viehtransportern sowie dem Personal und 105 destruktiv entnommene Proben von Tierkörpern bzw. Teilstücken untersucht. Eine detaillierte Übersicht über der Probenanzahlen und Arten liefert Tabelle 1.

Tabelle 1:

Anzahl (n) der Proben und ihre Verteilung von der Bestandsebene bis hin zum fein zerlegten Schweinefleisch

6 Mastbetriebe							
Nt Querbeprobung (720)		Nt Bestand (36)		Np Lkw TK + (12)		Np Lkw TK - (12)	
Schlachthof							
Lkw TK + (12)	Lkw TK - (12)	Nt Bn (24)	Nt S (36)	Lpk (33)	US (36)	PS (36)	OS (36)
Zerlegung							
Fleisch (36)		UZ (36)			PZ (36)		

Np Lkw TK+	Lkw vor Verladung mit Tierkontakt	Nt	Nasentupfer	US	Umgebung Schlachtung
Np Lkw TK-	Lkw vor Verladung ohne Tierkontakt	Bn	Buchtennachbar	PS	Personal Schlachtung
Lkw TK +	Lkw nach Abladung mit Tierkontakt	S	Schlachtschwein	PZ	Personal Zerlegung
Lkw TK -	Lkw nach Abladung ohne Tierkontakt	Lpk	Lymphknoten	UZ	Umgebung Zerlegung
		OS	Oberfläche Stanze		

Die Aufarbeitung der entnommenen Proben erfolgte gemäß Arbeitsanweisung zum kulturellen Nachweis von MRSA vom nationalen Referenzlabor (NRL) für Koagulase-

positive Staphylokokken des Bundesinstituts für Risikobewertung (BfR), die im Folgenden dargestellt ist.

Das Probenmaterial wurde zunächst einem zweistufigen selektiven Anreicherungsverfahren unterzogen, gefolgt von einer Isolierung und Bestätigung verdächtiger Kolonien (Abb. 1).

Nach einer Asservierung mittels Stichkulturen wurden die gewonnenen Isolate an des BfR versandt, um dort eine genotypische Bestätigung mittels Multiplex-PCR durchzuführen und eine molekularbiologische Differenzierung durch den Einsatz etablierter Typisierungsverfahren (MLST-, *spa*- und *SCCmec*- Typisierung) sowie einer Feststellung der Resistenzmerkmale durchzuführen.

Voranreicherung in Mueller-Hinton-Bouillon mit 6%NaCl

Inkubation:

16-20 h bei 37 °C ± 0,5 °C, aerob

Selektive Anreicherung in Trypton-Soja-Bouillon mit 3,5 mg/l Cefoxitin und 50 mg/l Aztreonam

Inkubation:

16-20 h bei 37 °C ± 0,5 °C, aerob

Isolierung

Ausstrich der Anreicherungskultur auf Brilliance™ MRSA

Inkubation:

24 h bei 37 °C ± 0,5 °C, aerob

Auswertung und Bestätigung

Überimpfung von bis zu fünf verdächtigen Kolonien auf Blutagar

Inkubation:

18-24 h bei 37 °C ± 0,5 °C, aerob

Bestätigung verdächtiger Kolonien

mittels Bactident® Koagulase bzw. SLIDEX® Staph Kit

Abbildung 1: Fließschema zur qualitativen Untersuchung auf MRSA

3. Ergebnisse

3.1 Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Eine Mastpartie wurde als „MRSA-positiv“ bewertet, sofern bei der Probenahme unmittelbar vor der Ausstallung bei mindestens einem untersuchten Tier MRSA aus den gewonnenen Nasentupfern isoliert werden konnten. Auf diese Weise erwiesen sich alle Partien als positiv für MRSA.

Hinsichtlich der Ausgangsbelastung wurden mit Ausnahme eines niedrig-prävalenten (< 25% MRSA-positive Proben) Durchgangs eines Bestandes bei allen weiteren Untersuchungen mittlere bis hohe (> 75% MRSA-positive Proben) Nachweisraten auf Bestandesebene detektiert.

Bei den Probenahmen in den Mastbeständen sowie den belieferten Schlachtstätten wurde der Eintrag Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* in die Schweinefleischproduktionskette anhand der MRSA-positiven Nasentupferproben der Tiere im Bestand (58%) und der Schlachttierkörper nach dem Betäuben und Entbluten (86%) bestimmt. Ein möglicher Erklärungsansatz für die höhere Nachweishäufigkeit bei den Tupfern der Tierkörper könnten die vielfältigen Kontakte der Tiere auf dem Weg zu den Schlachtbetrieben sowie in deren Wartebereichen sein.

Aus einer Tupferprobe (8%) aus dem Innenraum eines Viehtransporters vor der Verladung der Tiere konnten MRSA isoliert werden. Dieses Fahrzeug war jedoch bereits zuvor mit Tieren eines anderen Bestandes beladen worden, so dass eine Kontamination der Oberflächen durch den Kontakt dieser Tiere entstanden sein könnte. Nach der Abladung der Mastschweine in den Schlachtstätten waren 50% der Tupferproben aus dem Innenraum sowie 42% der Proben von den Außenflächen der Fahrzeuge positiv für MRSA. Ein denkbarer Grund für die erhöhten Nachweisraten aus den Schwammtupfern könnte der rege Kontakt der Nasen und Körperoberflächen der Tiere mit den Fahrzeugoberflächen sein. Darüber hinaus war

auch eine Übertragung mit dem Staub und somit den abgeschilferten Hautpartikeln zu erwarten, womit sich die Nachweise aus den Proben der Außenflächen der LKW erklären ließen.

Die Nachweisraten von MRSA bei den Buchtenachbarn der Untersuchungstiere in den Wartebereichen der Schlachthöfe lagen bei 50%. Da bei Tieren zweier Mastpartien selten vorkommende *spa*-Typen (t1430 und t4677) detektiert wurden und diese Typen im Verlauf ebenfalls aus Nasentupferproben der untersuchten Buchtenachbarn isoliert werden konnten, konnte gezeigt werden, dass bereits ein kurzfristiger enger Kontakt der Tiere zueinander ausreichte, um den Erreger zu übertragen.

Zur Ermittlung der Verschleppung Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* entlang der Produktionskette wurde der Anteil MRSA-positiver Proben der Tierkörperoberflächen sowie Lymphknoten im Anschluss an die Brühung der Tierkörper dokumentiert, wobei sich in 9 der 12 Untersuchungsdurchläufe (75%) Nachweise des Erregers aus dem zerlegten Produkt erbringen ließen. Insgesamt waren 33% der Oberflächenstanzen aus den Schulterbereichen der Tierkörper sowie 36% der Fleischteilstücke aus dem Bauchlappen positiv für MRSA, so dass sich eine Verschleppung entlang der gesamten Lebensmittelkette bestätigte.

Aus 30% der Nodi lymphatici (NII.) ileocolici ließ sich der Erreger isolieren, wobei aus den Nasentupfer dieser Tierkörper ebenfalls ein Nachweis gelang. Damit bestätigte sich die von der Arbeitsgruppe Prof. Rösler unter Laborbedingungen gemachte Beobachtung, dass bei einer Infektion der Tiere ein Erregernachweis aus diesen Lymphknoten erbracht werden kann.

Sowohl im Bereich der Schlachtung (36%) als auch in der Zerlegung (11%) konnten MRSA aus Tupferproben von Bedarfs- und Einrichtungsgegenständen mit engem Lebensmittelkontakt nachgewiesen werden, wobei die Nachweishäufigkeit hin zur Zerlegung deutlich abnahm. Ebenso lieferte die Beprobung des technischen Personals in der Schlachtung (31%) sowie im Zerlegebereich (28%).

Da bei der vorliegenden Untersuchung bei einem positiven Nachweis aus Fleischabschnitten oder Stanzen auch stets MRSA in der Zerlegeumgebung oder bei dem Personal detektiert wurden, kann von einer Verschleppung der

Mikroorganismen von Fleischoberflächen auf die Bedarfsgegenstände der Umgebung sowie Handflächen des Personals ausgegangen werden, die im Verlauf des Zerlegeprozesses auch zu einer Kreuzkontamination zuvor negativer Abschnitte geführt haben kann. Demnach ist davon auszugehen, dass im Betrieb auftretende Hygieneschwachstellen, wie schlecht zugängliche Stellen und schwer zu reinigende Maschinen und Gegenstände zu einer Kreuzkontamination der Schlachtierkörper und zerlegten Ware im Verlaufe der Produktionsprozesses beitragen.

Die Abbildung 2 gewährt einen Überblick über die Nachweishäufigkeiten von MRSA bei den einzelnen Probenarten im Bestand sowie entlang der gesamten Lebensmittelkette.

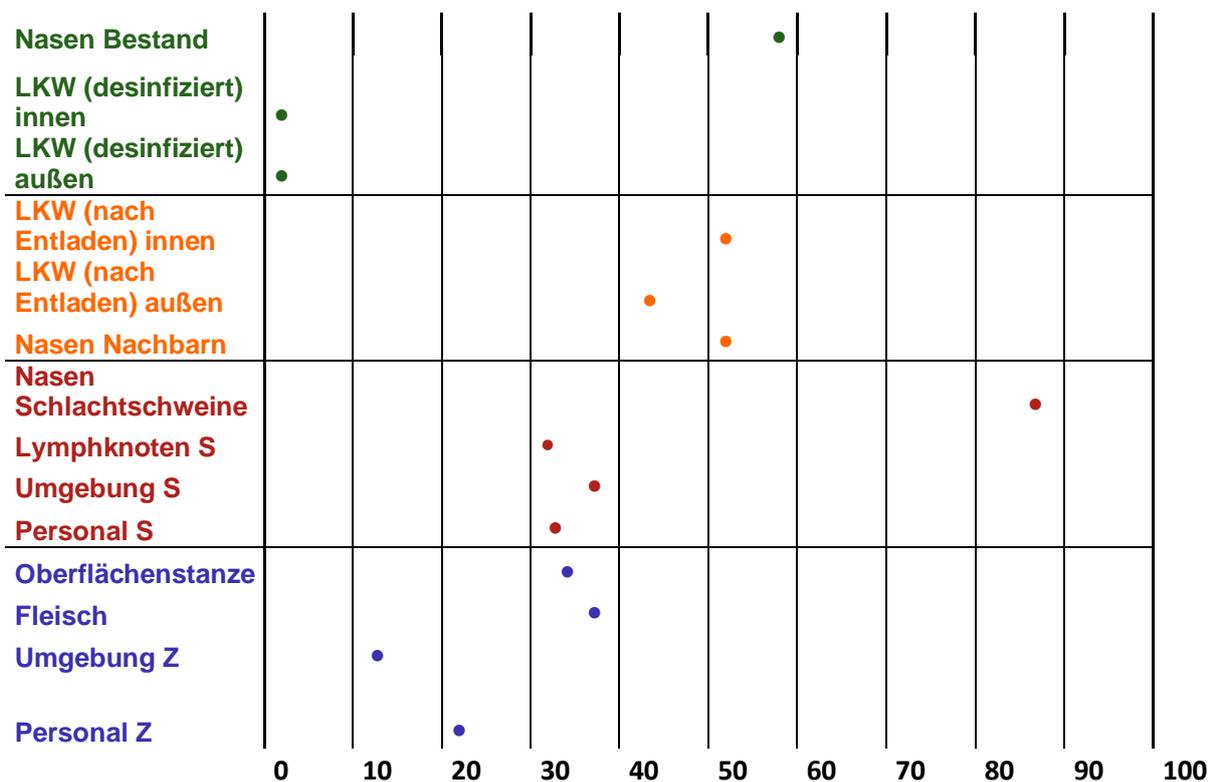


Abbildung 2: MRSA-Prävalenz entlang der Produktionskette

Um eine mögliche Verwandtschaft der Stämme aufdecken und das Vorkommen entlang der Lebensmittelkette bewerten zu können, wurden die gewonnenen Isolate am BfR mittels *spa*-Typisierung charakterisiert und die Ergebnisse für die Auswertung zur Verfügung gestellt. Wie in Abbildung 3 dargestellt, konnten die

Typen t011 mit Anteil von 55% und t034 mit 27,5% am häufigsten nachgewiesen werden. Diese Typen traten entlang der gesamten Kette beginnend bei den Tupfern der Tiere in den Beständen bis zum zerlegten Fleischerzeugnis auf. Der *spa*-Typ t108 war mit 6,5% vergleichsweise selten vertreten. Übereinstimmend mit den gewonnenen Daten in diesem Vorhaben ist der überwiegende Anteil der in der Literatur beschriebenen *spa*-Typen sowohl bei den lebenden Schweinen, den erzeugten Lebensmitteln als auch den beruflich exponierten Personen den Typen t011 und t034 zuzuordnen (FETSCH *et.al* 2009).

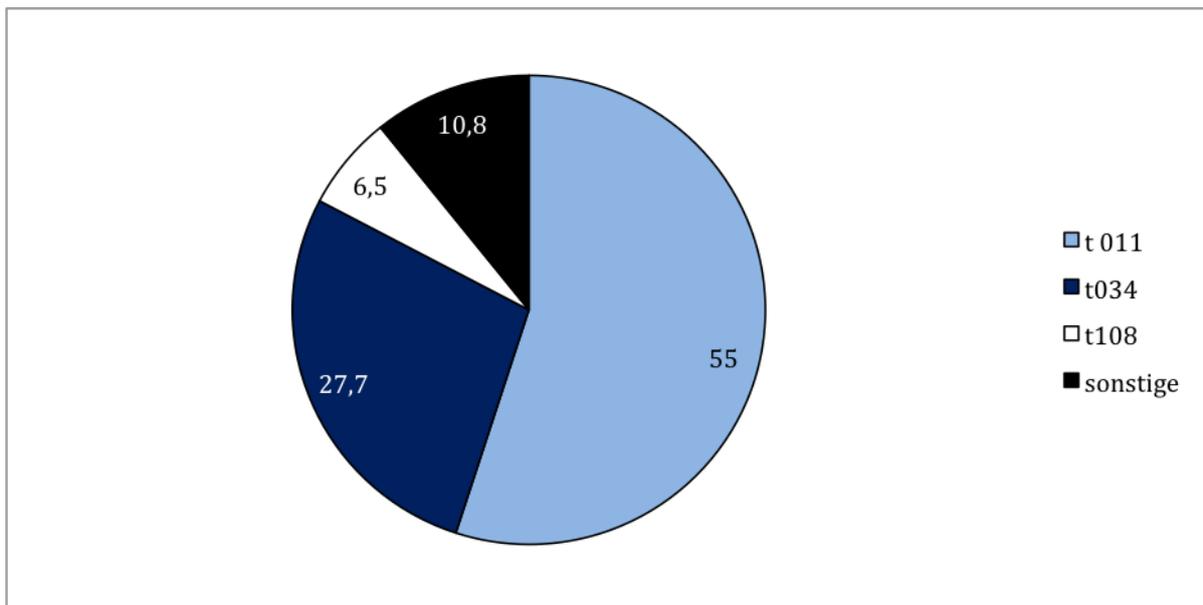


Abbildung 3: Vorkommen der *spa*-Typen und deren prozentuale Verteilung

Um MRSA von anderen Staphylokokken unterscheiden zu können, die ebenfalls zu einem positiven Ergebnis der Multiplex-PCR führen, wurde am BfR eine *SCCmec*-Typisierung der eingeschickten Isolate durchgeführt. Hierbei stellte die *mec*-Kassette V mit 85,3% den größten Anteil dar (Abb.4). 10,4% der Isolate konnten dem Subtyp IVa zugeordnet werden sowie 4,3% der Kassette III. Wie bereits die Auswertung der *spa*-Typisierung vermuten ließ, konnten in der Regel dieselben *SCCmec*-Subtypen bei den unterschiedlichen Probenmatrizes im Bestand sowie im Schlacht- und Zerlegebereich nachgewiesen werden. Auch diese Daten gleichen denen der Literatur (FETSCH *et.al* 2009).

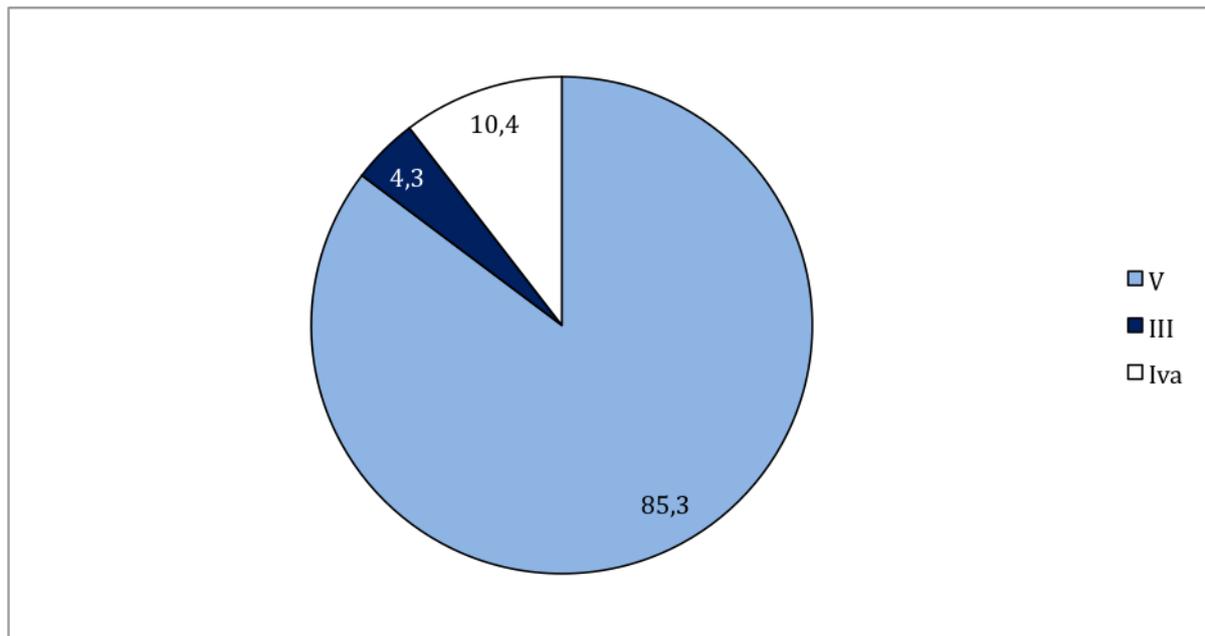


Abbildung 4: Vorkommen der SCCmec-Subtypen und deren prozentuale Verteilung

Alle untersuchten Stämme wiesen eine Resistenz gegen die Indikatorsubstanz zur Empfindlichkeitstestung, Cefoxitin, sowie Penicillin auf. Ebenfalls hohe Resistenzraten wurden bei dem in der Veterinärmedizin häufig als orales Arzneimittel eingesetzten Tetracyclin mit einem Anteil von 99% nachgewiesen und mit 68,4% gegen Clindamycin und Erythromycin, so dass sich hier analoge Resultate zu den in der Literatur angegebenen Daten zur Kreuzresistenz dieser antimikrobiellen Substanzen ergaben. Im Hinblick auf die typischerweise in der Humanmedizin als Reserveantibiotika eingesetzten Wirkstoffe zeigte sich eine recht günstige Resistenzlage der isolierten Stämme, da lediglich zwei Isolate sich als resistent gegen Rifampicin (0,9%) sowie keines als resistent gegen Vancomycin erwies (Tab.2).

Tabelle 2: Prävalenz der resistenten Isolate gegenüber verschiedenen Antibiotika

Antibiotikum	Resistenzrate (%)
Chloramphenicol	3,5
Ciprofloxacin	7,4
Clindamycin	68,4
Gentamycin	17,3
Erythromycin	68,4
Cefoxitin	100
Fusidinsäure	0,4
Kanamycin	21,2
Linezolid	0
Mupirocin	0
Benzylpenicillin	100
Rifampicin	0,9
Streptomycin	42,4
Sulfamethoxazol	1,3
Sulfamethoxazol/Trimethoprim	51,5
Tetrazyclin	99
Thiamulin	37,3
Vancomycin	0
Trimethoprim	61,5

3.2 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Einige Teilergebnisse dieses Projektes wurden während der Laufzeit bereits in Form von Posterpräsentationen sowie Vorträgen publiziert und somit der wissenschaftlichen Öffentlichkeit zugänglich gemacht (siehe Literaturverzeichnis). Weiter ist die Publikation der Forschungsergebnisse in mikrobiologischen Fachjournals sowie die Darstellung des Projektes auf Kongressen angestrebt.

Die isolierten Stämme wurden dem NRL zugesandt, so dass die Ergebnisse des Vorhabens im Anschluss an die Typisierung in die gemeinsame Datenbank des Forschungsverbundes eingepflegt wurden und somit in die vom BfR zu erstellende Risikoanalyse einfließen können. Die gesammelten Daten können darüber hinaus zukünftig zur Standardisierung von Methoden und Arbeitsanweisungen herangezogen werden.

Ebenfalls wurde an der Validierung des qualitativen sowie quantitativen Nachweisverfahrens von MRSA in Staub, Tupfermaterialien und Lebensmitteln mitgewirkt und die Methodik der Isolierung bewertet, welches die Grundlage für eine Standardisierung des Verfahrens darstellte.

Die Ergebnisse können weiterhin für die Erstellung von Strategien zur Minimierung von MRSA in der Schweinefleischproduktionskette herangezogen werden.

4. Zusammenfassung

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) des klonalen Komplexes CC398 wurden beim Schwein ausgehend von der Primärproduktion auf allen Stufen der Lebensmittelkette bis hin zum Endprodukt nachgewiesen. Die genaue Bedeutung dieses Expositionsweges war jedoch noch offen und erforderte die Verfolgung der beim Tier isolierten Stämme über die gesamte Lebensmittelkette hinweg sowie ihre molekularbiologische Typisierung. Hierzu sollte die vorliegende Studie beitragen. Dabei sollten sowohl die Eintragsquellen in die Lebensmittelkette als auch mögliche Übertragungswege vom lebenden Tier zum ladenfertigen Produkt sowie zu beruflich exponierten Personen ermittelt werden.

Dafür wurden vertikale Untersuchungen ausgehend von sechs Beständen, die in jeweils zwei Mastdurchgängen betrachtet wurden, über den Weg der belieferten

Schlachtstätte bis hin zum fein zerlegten Lebensmittel durchgeführt. Pro Mastbetrieb ergab sich in jedem Durchgang ein Umfang von 93 Statuserhebungen, wobei das Probenspektrum den MRSA-Status entlang der gesamten Kette erfasste. Darüber hinaus wurden durch gezielte Beobachtungen der Arbeitsabläufe entlang der Produktionskette in den verschiedenen Schlachtbetrieben mögliche Zusammenhänge zwischen dem Vorkommen von MRSA und prozessspezifischen sowie hygienischen Abläufen erfasst.

Mit Ausnahme eines niedrig-prävalenten Durchgangs eines Bestandes wurden bei allen weiteren Untersuchungen mittlere bis hohe MRSA-Nachweisraten auf Bestandesebene detektiert. Ausgehend von den lebenden Tieren konnten in allen Schlachtstätten MRSA-positive Proben bis hin in die Zerlegung ermittelt werden, wobei die Kontamination entlang der Lebensmittelproduktionskette sank. Der Status des Großteils der Tiere zum Zeitpunkt der Schlachtung war positiv, demgegenüber ergaben sich bei Proben der Karkassen oder der zerlegten Ware deutlich niedrigere Nachweisraten. Mit einer Ausnahme konnten MRSA stets auf Bedarfsgegenständen oder den Handinnenflächen der Mitarbeiter nachgewiesen werden. Die Ermittlung der Resistenzeigenschaften sowie die Durchführung der molekularbiologischen Typisierung der Isolate erfolgte im NRL des BfR. Diese Untersuchung ergab, dass der überwiegende Anteil der Isolate auf allen Produktionsstufen den *spa*-Typen t034 und t011 sowie der *SCCmec* Kasette V zuzuordnen war. Hinsichtlich der Antibiotikaresistenz konnten bei allen Stämmen Resistenzen gegenüber Benzylpenicillin und Cefoxitin sowie gegen Tetracyclin (99%), Erythromycin (68,4%), Clindamycin (68,4%) festgestellt werden. Da jedoch kaum Resistenzen bei den vorrangig in der Humanmedizin eingesetzten Reserveantibiotika vorlagen, kann insgesamt von einer günstigen Resistenzlage der Isolate von Tieren aus den untersuchten Herkunftsorten ausgegangen werden.

Die Ergebnisse belegen, dass besonders eine gute Personal- sowie Produktionshygiene von entscheidender Bedeutung zur Eindämmung der Weiterverbreitung des Erregers über die Lebensmittelkette sind.

5. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen; gegebenenfalls mit Hinweisen auf weiterführende Fragestellungen

Das Projekt sollte zur Klärung beitragen, ob und inwieweit MRSA von Lebensmittel liefernden Tieren oder die exponierten Personen über den Schlachtprozess auf den Menschen übertragen werden können. Dabei galt es, die Eintragsquellen in die Lebensmittelkette zu ermitteln sowie Besiedlungsdynamik des Erregers zu erfassen, um Kontaminationsverläufe auf Bestandsebene, aber auch in den Schlachtstätten aufzudecken.

Mit Hilfe der durchgeführten Untersuchungen wurde festgestellt, dass der Haupteintrag in die Produktionsbetriebe durch die lebenden Tiere erfolgt. Ausgehend von dem Eintrag aus der Primärproduktion ist eine Verschleppung auf allen Stufen entlang der Lebensmittelkette bis hin zum Lebensmittel möglich, wobei die Kontamination stetig sinkt.

Mittels molekularbiologischer Typisierungsmethoden konnte die Besiedlungsdynamik der detektierten MRSA bewertet werden. Demnach führen schwer zu reinigende Maschinen und schlecht zugängliche Stellen im Schlacht- und Verarbeitungsprozess zu einer Übertragung von MRSA auf andere Schlachttierkörper, aber auch das Personal nimmt eine Vektorfunktion ein.

Als weiterführende Fragestellung ergibt sich die Notwendigkeit der Prüfung spezifischer Verfahren zur Minimierung der Kontamination mit MRSA in der Schweinefleischproduktionskette.

6. Literaturverzeichnis

ARCHER G.L. und D.M. NIEMEYER (1994):
Origin and evolution of DNA associated with resistance to methicillin in staphylococci.
Trends Microbiol. 10, 343-347

ARMAND-LEFEVRE L., RUIMY R. und A. ANDREMONT (2005):
Clonal comparison of *Staphylococcus aureus* isolates from healthy pig farmers, human controls, and pigs.
Emerg Infect Dis. 11, 711-714

CUNY C., FRIEDRICH A., KOZYTSKA S., LAYER F., NÜBEL U., OHLSEN K., STROMMINGER B., WALTHER B., WIELER L. und W. WITTE (2010):

Emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in different animal species.

Int J Med Microbiol. 300, 109-117

DE BOER E., ZWARTKRUIS-NAHUIS J.T., WIT B., HUIJSDENS X.W., DE NEELING A.J., BOSCH T., VAN OOSTEROM R.A., VILA A. und A.E. HEUVELINK (2009):

Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in meat.

Int J Food Microbiol. 134, 52-56

DE NEELING A.J., VAN DEN BROEK M.J., SPALBURG E.C., VAN SANTEN-VERHEUVEL M.G., DAM-DEISZ W.D., BOSHUIZEN H.C., VAN DE GIESSEN A.W., VAN DUIJKEREN E. und X.W. HUIJSDENS (2007):

High prevalence of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* in pigs.

Vet Microbiol. 122, 366-372

FETSCH, A., B. GUERRA, B. KRAUSHAAR, S. HERTWIG, J.A. HAMMERL, J.BRAEUNIG, A. KAESBOHRER, B. APPEL, und B.-A. TENHAGEN (2009):

Diversity among laMRSA isolates in food at retail – potential emergence of a non ST398 clone

FoBi Öffentlicher Gesundheitsdienst , 25.-27.03.2009, BfR Berlin

HANSSEN A.M. und J.U. ERICSON SOLLID (2006):

SCC*mec* in staphylococci: genes on the move.

FEMS Immunol Med Microbiol. 46, 8-20

KATAYAMA Y., ITO T. und K. HIRAMATSU (2000):

A new class of genetic element, staphylococcus cassette chromosome *mec*, encodes methicillin resistance in *Staphylococcus aureus*.

Antimicrob Agents Chemother. 6, 1549-1555

MEEMKEN D., CUNY C., WITTE W., EICHLER U., STAUDT R. und T. BLAHA (2008):

Occurrence of MRSA in pigs and in humans involved in pig production--preliminary results of a study in the northwest of Germany

Dtsch Tierarztl Wochenschr. 115, 132-139

ROBERT KOCH INSTITUT (RKI) (2008):

MRSA: Führt die weite Verbreitung der nasalen Besiedlung bei Schweinen zur Übertragung auf den Menschen?

Epidemiologisches Bulletin Nr. 18

STROMMINGER B., KEHRENBURG C., KETTLITZ C., CUNY C., VERSPOHL J., WITTE W. und S. SCHWARZ (2006):

Molecular characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains from pet animals and their relationship to human isolates.

J Antimicrob Chemother. 3, 461-465

TIEMERSMA E.W., BRONZWAER S.L., LYYTIKAINEN O., DEGENER J.E., SCHRIJNEMAKERS P., BRUINSMA N., MONEN J., WITTE W. und H. GRUNDMAN (2004):

European Antimicrobial Resistance Surveillance System Participants. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Europe, 1999-2002.
Emerg Infect Dis. 10, 1627–1634

VAN DUIJKEREN E., IKAWATY R., BROEKHUIZEN-STINS M.J., JANSEN M.D., SPALBURG E.C., DE NEELING A.J., ALLAART J.G., VAN NES A., WAGENAAR J.A. und A.C. FLUIT (2008):
Transmission of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains between different kinds of pig farms.
Vet Microbiol. 126, 383-389

VOSS A., LOEFFEN F., BAKKER J., KLAASSEN C. und M. WULF (2005):
Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pig farming.
Emerg Infect Dis. 11, 1965-1966

WEESE J.S. und E. VAN DUIJKEREN (2010):
Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus pseudintermedius* in veterinary medicine.
Vet Microbiol. 140, 418–429

Veröffentlichte Teilergebnisse:

KASTRUP G.N., BONAPARTE C. und G. KLEIN (2011):
Kontaminationsverläufe Methicillin-resistenter *Staph. aureus* (MRSA) in der Schlacht- und Verarbeitungslinie bei Schlachtschweinen
In: 52. Arbeitstagung des Arbeitsgebietes „Lebensmittelhygiene“ der DVG, Garmisch-Partenkirchen 27.09. – 30.09.2011

KLEIN G., BONAPARTE C. und G.N. KASTRUP (2012):
Vom Schwein zum Schnitzel: MRSA in Schlachtung und Verarbeitung
Vortrag in: DART - Verbraucherschutzforum Antibiotikaresistenzen, Berlin 22.05. - 23.05.2012

KASTRUP G.N., BONAPARTE C. und G. KLEIN (2012):
MRSA-Prävalenz in der Schlacht- und Verarbeitungslinie bei Schlachtschweinen
In: 53. Arbeitstagung des Arbeitsgebietes „Lebensmittelhygiene“ der DVG, Garmisch-Partenkirchen 25.09. – 28.09.2012

Anhang 1

Probenahmeprotokoll

1. Nasentupfer der Mastschweine vor Ausstallung/Querbeprobung:

Ort der Probenahme: Buchten Bestände

Anzahl der Proben je Probenahme: 60

2. Nasentupfer Mastschweine vor Verladen:

Ort der Probenahme: Buchten Bestände

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

3. Umgebungstupfer Transportfahrzeug mit Tierkontakt:

Ort der Probenahme: Entladerampe vor dem Verladen bzw. nach dem Abladen der Schlachttiere

Anzahl der Proben je Probenahme: 2 (1 im Bestand, 1 bei Ankunft Schlachthof)

4. Umgebungstupfer Transportfahrzeug ohne Tierkontakt:

Ort der Probenahme: Vorderwand der Zugmaschine ca. 10 cm unterhalb der Decke vor dem Verladen bzw. bzw. nach Abladen der Schlachttiere

Anzahl der Proben je Probenahme: 2 (1 im Bestand, 1 bei Ankunft Schlachthof)

5. Nasentupfer Schlachttierkörper:

Ort der Probenahme: unmittelbar nach der Betäubung und Entblutung

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

6. Nasentupfer benachbarte Schlachtschweine:

Ort der Probenahme: unmittelbar nach der Betäubung und Entblutung

Anzahl der Proben je Probenahme: 2

7. Lnn. ileocolici:

Ort der Probenahme: Schlachtband

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

8. Oberflächenstanzen Tierkörper:

Ort der Probenahme: Trimmband o. Kühlhaus

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

9. Umgebungstupfer Schlachtbereich:

Ort der Probenahme: Transportband, Sägen, o.ä.

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

10. Handtupfer Schlachtpersonal:

Ort der Probenahme: Hände des Personals

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

11. Umgebungstupfer Zerlegebereich:

Ort der Probenahme: Zerlegebänder, Kisten

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

12. Handtupfer des Zerlegepersonals:

Ort der Probenahme: Hände des Personals

Anzahl der Proben je Probenahme: 3

13. Fleischproben:

Ort der Probenahme: Bänder des Zerlege – oder SB – Bereichs

Anzahl der Proben je Probenahme: 3