

Berlin, 26. Februar 2013

Zusammenfassender Abschlussbericht des EH-Verbundprojekts „MRSA-Problematik in der Nutztierhaltung“

mit den Teilprojekt-Förderkennzeichen:

2808HS019
2808HS020
2808HS030
2808HS029/2808HS040

koordiniert durch

Prof. Dr. Uwe Rösler

Beiliegende Teilprojektberichte erstellt von

Dr. Jochen Schulz & Prof. Dr. Dr. h.c. Jörg Hartung,
Frau Dr. Diana Meemken & Prof. Dr. Thomas Blaha,
Frau Dr. Anika Friese & Prof. Dr. Uwe Rösler

Berichts- und Projektzeitraum

01.07.2009 bis 31.03.2012

Inhaltsverzeichnis

1. Beschreibung des Forschungskonsortiums.....	3
2. Fragesellungen (laut Entscheidungshilfebedarf) und Vorgehensweise der einzelnen Teilprojekte.....	5
2.1 Teilprojekt „Optimierung des Probenahmeverfahrens zum Nachweis von MRSA in Tierbeständen“	5
2.2 Teilprojekt „Entwicklung der Intraherdenprävalenz von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeugerbetrieben“	6
2.3 Teilprojekt „Zeitpunkt und Verlauf der Besiedlung mit MRSA bei Mastschweinen und Einflussfaktoren hierauf“	8
2.4 Teilprojekt „Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen“	9
3. Zusammengefasste Ergebnisse der einzelnen Teilprojekte entsprechend des Entscheidungshilfebedarfs sowie Empfehlungen	12
3.1 Teilprojekt „Optimierung des Probenahmeverfahrens zum Nachweis von MRSA in Tierbeständen“	12
3.2 Teilprojekt „Entwicklung der Intraherdenprävalenz von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeugerbetrieben“	16
3.3 Teilprojekt „Zeitpunkt und Verlauf der Besiedlung mit MRSA bei Mastschweinen und Einflussfaktoren hierauf“	19
3.4 Teilprojekt „Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen“	23
4. Verbundaktivitäten und Stellungnahme	26

1. Beschreibung des Forschungskonsortiums

Im Frühjahr des Jahres 2009 wurden im Rahmen eines Entscheidungshilfebedarfs des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) vier Forschungsprojekte zur MRSA-Problematik (MRSA, Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus*) in Nutztierhaltungen ausgeschrieben, die als Verbundforschung konzipiert (Forschungsverbund „MRSA-Problematik in der Nutztierhaltung“) waren.

Aus dem von der BLE für das Verbundvorhaben angeschriebenen Bewerberfeld bildete sich unter Koordination des Instituts für Tier- und Umwelthygiene der Freien Universität Berlin (Prof. Dr. Uwe Rösler) ein Forschungs-Konsortium, das die ausgelobten Forschungsvorhaben gemeinsam bearbeitete.

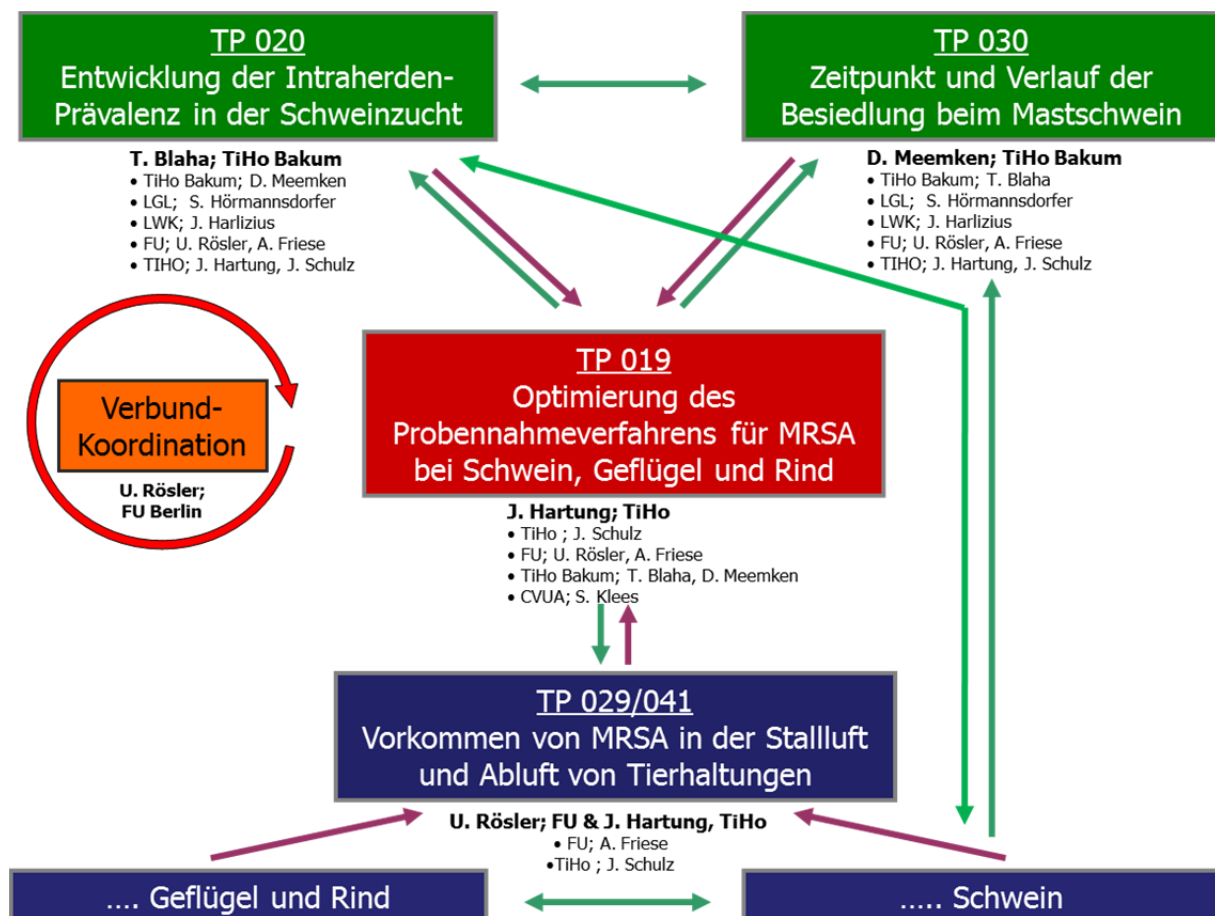


Abbildung 1: Struktur des Entscheidungshilfe-Forschungsverbunds "MRSA-Problematik in der Nutztierhaltung"

In diesem Konsortium wurden die beiden Teilprojekte „Entwicklung der Intraherden-Prävalenz von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeuger-Betrieben“ (Förderkennzeichen 2808HS020) und „Zeitpunkt und Verlauf der Besiedelung mit MRSA bei Mastschweinen und Einflussfaktoren hierauf“ (Förderkennzeichen 2808HS030) unter Federführung von Prof. Dr. Thomas Blaha und Frau Dr. Diana Meemken, Außenstelle für Epidemiologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, und unter Mitarbeit der Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen (Dr. Harlizius und Dr. Schulze-Horsel), des Chemischen und Veterinäruntersuchungsamtes Ostwestfalen-Lippe (Frau Dr. Klees) und des Bayerischen Landesamtes für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (Dr. Stefan Hörmansdorfer) bearbeitet.

Das Teilprojekt „Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen“ (Förderkennzeichen 2808HS029/2808HS040) wurde gemeinsam durch das Institut für Tier- und Umwelthygiene der Freien Universität Berlin (Prof. Dr. Uwe Rösler und Frau Dr. Anika Friese) und das Institut für Tierhygiene, Tierschutz und Nutztierethologie der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (Prof. Dr. Dr. h.c. Jörg Hartung und Dr. Jochen Schulz) bearbeitet.

Das integrale Teilprojekt „Optimierung des Probenahme-Verfahrens zum Nachweis von MRSA in Tierbeständen“ (Förderkennzeichen 2808HS019) wurde unter Federführung des Instituts für Tierhygiene, Tierschutz und Nutztierethologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (Prof. Dr. Dr. h.c. Jörg Hartung und Dr. Jochen Schulz) unter Teilnahme sämtlicher oben aufgeführter Konsortiums-Mitglieder bearbeitet.

Im Sinne der Steigerung der Kosten-Effizienz und der Aussagekraft der zu erwartenden Ergebnisse erfolge eine starke inhaltliche und logistische Vernetzung aller vier Forschungsvorhaben (Abb. 1).

2. Fragestellungen (laut Entscheidungshilfebedarf) und Vorgehensweise der einzelnen Teilprojekte

2.1 Teilprojekt „Optimierung des Probenahmeverfahrens zum Nachweis von MRSA in Tierbeständen“ (Kz. 2808HS019)

Aus vorliegenden Untersuchungen ist bekannt, dass MRSA bei unterschiedlichen Nutztierarten an verschiedenen Lokalisationen des Tierkörpers sowie in der Tierumgebung häufig vorkommen kann. Unklar ist bislang die Sensitivität gängiger Nachweisverfahren und inwieweit identische Probenahmeverfahren für verschiedenen Tierarten bzw. unterschiedliche Haltungsformen eingesetzt werden können. Ziel dieses Teilprojektes war es daher, im Rahmen der Erfüllung eines Entscheidungshilfebedarfs des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) effiziente und standardisierte Probenahme- und Nachweisverfahren für MRSA zu testen und zu entwickeln, mit denen der MRSA-Status in Nutztierbeständen relativ sicher festgestellt werden kann. Die Verfahren sollten auch dazu geeignet sein die Wirksamkeit von Reinigungsverfahren und Desinfektionsmaßnahmen in Tierbeständen zu prüfen.

Im Einzelnen wurden dazu:

- Probenahme- und Nachweisverfahren entwickelt und geprüft, die einen effizienten und standardisierbaren Nachweis von MRSA in Tierbeständen der Tierarten Schwein, Huhn und Rind gewährleisten sollen. Die Verfahren werden hinsichtlich ihrer „Sensitivität“ für den MRSA Nachweis verglichen und bewertet.
- Verfahren im Hinblick auf eine mögliche Erreger-Quantifizierung (Keimzahlen) in Beziehung zu den verschiedenen Kompartimenten (z.B. am Tier, im Stallstaub) in Zusammenarbeit mit dem NRZ für Staphylokokken des BfR geprüft bzw. optimiert.
- der Einfluss des Erregernachweises (qualitativ und quantitativ) in Umgebungs- und Tierproben auf den Anteil und die Verteilung MRSA-positiver Tiere in einem Bestand untersucht.
- etwaige Einflüsse auf das Vorkommen unterschiedlicher MRSA-Stämme in einem Bestand untersucht (unter Einbeziehung des NRZ für Staphylokokken am BfR).
- aus logistischen und Kostengründen überwiegend Untersuchungen in Beständen durchgeführt, die in den Teilprojekten 020, 029, 030 und 041 beprobt und untersucht wurden.

Im Zuge dieses Teilprojektes wurden zudem folgende *Hypothesen* geprüft:

1. Das Vorkommen von MRSA kann mit hoher Sensitivität mittels Staubproben nachgewiesen werden.

2. Im Kompartiment Nase kann MRSA am Häufigsten bei Schweinen und beim Mastgeflügel nachgewiesen werden.
3. Der Anteil und die Verteilung MRSA positiver Tiere im Bestand schwanken in Abhängigkeit unterschiedlicher Einflussfaktoren (z.B. Haltungssystem, Management, Nachweishäufigkeiten in Tierumgebungsproben).

Für die Datenerhebung wurden im Projekt in Zusammenarbeit mit dem BfR standardisierte Probenahmeprotokolle erstellt. Die erhobenen Daten wurden in geeigneter Weise als Rohdatensatz für die statistische Auswertung und Nutzung im Rahmen von Risikomodellierungen in einer Datenbank angelegt.

2.2 Teilprojekt „Entwicklung der Intraherdenprävalenz von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeugerbetrieben“ (Kz. 2808HS020)

Ziel dieses Teilprojektes des Verbundvorhabens „MRSA-Problematik in Nutztierbeständen“ war die Erforschung wissenschaftlicher Grundlagen zum Infektions- und Besiedlungsverlauf sowie zu effizienten Kontroll- und Bekämpfungsmaßnahmen von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeugerbetrieben.

Im Zuge der Aufgabenbearbeitung dieses Teilprojektes wurden folgende *Hypothesen* geprüft:

1. Es bestehen Unterschiede in der Prävalenz von MRSA bei verschiedenen Altersgruppen bzw. Reproduktionsstadien.
2. Ferkel besiedelter Sauen werden unmittelbar nach der Geburt besiedelt
3. Infektionen bzw. Besiedlungen sind meist vorübergehender Natur, aber wiederholt möglich

Um der Zielsetzung des Projekts gerecht zu werden, wurde es in zwei Phasen gegliedert. In einer ersten Phase wurden in einer Querschnittsstudie zunächst geeignete Betriebe identifiziert. Diese wurden dann in einer zweiten Phase in einer Longitudinalstudie über einen längeren Zeitraum mit zwei Untersuchungsperioden (Durchgängen) begleitet. Innerhalb des Teilprojektes wurde auf eine deutschlandweite Verteilung der Studienbestände in landwirtschaftlich strukturell unterschiedlichen Regionen geachtet. Die Bearbeitung fand folglich in den Regionen Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Ostdeutschland und Bayern statt.

Die Ermittlung der laut Projektvorgaben benötigten MRSA-positiven Zuchtbestände erfolgte über den Nachweis von MRSA in Stallstaubproben. Dabei wurde, angelehnt an das Verfahren der EFSA in ihrer Querschnittsstudie in Zuchtbeständen in Europa, in jedem Bestand über alle Stallabteile hinweg eine repräsentative Staubprobe an fünf Stellen à 500 cm² gesammelt.

Auf diese Weise wurden in Niedersachsen fünf, in Nordrhein-Westfalen elf, in Bayern 13 und in Ostdeutschland drei Bestände untersucht.

Zur Bestätigung des durch Stallstaub ermittelten positiven MRSA-Status im Hinblick auf die Longitudinalstudie und zur Schätzung der Intraherdenprävalenz wurden dann in Niedersachsen und Ostdeutschland in je drei und in Nordrhein-Westfalen und in Bayern in je vier Beständen noch jeweils die Nasentupfer von 60 Schweinen untersucht. Um eine möglichst repräsentative Auswahl innerhalb der Population zu erreichen, wurden Tiere verschiedener Altersklassen in unterschiedlichen Stallabteilen beprobt.

Da die Projektvorgaben forderten, die Untersuchungen ausschließlich in MRSA-positiv identifizierten Zucht- und Ferkelerzeugerbetriebe durchzuführen, wurde die Auswahl der in der Longitudinalstudie einbezogenen Bestände aufgrund der Ergebnisse der Querschnittsstudie getroffen. Des Weiteren wurden die regionale Verteilung und die Betriebsstruktur als Auswahlkriterien berücksichtigt, um einen möglichst repräsentativen Untersuchungsansatz zu gewährleisten.

Die Datenerhebung betriebsspezifischer Parameter erfolgte anhand eines spezifischen Fragebogens, der anschließend auch in allen anderen Teilprojekten des Verbundvorhabens eingesetzt wurde.

Um einen aussagekräftigen und spezifisch auf das Projekt abgestimmten Fragebogen erstellen zu können, wurde dieser in Kooperation mit allen Mitgliedern des Verbundprojekts erarbeitet. Somit hatte jedes der beteiligten Institute die Möglichkeit, spezifisch auf das zu bearbeitende Teilprojekt abgestimmte Fragen einzubringen.

Diese Betriebsfragebögen wurden für jeden der in der Longitudinalstudie untersuchten Bestände vom Projektbearbeiter und dem Betriebsleiter gemeinsam ausgefüllt. Auf dem sogenannten „Stammdatenblatt“ wurden insbesondere Haltungsbedingungen, Hygienemaßnahmen, Tierkontakte, Bestandsdaten und routinemäßige Behandlungen und Impfungen erfasst. Zusätzlich wurde bei jeder Bestandsuntersuchung ein sogenannter „wiederkehrender Fragebogen“ ausgefüllt, der Fragen nach Zu- und Verkäufen, antibiotischen und sonstigen tierärztlichen Behandlungen im Zeitraum zwischen zwei projektbezogenen Bestandsbesuchen enthielt.

Zielsetzung der standardisierten Befragung war es, eventuell bestehende Zusammenhänge zwischen dem Auftreten Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* im Bestand und betriebstechnischen sowie tierhygienischen Abläufen zu erfassen und auszuwerten.

2.3 Teilprojekt „Zeitpunkt und Verlauf der Besiedlung mit MRSA bei Mastschweinen und Einflussfaktoren hierauf“ (Kz. 2808HS030)

Ziel dieses Teilprojektes war die Erforschung des Verlaufs der Kolonisierung von Mastschweinen sowie der MRSA-Besiedlungsdynamik in Schweinemastbeständen. Des Weiteren galt es, erste Ansätze für effiziente Kontroll- und Bekämpfungsmaßnahmen von laMRSA bei Mastschweinen zu ergründen und zu erarbeiten. Die Ergebnisse sollten als wissenschaftliche Entscheidungshilfe bei der Planung angemessener Verhütungs- und Bekämpfungskonzepte gegen den Eintrag von laMRSA aus Nutztierbeständen in die Bevölkerung dienen.

Im Zuge der Aufgabenbearbeitung dieses Teilprojektes wurden folgende Hypothesen geprüft:

1. Schweine aus MRSA-negativen Ferkelerzeugerbetrieben bleiben über die gesamte Mastdauer negativ, wenn sie in die eigenen Mastgruppen des Ferkelerzeugerbetriebes wechseln, also bis zur Schlachtung in geschlossenen Systemen verbleiben.
2. Schweine aus MRSA-negativen Ferkelerzeugerbetrieben bleiben über die gesamte Mastdauer negativ, wenn sie in anderen MRSA-negativen Betrieben weitergemästet werden.
3. Der Kontakt mit MRSA-positiven Schweinen anderer Betriebsherkünfte führt unmittelbar zur Erregerbesiedlung der Tiere. Diese Tiere bleiben für die Dauer der Mastperiode dann auch konstant MRSA-positiv.
4. Ein vorheriger MRSA-positiver Mastdurchgang oder eine andere MRSA-positive Altersgruppe beeinflusst den Infektionsstatus der nachfolgenden Mastgruppe.
5. Ein MRSA-Eintrag kann über eine MRSA-positive Tierumgebung erfolgen.

Innerhalb des Teilprojektes wurde auf eine nahezu deutschlandweite Verteilung der Studienbestände in landwirtschaftlich strukturell unterschiedliche Regionen insbesondere in Bezug auf die Schweinedichte geachtet. Aus diesem Grund wurde das Projekt regional in Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Ostdeutschland und Bayern bearbeitet.

Um der Zielsetzung des Projekts gerecht zu werden, wurde es in zwei Phasen gegliedert. In einer ersten Phase wurden in einer Querschnittsstudie geeignete Betriebe identifiziert. Diese wurden dann in einer zweiten Phase in einer Longitudinalstudie über einen längeren Zeitraum über zwei Mastdurchgänge hinweg begleitet. Dabei wurden im ersten Mastdurchgang das bestandsspezifische MRSA-Vorkommen und der zeitliche Verlauf untersucht und anschließend im zweiten Mastdurchgang eine bestandsspezifische Interventionsmaßnahme zur Senkung des laMRSA-Vorkommens erarbeitet und angewendet.

Die Ermittlung des MRSA-Status von Mastbeständen erfolgte über den kulturellen Nachweis von MRSA in Stallstaubproben in Anlehnung an das Verfahren in der Grundlagenstudie zur Erhebung der MRSA-Prävalenz in Haltungsbetrieben mit Zuchtschweinebeständen in der EU im Jahre 2008 der EFSA. Dabei wurde in jedem Bestand über alle Stallabteile hinweg eine repräsentative Staubprobe an fünf Stellen à 100 cm² gesammelt.

Auf diese Weise wurden in Niedersachsen 19, in Nordrhein-Westfalen 25, in Bayern acht und in Ostdeutschland vier Bestände beprobt.

Zur Bestätigung des durch Stallstaub ermittelten MRSA-Status im Hinblick auf die Longitudinalstudie und zur Schätzung der Intraherdenprävalenz wurden pro Region in je vier Beständen noch jeweils Nasenabstriche von 60 Schweinen untersucht. Um eine möglichst repräsentative Auswahl innerhalb der Bestandspopulation zu erreichen, wurde die Beprobung an Tieren verschiedener Altersklassen in unterschiedlichen Stallabteilen durchgeführt.

Die Auswahl der in der Longitudinalstudie beprobten Bestände (pro untersuchter Region vier Bestände) wurde zum einen auf Grund folgender durch die Projektbeschreibung vordefinierter Tiergruppen getroffen:

- a. Tiere, die aus Betrieben stammten, in denen kein Zukauf stattfand (geschlossenes Betriebssystem)
- b. Tiere, die in einem zweiten Betrieb gemästet wurden und nur aus einer Ferkelherkunft stammten (integriertes Betriebssystem)
- c. Tiere, die in einem zweiten Betrieb gemästet wurden und aus mehreren Ferkelherkünften stammten. Die Tiere aus unterschiedlichen Herkünften wurden jeweils getrennt aufgestellt (offenes Betriebssystem)
- d. Tiere, die in einem zweiten Betrieb gemästet wurden, aus mehreren Ferkelherkünften stammten und in denen Tiere aus unterschiedlichen Herkünften gemischt aufgestellt wurden (offenes Betriebssystem).

Auch in diesem Teilprojekt erfolgte die Erfassung betriebsspezifischer Management- und Produktionsdaten mittels des harmonierten Fragebogens mit dem Ziel, eventuell bestehende Zusammenhänge zwischen dem Auftreten von MRSA im Bestand und betriebstechnischen sowie tierhygienischen Abläufen zu erfassen und auszuwerten.

2.4 Teilprojekt „Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen“ (Kz. 2808HS029/2808HS040)

Ziel dieses Teilprojektes waren Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen. Dazu wurden Felduntersuchungen in konventionellen Stallsystemen von Schweine- und Mastgeflügelhaltungen durchgeführt. Damit sollte eine Abschätzung des Übertragungsrisikos luftgetragener MRSA-Stämme auf andere Tierbestände

oder Anwohner in der Umgebung von Nutztierställen bzw. einen Eintrag von MRSA in die Umwelt ermöglicht werden.

Im Zuge der Aufgabenbearbeitung dieses Teilprojektes wurden folgende *Fragestellungen* geprüft:

1. Welches sind die wichtigsten MRSA-Emissionsquellen in MRSA-positiven Beständen?
2. In welchem Maße kommt MRSA in der Stallluft vor und kommt es zu einer aerogenen Ausbreitung der Keime im Stall?
3. Emittieren MRSA-positive Schweine- und Mastgeflügelbestände MRSA und wie ist die Emissionsfracht einzuschätzen?

Dazu wurden:

- a. die wichtigsten MRSA-Emissionsquellen anhand qualitativer Nachweise in MRSA-positiven Beständen ermittelt,
- b. der quantitative Nachweis von MRSA in der Stallluft geführt, um eine Ausbreitung der Keime im Stall einschätzen zu können,
- c. sowohl Sockentupfer (Oberflächentupfer) als auch Luftproben in Luv und Lee entnommen und quantitativ und qualitativ auf MRSA untersucht, um die Emissionsfracht aus dem Stall heraus bei ausgewählten MRSA-positiven Beständen abschätzen zu können.

Im Rahmen einer Querschnittstudie wurden 27 typische Schweinehaltungen (12 Schweinezuchtbetriebe, 15 Schweinemastbetriebe; einstreulose Haltung, Zwangslüftung) untersucht. Darüber hinaus wurden 13 Geflügelbestände (6 Broiler- und 7 Putenmastbestände) in der Querschnittsuntersuchung einmalig analysiert. Jeweils sechs dieser Schweine- und Mastgeflügel-Betriebe, wurden dann über einen Zeitraum von 12 Monaten mehrmalig untersucht (Schweinebetriebe 4malig, Mastgeflügelbetriebe 4malig in einem Mastdurchgang), um die Persistenz der Erreger im Stall und seine Ausbreitung in der Stallumgebung abschätzen zu können.

Im Rahmen der Querschnitts- und der Longitudinalstudien wurden pro Betrieb Tupferproben von je 20 Tieren (je 1 Nasen-/Choanenabstrich und ein Abstrich von einer definierten Hautoberfläche) und jeweils Staub-, Kot-, Einstreu-, Sockentupfer- und Futtersammelproben entnommen und auf MRSA untersucht.

Zur Quantifizierung der luftgetragenen MRSA wurden in den selben Betrieben jeweils drei Luftprobenahmen durchgeführt. Als Luftkeimsammelverfahren wurden in Anlehnung an die VDI-Richtlinie 4252 Blatt 3 (Luftkeimsammlung mittels Impingement) und unter Einbeziehung der technischen Regeln für biologische Arbeitsstoffe (TRBA) 430 parallel an den definierten Messorten das Impingement mit dem AGI-30 Impinger und die Filtration mit Polycarbonatfiltern eingesetzt.

Neben den quantitativen Verfahren wurde ein qualitatives (passives) Verfahren zum Nachweis von MRSA im luftgetragenen Stallstaub in den Ställen eingesetzt, die in die Langzeituntersuchungen eingebunden wurden. Dabei handelte es sich um ein Sedimentationsverfahren mittels eines Sedimentationsblechs in etwa 3 m Höhe über dem Stallboden.

Zur Beurteilung der aerogenen MRSA-Emissionen aus den Ställen wurden parallel zu den lufthygienischen Untersuchungen im Stall auf der Lee-Seite des jeweiligen Stalles in Hauptwindrichtung (d.h. in der Abluftfahne) bis zu vier Probenahmeorte (50m, 150m, 300m und 500m) und auf der Luv-Seite ein Probenahmeort für die Luftprobennahme (als Kontrollmesspunkt) untersucht. Parallel dazu wurden an den auch für die Luftuntersuchungen verwendeten Stellen Sockentupferproben von den jeweiligen Oberflächen der Stallumgebung untersucht, um eventuell in der Stallumgebung deponierte MRSA zu bestimmen. Die so innerhalb und außerhalb des Stalles erhaltenen Befunde wurden verglichen und ermöglichten qualitative und quantitative Abschätzungen zur Emission und Ausbreitung von MRSA über den Luftweg.

3. Zusammengefasste Ergebnisse der einzelnen Teilprojekte entsprechend des Entscheidungshilfebedarfs sowie Empfehlungen

Im Folgenden werden die maßgeblichen Ergebnisse der einzelnen Teilprojekte des Entscheidungshilfe-Verbundvorhabens entsprechend des ausgeschriebenen Entscheidungshilfebedarfs zusammenfassend dargestellt.

Die detaillierten, teilweise auch darüber hinaus zusätzlich erzielten Ergebnisse sind den beiliegenden Abschlussberichten der einzelnen Teilprojekte zu entnehmen.

3.1 Teilprojekt „Optimierung des Probenahmeverfahrens zum Nachweis von MRSA in Tierbeständen“ (Kz. 2808HS019)

Im Zuge der Aufgabenbearbeitung innerhalb dieses Teilprojektes sollten folgende Hypothesen geprüft werden:

1. Das Vorkommen von MRSA in Staubproben kann mit hoher Sensitivität nachgewiesen werden.
2. Im Kompartiment Nase kann MRSA am Häufigsten nachgewiesen werden.
3. Der Anteil und die Verteilung MRSA positiver Tiere im Bestand schwanken in Abhängigkeit unterschiedlicher Einflussfaktoren (z.B. Haltungssystem, Management, Nachweis-häufigkeiten in Tierumgebungsproben).

Dazu wurden im Rahmen dieses Teilprojektes zunächst geeignete Probenahme- und Nachweisverfahren für MRSA getestet und entwickelt, mit denen der MRSA Status in Nutztierbeständen festgestellt werden kann. Diese Verfahren wurden im Zuge der Hypothesenprüfung hinsichtlich ihrer „Sensitivität“ für den MRSA Nachweis in Tierbeständen verglichen und bewertet. Im Folgenden werden die Ergebnisse der Hypothesenprüfung und die sich daraus ableitenden Handlungsempfehlungen auf die jeweilige Nutztierart bezogen dargestellt.

Ergebnisse aus Schweinebeständen

Umfangreiche Beprobungen von 14 Lokalisationen in Schweinebeständen zeigten, dass mit allen eingesetzten Probenahmeverfahren MRSA nachweisbar war. Somit konnten wichtige Informationen über mögliche Übertragungswege in Mast- und Zuchtschweinebeständen geliefert werden. Die genaue Methodenbeschreibung bzw. die Erstellung von Probenahme und Analysenprotokollen gestattet, dass die Untersuchungen auch von anderen Forschungseinrichtungen, Laboren, Tierärzten etc. durchgeführt werden können.

Für die Erhebung des MRSA Status auf Bestandsebene können für die Beprobung der Tierumgebung und die Beprobung der Tiere zwei Verfahren vorgeschlagen werden. Der Einsatz von Sockentupfern eignete sich am besten für den Nachweis in der Tierumgebung von Mast- und Zuchtschweinebeständen. Zudem kann das Verfahren auch zur Überprüfung von Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen oder zur Beprobung der Tierumgebung außerhalb von Tierställen eingesetzt werden. Da der Nachweis mittels Sockentupfer signifikant sensitiver war als der in Staubproben, wird die eingangs aufgestellte Hypothese 1 verneint.

Ein direkter Vergleich der Sockentupferprobe mit gepoolten Tupfern aus den Nasen der Schweine ergab allerdings eine signifikant ($p < 0,02$) höhere Nachweisrate in den Nasentupfern. Insofern kann Hypothese 2 mit ja beantwortet werden und für den Nachweis am Tier kann der Einsatz von 60 Nasentupfern mit anschließender Aufarbeitung in Fünfergruppen empfohlen werden. Hingegen dürfte für die Statuserhebung von MRSA im Bestand in vielen Fällen bereits der Einsatz des Sockentupfers hinreichend sein. Fällt die Sockentupferprobe negativ aus, könnte zur sicheren Abklärung des Status die Beprobung von 60 zufällig ausgewählten Tieren eines Bestandes mittels Nasentupfern erfolgen.

Weiterhin wurden im Zuge der Überprüfung der 3. Hypothese folgende Beobachtungen gemacht:

- a) Die Anzahl angereicherter MRSA positiver Nasentupfer einzelner Tiere korrelierte insgesamt (in Zucht- und Mastbeständen) gut mit der Anzahl positiver Umgebungsproben.
- b) Die Anzahl positiv getesteter Einzeltiere war in Mastbeständen gegenüber Zuchtbeständen signifikant größer.

Somit scheint eine Abhängigkeit zwischen der Anzahl positiver Tiere und der Nachweishäufigkeit in der Tierumgebung gegeben. Die höhere Anzahl positiver Tiere in Mastbetrieben deutet hier auf einen Systemeinfluss hin. Die Herkunft der Tiere, das Hygienemanagement und die Behandlung der Tiere dürften dabei eine wichtige Rolle spielen (siehe auch 3.2 und 3.3).

Die entwickelten Probenahmeverfahren lassen abgesehen von Anreicherungsverfahren eine Quantifizierung von MRSA in den einzelnen Proben zu. Damit ist zukünftig die Möglichkeit gegeben, die Ausbreitungsdynamik von MRSA in Tierbeständen und der Tierumgebung noch genauer zu betrachten. So wird vorgeschlagen, die noch relativ unbekannt Tenazität von MRSA in verschiedenen Umweltmedien festzustellen, um das Transmissionsrisiko von MRSA besser einschätzen zu können. Ferner können Hygienemaßnahmen genauer validiert werden und die Quantifizierung von MRSA in der Stallluft und in der Außenluft erlaubt die Parametrisierung von Ausbreitungsmodellen.

Ergebnisse aus Geflügelmastbeständen

Beim Geflügel wurden insgesamt 11 verschiedenen Lokalisationen zum Nachweis von MRSA auf Bestandsebene beprobt. Der häufigste Nachweis von MRSA in den Beständen gelang mit

den gepoolten Hauttupfern, gefolgt von den einzeln analysierten Hauttupfern und den Choanentupfern. Allerdings waren die gepoolten Hauttupfer die einzigen Proben vom Tier, die in der Nachweishäufigkeit signifikant besser abschnitten ($p < 0,05$), als die Staubsammelproben, mit denen der Nachweis in der Tierumgebung am häufigsten gelang. Insofern muss jedoch Hypothese 1 verneint werden. Insbesondere die Beprobung der Halshaut von Puten scheint ein sensitives und geeignetes Verfahren für die Bestandsbeprobung zu sein. Staubsammelproben und Proben von der Halshaut der Tiere sind standardisierbar und können für die Statuserhebung vorgeschlagen werden. Staubsammelproben scheinen jedoch für die Beprobung der Tierumgebung in Masthühnerställen geeignet.

Die Nachweishäufigkeiten mittels Haut- und Choanentupfer zeigten keine signifikanten Unterschiede, weshalb Hypothese 2 nicht eindeutig beantwortet werden kann. Bezüglich der Lokalisation am Tier kann keine endgültige Aussage getroffen werden, da zu wenig positive Ställe wiederholt beprobt werden konnten. Es wird daher empfohlen anhand der gepoolten Tupferproben zukünftig zu untersuchen, welches die am besten geeignete Lokalisation am Huhn für den MRSA Nachweis im Tierbestand darstellt.

Hypothese 3 konnte nicht hinreichend geprüft werden, da der Schwerpunkt der Untersuchungen beim Mastgeflügel im Wesentlichen auf den Emissionen aus diesen Tierhaltungen beruhte. Die Einflussfaktoren auf die Ausbreitung von MRSA innerhalb von Geflügelbeständen sollte zukünftig genauer betrachtet werden, um gezielte Interventionsmaßnahmen einleiten zu können. Der in einigen Fällen festgestellte wechselnde MRSA Status bei verschiedenen Durchgängen im gleichen Stallgebäude, ist möglicherweise ein Hinweis darauf, dass bestimmte Voraussetzungen und Maßnahmen zu freien Beständen oder zumindest zu Beständen mit sehr niedrigen Prävalenzen ($< 5\%$) führen könnten.

Ergebnisse aus Milchviehbeständen

Die Untersuchung von Milchviehbeständen konnte nicht vollständig abgeschlossen werden, was zum einen mit der offenbar niedrigen MRSA-Prävalenz in Milchviehbeständen und zum anderen mit der Schwierigkeit, positive Bestände beproben zu dürfen, zu tun hatte. Die Untersuchungen sollten ursprünglich einer Orientierung dienen und Hinweise darüber liefern, welches Probenahmeverfahren für die Untersuchung von Milchviehbeständen am besten geeignet erscheint. Eine Beantwortung der eingangs aufgestellten Hypothesen auf statistisch abgesicherten Daten war für Milchviehbestände nicht vorgesehen.

Dennoch ergeben die Verlaufsuntersuchungen in zwei Beständen wichtige Hinweise. Trotz des hohen Beprobungsaufwandes (60 Tiere, 60 Vorgemelsproben und etliche Umgebungsproben) konnte laMRSA mit wechselndem Status nur vereinzelt in den Beständen gefunden werden. Eine Ausbreitung wurde in diesen Beständen nicht beobachtet.

Dieses Ergebnis sowie die Feststellung, dass MRSA sich auch in Schweine- und Mastgeflügelbeständen nicht zwingend ausbreitet, obwohl Nachweise in der Tierumgebung oder bei einzelnen Tieren gelangen, deuten an, dass eine Reihe ganz verschiedener Faktoren hemmend oder fördernd auf die Ausbreitung von MRSA in einer Milchvieh-Herde wirken können. Es wird daher vorgeschlagen, dass anhand der asservierten MRSA Isolate und

mittels der umfangreich erhobenen Daten eine Risikoanalyse durchgeführt wird, die die Risikofaktoren für eine Verbreitung von MRSA in Tierbeständen eingehender untersucht.

Wichtigste Tendenzen/Ergebnisse und ggf. praktische Empfehlungen

Es wurden qualitative und quantitative Probenahmeverfahren zur Beprobung von Nutztieren und ihrer Umgebung entwickelt und gemeinsam mit bereits etablierten Verfahren vor Ort in Nutztierställen eingesetzt.

Für den MRSA Nachweis in der Tierumgebung beim Schwein wurden die signifikant höchsten Nachweishäufigkeiten mit der Sockentupferprobe erzielt. Für die sichere Status Erhebung im Bestand wird allerdings der Einsatz von 60 Nasentupfern mit anschließender Aufarbeitung in Fünfergruppen empfohlen. Es konnten deutliche Zusammenhänge zwischen der Anzahl MRSA positiver Tiere im Bestand und der Anzahl positiver Tierumgebungsproben festgestellt werden.

In Geflügelmastbetrieben wurden die höchsten Nachweishäufigkeiten auf Bestandesebene mit Haut- und Choanentupfern erzielt. Nur der Hauttupfer erreichte signifikant höhere Nachweisraten gegenüber der Sammelstaubprobe, die das empfindlichste Verfahren der Umgebungsbeprobung darstellte. Die Befunde dieses Teilprojektes deuten zudem an, dass eine Reihe ganz verschiedener Faktoren hemmend oder fördernd auf die Ausbreitung von MRSA in einer Herde wirken kann.

Es wird daher vorgeschlagen, dass anhand der asservierten MRSA Isolate und mittels der umfangreich erhobenen Daten eine Risikoanalyse durchgeführt wird, die die Risikofaktoren für eine Verbreitung von MRSA in Tierbeständen noch eingehender untersucht.

3.2 Teilprojekt „Entwicklung der Intraherdenprävalenz von MRSA bei Schweinen in Zucht- und Ferkelerzeugerbetrieben“ (Kz. 2808HS020)

Die in der Aufgabenbeschreibung für dieses Teilprojekt aufgestellten Hypothesen lauteten:

1. Es bestehen Unterschiede in der Prävalenz von MRSA bei verschiedenen Altersgruppen bzw. Reproduktionsstadien.
2. Ferkel besiedelter Sauen werden unmittelbar nach der Geburt besiedelt
3. Infektionen bzw. Besiedlungen sind meist vorübergehender Natur, aber wiederholt möglich

zu Hypothese 1: Es bestehen Unterschiede in der Prävalenz von MRSA bei verschiedenen Altersgruppen bzw. Reproduktionsstadien

In den untersuchten Schweinezucht- und Ferkelerzeugerbetrieben traten von Betrieb zu Betrieb erhebliche Unterschiede in der Intraherdenprävalenz auf, weshalb die Hypothese 1 nicht eindeutig beantwortet werden kann. Die ermittelte MRSA-Intraherdenprävalenz lag über alle zwölf Zuchtbestände im Durchschnitt bei 48 % - 59 %, aber die einzelbetriebliche Häufigkeit von MRSA-positiven Tieren in den Betrieben variierte erheblich und lag zwischen 0 % - 70 %. Ein Zusammenhang zwischen der MRSA-Besiedlungshäufigkeit und der Bestandsgröße lässt sich aus den ermittelten Daten nicht ableiten, sodass die Faktoren für den Eintrag von MRSA und für die Ausbreitung der MRSA-Keime innerhalb eines Bestandes eher im betriebsorganisatorischen Geschehen und in den täglichen Arbeitsabläufen zu suchen sind.

Unabhängig von der jeweiligen Intraherdenprävalenz konnte folgender genereller Trend in der MRSA-Dynamik entlang der Zeitlinie von Altersgruppen und Reproduktionsstadien identifiziert werden:

- a) Bei den Sauen traten regelmäßig die pro Bestand relativ höchsten Besiedlungsraten zum Zeitpunkt des Absetzens auf. Anzunehmen ist, dass während der Säugeperiode sowohl die steigende Staubansammlung in den Abferkelabteilen als auch die Besiedlung der Saugferkel zur höheren Besiedlung der Sauen im Vergleich zum Zeitpunkt der Abferkelung beitragen.
- b) Bei den Ferkeln ist ein stetiger Anstieg der Besiedlungsraten bis zum Zeitpunkt des Absetzens zu verzeichnen. Auch hier werden die steigende Staubansammlung und die über die Zeit zunehmenden Tierkontakte in den Abferkel- und Flatdeckabteilen zur Prävalenzsteigerung beitragen. Insbesondere die Umstallung bzw. Zusammenstellung der Saugferkel zu einer größeren Gruppe von unterschiedlichen Würfen im Flatdeck lässt durch die größere Anzahl an Tierkontakten die Anzahl der besiedelten Tiere ansteigen.

Zur Reduktion der Verbreitung von sich bereits etablierten MRSA-Keimen innerhalb eines Bestandes sollten eine Reduktion von Kontaminationsquellen (z.B. Staub, Biofilm in Tränke-Einrichtungen, Treibbrett) sowie eine Reduktion von Tierkontakten durch innerbetrieblichen Maßnahmen erreicht werden.

zu Hypothese 2: Ferkel besiedelter Sauen werden unmittelbar nach der Geburt besiedelt

Neben dem signifikanten Einflussfaktor der MRSA-Häufigkeit in der Tierumgebung (Staub) stellt die Kolonisation der Muttertiere einen weiteren Einflussfaktor auf die Besiedlung der Ferkel unmittelbar nach der Geburt dar. Nachgewiesen wurden signifikant höhere Kolonisationsraten bei den neugeborenen Ferkeln von Sauen, die bereits bei der Einnistung in den Abferkelstall oder bei der Geburt mit MRSA kolonisiert waren. Auch zeigte sich ein Zusammenhang zwischen der Besiedlung der Sauen nach der Geburt und dem Ergebnis der Ferkel beim Absetzen. Für die Besiedlung der Absetzferkel ist der Status der Saugferkel von großer Bedeutung, denn Tiere, die bereits zum Zeitpunkt um die Geburt MRSA-positiv sind, sind beim Absetzen signifikant häufiger MRSA-positiv, als Tiere, die nach der Geburt MRSA-negativ gewesen waren. Insofern kann die Hypothese 2 mit ja beantwortet werden.

Da zurzeit keine Maßnahmen bekannt sind, die eine anhaltende Sanierung aller Einzeltiere eines Bestandes bewirken, ist zum Aufbau von MRSA-freien Mastschweinebeständen ein (ggfs. ebenfalls aufzubauender) MRSA-freier Sauenbestand eine maßgebliche Voraussetzung.

zu Hypothese 3: Infektionen bzw. Besiedlungen sind meist vorübergehender Natur, aber wiederholt möglich

Hypothese 3 konnte bestätigt werden. Die wiederholte Beprobung von mit Ohrmarken gekennzeichneten Tieren hat gezeigt, dass ein und dieselben Tiere selten an allen Beprobungsterminen MRSA-positiv waren. Insgesamt wurden nur bei 11 von den über 350 untersuchten Tieren durchgehend an allen Terminen MRSA nachgewiesen. Bei allen anderen Tieren wechselte der MRSA-Status von negativ zu positiv als auch umgekehrt ein- oder mehrmalig. Dieser Befund weist deutlich darauf hin, dass die MRSA-Besiedlung der Schleimhäute beim Schwein eher transient ist und eine Wiederbesiedlung beim gleichen Tier zu einem späteren Zeitpunkt einerseits auf besiedelte andere Schweine oder andererseits auf eine mit MRSA kontaminierte Umwelt zurückzuführen ist.

Aufgrund dieser Erkenntnisse ist für eine sichere Statusfindung von Schweinebeständen eine genügend hohe Stichprobengröße an mehreren Zeitpunkten anzuraten. Dies gilt insbesondere dann, wenn es sich um den Status „MRSA-negativ“ handelt.

Wichtigste Tendenzen/Ergebnisse und ggf. praktische Empfehlungen

In der vorliegenden Studie wurden das Vorkommen, der Verlauf der Kolonisierung und der Besiedlungsdynamik sowie damit verbundene Einflussfaktoren von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* in Schweinezuchtbeständen in Deutschland untersucht.

Dabei konnte eine MRSA-Herdenprävalenz von 75% ermittelt werden. Bei den untersuchten MRSA-positiven Betrieben konnte eine mittlere Intraherdenprävalenz von 48% - 59% berechnet werden (Varianz von 0% bis 70%). Dabei zeigte sich in der Regel die höchste Nachweisrate von laMRSA am Ende der Flatdeckphase. Eine wie auch immer gestaltete

effektive Kontrolle und Reduktion von laMRSA in Schweinebeständen sollte somit bereits in der Aufzuchtphase der Ferkel ihren Anfang nehmen.

Der beobachtete kontinuierliche Anstieg bis zum Verlassen des Flatdecks bei den Jungtieren impliziert ein multifaktorielles Geschehen, bei dem neben der Weiterverbreitung der Keime von Tier zu Tier auch die Verbreitung von MRSA über andere Vektoren, insbesondere Staub, eine Rolle spielen. Zudem lässt sich vermuten, dass hohe Besatzdichten die Verbreitung von MRSA innerhalb eines Bestandes fördern.

Da auch die Ergebnisse der Studie zum Einsatz von routinemäßig an ganze Tiergruppen verabreichte Antibiotika, bzw. der Verzicht darauf, im Schweinestall einen Effekt auf die Häufigkeit der Besiedlung der Tiere mit laMRSA vermuten lassen, sollten in weiteren, gezielt kontrollierten Studien diese Zusammenhänge verifiziert und möglichst quantifiziert werden.

3.3 Teilprojekt „Zeitpunkt und Verlauf der Besiedlung mit MRSA bei Mastschweinen und Einflussfaktoren hierauf“ (Kz. 2808HS030)

Die in der Aufgabenbeschreibung aufgestellten Hypothesen lauteten:

1. Schweine aus MRSA-negativen Ferkelerzeugerbetrieben bleiben über die gesamte Mastdauer negativ, wenn sie in die eigenen Mastgruppen des Ferkelerzeugerbetriebes wechseln, also bis zur Schlachtung in geschlossenen Systemen verbleiben.
2. Schweine aus MRSA-negativen Ferkelerzeugerbetrieben bleiben über die gesamte Mastdauer negativ, wenn sie in anderen MRSA-negativen Betrieben weitergemästet werden.
3. Der Kontakt mit MRSA-positiven Schweinen anderer Betriebsherkünfte führt unmittelbar zur Erregerbesiedlung der Tiere. Diese Tiere bleiben für die Dauer der Mastperiode dann auch konstant MRSA-positiv.
4. Ein vorheriger MRSA-positiver Mastdurchgang oder eine andere MRSA-positive Altersgruppe beeinflusst den Infektionsstatus der nachfolgenden Mastgruppe.
5. Ein MRSA-Eintrag kann über eine MRSA-positive Tierumgebung erfolgen.

zu den Hypothesen 1 und 2: Schweine aus MRSA-negativen Ferkelerzeugerbetrieben bleiben über die gesamte Mastdauer negativ, wenn sie in die eigenen Mastgruppen des Ferkelerzeugerbetriebes wechseln, also bis zur Schlachtung in geschlossenen Systemen verbleiben oder wenn sie in anderen MRSA-negativen Betrieben weitergemästet werden.

Innerhalb der in diesem Verbundvorhaben durchgeführten deutschlandweiten Querschnittsstudie zur Ermittlung des MRSA-Bestandsstatus mittels Staubuntersuchungen und 60 Nasenabstrichen konnte kein untersuchter Ferkelerzeuger und nur zwei Mastbestände (aus den Regionen NRW und Ostdeutschland) von insgesamt 56 untersuchten Mastbeständen als MRSA-negativ definiert werden. Insofern stellte sich nach der Querschnittsstudie heraus, dass die aufgestellten Hypothesen 1 und 2, formuliert bevor belastbare Prävalenzdaten für Deutschland vorlagen, so leider nicht überprüft werden konnten.

Legt man stattdessen nicht den MRSA-Bestandsstatus des Ferkelerzeugers zu Grunde, sondern die Ergebnisse der Nasenabstriche der zwölf mittels fortlaufender Ohrmarke gekennzeichneten Mastläufer bei Einstellung in die Mast, sozusagen den Einstellungsstatus der zwölf Tiere als Stellvertreter für die eingestellten Mastläufer, so konnten zehn von den 32 untersuchten Mastläufergruppen als MRSA-negativ definiert werden. Zum Zeitpunkt der Ausstellung blieben nur in zwei Beständen alle zwölf Tiere an allen Beprobungsterminen MRSA-negativ. In weiteren zwei Beständen waren ebenfalls alle zwölf Tiere MRSA-negativ bei der Ausstellung, jedoch wurden etliche dieser Tiere während der Mast temporär MRSA-positiv getestet. Die Ausstellung von zwölf MRSA-negativen Mastschweinen konnte bei

keinem Bestand erreicht werden, in dem MRSA-positive Mastläufer in die Mast eingestallt wurden. Dies deutet darauf hin, dass die Wahrscheinlichkeit, MRSA-negative Schweine am Ende der Mast ausstallen zu können, steigt, wenn MRSA-negative Mastläufer eingestallt werden. Allerdings zeigen die Ergebnisse der Untersuchungen zur MRSA-Besiedlungsdynamik ebenso, dass dieEinstellung MRSA-negativer Mastläufer keinerlei Garantie für MRSA-negative Schlachtschweine darstellt.

zu Hypothese 3: Der Kontakt mit MRSA-positiven Schweinen anderer Betriebsherkünfte führt unmittelbar zur Erregerbesiedlung der Tiere. Diese Tiere bleiben für die Dauer der Mastperiode dann auch konstant MRSA-positiv.

Die Besiedlung von MRSA-negativen Schweinen mit MRSA kann durch Kontakt mit MRSA-positiven Schweinen oder durch Kontakt mit MRSA-kontaminiertem Staub oder Gegenständen verursacht werden. In den untersuchten Mastbeständen waren in den meisten Fällen gleichzeitig sowohl die Umgebungsproben als auch eine unterschiedliche Anzahl von Schweinen MRSA-positiv. Aus diesem Grund war eine eindeutige Identifizierung der Quelle der MRSA-Besiedlung (MRSA-positive Schweine oder mit MRSA-kontaminierter Staub oder Gegenstände) und damit die Prüfung der ersten Aussage von Hypothese 3 leider nicht möglich.

Im Gegensatz hierzu konnte die zweite Aussage der Hypothese 3 mit ja beantwortet werden, da anhand der durchgeführten Verlaufsuntersuchungen von gekennzeichneten Schweinen festgestellt wurde, dass die nasale Besiedlung von Schweinen mit MRSA nicht in jedem Fall dauerhaft ist. Ein Wechsel des MRSA-Status von negativ zu positiv und umgekehrt konnte bei manchen Tieren sogar mehrfach festgestellt werden. Dies galt insbesondere in MRSA-positiven Beständen mit einer niedrigen MRSA-Intraherdenprävalenz.

zu den Hypothesen 4 und 5: Ein vorheriger MRSA-positiver Mastdurchgang oder eine andere MRSA-positiv Altersgruppe beeinflusst den Infektionsstatus der nachfolgenden Mastgruppe und ein MRSA-Eintrag kann über eine MRSA-positiv Tierumgebung erfolgen.

Generell konnte festgestellt werden, dass die MRSA-Kontamination der unmittelbaren Umgebung der Tiere eine große Rolle bei der MRSA-Verbreitung innerhalb einer Tiergruppe spielt. Es konnte an allen Beprobungsterminen ein Zusammenhang zwischen dem Untersuchungsergebnis der Umgebungsproben und der MRSA-Besiedlung der Tiere festgestellt werden. In einem Fall konnte gezeigt werden, dass ein Ferkelbezug aus einer MRSA-negativen Herkunftsherde und die Nutzung eines neuen (nicht MRSA-kontaminierten) Stallgebäudes dazu führt, dass MRSA-negative Schweine längerfristig MRSA-negativ bleiben. Somit besteht im Prinzip die Möglichkeit, MRSA-negative Schweinemastbestände aufzubauen. Wie lange und mit welchem Aufwand ein solcher Status dann auch aufrechterhalten werden kann, muss in einer gezielten Langzeitstudie weiterführend untersucht werden.

Bei der Beprobung der Tierumgebung erwies sich der Sockentupfer als sehr gut geeignete Untersuchungsmethode für den Nachweis von MRSA in der Tierumgebung.

Um den Einfluss eines MRSA-positiven Mastdurchgangs auf den darauffolgenden zu untersuchen, können insbesondere die Sockentupfer bzw. Staubproben vom gereinigten und

desinfizierten Stall vor Einstallung herangezogen werden. Die Untersuchungsergebnisse in den 16 untersuchten Mastbeständen zeigten, dass es möglich ist, nach einem MRSA-positiven Mastdurchgang nach besonders akribischer und umfassender Reinigung und Desinfektion Umgebungsuntersuchungen mit einem negativen Ergebnis zu erhalten. Da es sich bei diesen Untersuchungen jedoch nur um eine geringe Stichprobe der Gesamtumgebung handelte, sollten diese Ergebnisse mit Vorsicht interpretiert werden. Ob eine mit MRSA-kontaminierte Stallumgebung vollständig von MRSA dekontaminiert werden kann, ist nur unter standardisierten Bedingungen untersuchbar. Dafür sind neben einer Komplettbeprobung der direkten und indirekten Tierumgebung ebenso ein gesicherter MRSA-negativer Status aller eingestellten Tiere notwendig. Da MRSA eine zumindest ähnlich hohe Tenazität wie Salmonellen in der Umgebung aufweisen, ist eine Dekontamination der Umgebung unter Feldbedingungen nur mit größten Anstrengungen (z.B. mit professionellen Stallreinigungsfirmen und langen Leerstehzeiten) möglich.

Ein weiterer identifizierter Einflussfaktor der Ausbreitung von MRSA in Tiergruppen ist die Tieranzahl: In Beständen mit hohen Tierzahlen (>1000 Mastschweine) war eine höhere MRSA-Nachweisrate feststellbar als in Beständen mit geringen Tierzahlen (<500 Mastschweine). Ebenso hat die Herkunft der Mastläufer einen Einfluss auf den Nachweis von MRSA. Es konnte außerdem gezeigt werden, dass nach dem Einsatz von Antibiotika offensichtlich mehr MRSA-Nachweise bei den Tieren geführt werden konnten als in Tiergruppen ohne antibakterielle Medikation. Da sich die *spa*- und *mec*-Typen-Zusammensetzung der nachgewiesenen MRSA-Isolate vor und nach den Antibiotikaawendungen im Grunde nicht unterschieden, ist davon auszugehen, dass der Einfluss der Antibiotika sich v.a. auf eine Begünstigung der MRSA-Ausbreitung durch eine Veränderung des Selektionsdruckes als um als um eine aktuelle Entstehung von Resistenzen bei vorhandenen *Staphylococcus-aureus*-Keimen handelt.

Eine weitere Erforschung der Wechselwirkung zwischen der MRSA-Besiedlung der Schweine und antibiotischen Behandlungen sowohl in kontrollierten Felduntersuchungen als auch mittels experimenteller Studien erscheint ebenso sinnvoll wie die weitere Untersuchung zu möglichen Interventionsmaßnahmen zur Reduktion von laMRSA.

Wichtigste Tendenzen/Ergebnisse und ggf. praktische Empfehlungen

In der vorliegenden Studie wurden das Vorkommen und die Besiedlungsdynamik von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* in Schweinemastbeständen in Deutschland sowie Risikofaktoren und Interventionsmaßnahmen untersucht.

Dabei konnte eine Herdenprävalenz von 79% MRSA-positiver Mastbestände mit einer durchschnittlichen Intraherdenprävalenz von 51% ermittelt werden (Varianz von 0% bis 100%) ermittelt werden. Die MRSA-Nachweisraten stiegen in den ersten zwei Mastwochen signifikant an, bevor sich ein mehr oder weniger gleiches Niveau an MRSA-Nachweisen einpegelte. Die Intraherden-MRSA-Dynamik der einzelnen Bestände variierte jedoch in großem Maße.

Es konnten wichtige Einflussfaktoren auf das Vorkommen von MRSA identifiziert werden: i) Anzahl der Herkünfte der Mastläufer, ii) Anzahl der Mastplätze und iii) die Häufigkeit

antibiotischer Bestandsbehandlungen. In einem zweiten Mastdurchgang wurden, die wichtigsten Risikofaktoren berücksichtigend, bestandsspezifische Interventionsmaßnahmen erarbeitet und angewendet. Die exemplarisch erprobten Maßnahmen wie z.B. die intensivierete Reinigung und Desinfektion, die Versprühung von pflanzlichen und ätherischen Ölen und der Einsatz „effektiver Mikroorganismen“, blieben im Großen und Ganzen jedoch erfolglos.

Die Wechselwirkung zwischen der MRSA-Besiedlung der Schweine und antibiotischen Behandlungen sowie möglichen Interventionsmaßnahmen zur Reduktion von laMRSA sollten in weitergehenden Projekten analysiert werden.

3.4 Teilprojekt „Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen“ (Kz. 2808HS029/2808HS040)

Ziel dieses Teilprojektes war es, Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen durchzuführen. Da keine Hypothesen formuliert worden waren, sollten folgende Fragestellungen beantwortet werden:

1. Welches sind die wichtigsten MRSA-Emissionsquellen in MRSA-positiven Beständen?
2. In welchem Maße kommt MRSA in der Stallluft vor und kommt es zu einer aerogenen Ausbreitung der Keime im Stall?
3. Emittieren MRSA-positive Schweine- und Mastgeflügelbestände MRSA und wie ist die Emissionsfracht einzuschätzen?

Zu Frage 1: Welches sind die wichtigsten MRSA-Emissionsquellen in MRSA-positiven Schweine- und Mastgeflügelbeständen?

In 23 von 27 untersuchten Schweinebeständen (85,2%; 100% der Schweinemastbestände, 60% der Schweinezuchtbestände) konnte laMRSA (livestock-assoziierte MRSA) in der Stallluft nachgewiesen werden. Der Staub ist dabei höchstwahrscheinlich Hauptquelle dieser luftgetragenen laMRSA beim Schwein, da die dazugehörigen, parallel entnommenen Staubproben (85,2%; 100% Schweinemastbestände, 59,7% Schweinezuchtbestände) ebenfalls stets MRSA-positiv waren. Beim Schwein waren auch Sammelkotproben, insbesondere in Mastschweinebeständen (73,3%) in hohem Maße laMRSA positiv und müssen als weitere maßgebliche Emissionsquelle für laMRSA angesehen werden. Insgesamt waren die MRSA-Nachweisraten in Staub und in Kotproben von Schweinemastbeständen signifikant höher als in Schweinezuchtbeständen.

Bei den Untersuchungen in den Mastgeflügelbeständen konnten laMRSA bei 7 von 9 (77,8%) der innerhalb der Querschnitts-Studie untersuchten Bestände in der Stallluft nachgewiesen werden, wobei keine signifikanten Unterschiede zwischen Puten- (80%) und Broilerbeständen (75%) gefunden wurden. Staub erwies sich dabei auch beim Geflügel mit einer Nachweisrate von durchschnittlich 66% als wahrscheinliche Hauptquelle dieser luftgetragenen laMRSA im Stall. Im Unterschied zu Schweinehaltungen spielt laMRSA in Kot oder Einstreu mit einer Nachweisrate von durchschnittlich 22,2% bzw. 20% als Emissionsquelle jedoch offenbar eine deutlich geringere Rolle.

Bei den Untersuchungen in Broilerbeständen konnte mehrfach ein Wechsel des MRSA-Status des Bestandes von „positiv“ zu „negativ“ zwischen zwei aufeinanderfolgenden Mastdurchgängen beobachtet werden. Die Frage nach der Ursache hierfür war zwar nicht Gegenstand des durchgeführten Entscheidungshilfe-Projekts und kann daher nicht vollumfänglich beantwortet werden, da z.B. nur bei Broilern frisch eingestellte Küken untersucht wurden. Jedoch sind diese beobachteten Status-Wechsel im Kontext mit den negativen MRSA-Befunden in der Tierumgebung in diesen Durchgängen ein Hinweis darauf,

dass durch effektive Hygienemaßnahmen die „MRSA-Belastung“ in der Tierumgebung soweit gesenkt werden kann, dass somit eine MRSA-Kolonisierung/Infektion von MRSA-negativen Eintagsküken in einem im vorherigen Mastdurchgang MRSA-positiven Hähnchenmaststall verhindert werden kann. Zugleich könnte man die nachgewiesenen Statuswechsel beim Broiler, die so weder beim Schwein noch bei den Putenbeständen gefunden wurden, auch als Indiz dafür werten, dass ein maßgeblicher Eintrag von laMRSA über zugekaufte Küken beim Broiler in geringerem Maße als beim Schwein erfolgt. Für die Pute können Aussagen hierzu leider nicht getroffen werden, da hierzu keine Untersuchung von Eintagsküken erfolgte.

Zu Frage 2: In welchem Maße kommt MRSA in der Stallluft vor und kommt es zu einer aerogenen Ausbreitung im Stall?

In 85,2% der untersuchten Schweinebestände (100% der Schweinemastbestände, 60% der Schweinezuchtbestände) konnte laMRSA in der Stallluft nachgewiesen werden. Zum Nachweis von aerogenen laMRSA stellte sich das Impingement als sensitiveres Verfahren heraus, bei dem signifikant häufiger MRSA in der Luft gefunden wurde als mittels der Filtration. Beim Geflügel waren diese Sensitivitätsunterschiede zwischen beiden Luftkeimsammelverfahren hingegen nicht feststellbar. Die mittlere MRSA-Keimkonzentration in der Luft lag mittels Impingement in Schweinebeständen bei 257 KbE/m³ bei Mastgeflügelbeständen bei 882 KbE/m³. Wie vorstehend in Frage 1 ausgeführt muss Stallstaub als wahrscheinliche Hauptquelle dieser luftgetragenen laMRSA im Stall angesehen werden.

Insgesamt zeigen die durchgeführten Untersuchungen, dass laMRSA in der Stallluft von MRSA-positiven Schweinebeständen und Mastgeflügelbeständen regelmäßig isoliert werden kann. Dies stellt einerseits potentielle Kolonisations- bzw. Infektionsquellen für die gehaltenen Tiere und auch die in den Betrieben beschäftigten Personen dar, darüber hinaus aber auch eine bedeutende Emissionsquelle für laMRSA in die Stallumgebung.

Zu Frage 3: Emittieren MRSA-positive Schweine- und Mastgeflügelbestände MRSA und wie ist die Emissionsfracht einzuschätzen?

Im Rahmen der longitudinalen Untersuchungen war in 50% der Schweine- und in 40% der Putenbestände der Nachweis von laMRSA in einzelnen Außenluftproben bis zu einer maximalen Entfernung von 150m auf der Lee-Seite möglich. Hierbei war die nachgewiesene MRSA-Keimzahl jedoch sehr gering.

Bei allen untersuchten Schweine- und Mastgeflügelbeständen (je 100%) konnte laMRSA jedoch regelmäßig auf Bodenoberflächen der Stallumgebung bis zur maximal untersuchten Entfernung von 300m bzw. 500m auf der Lee-Seite gefunden werden. Im Sommer war die Nachweisrate von in der Stallumgebung deponierten laMRSA dabei signifikant höher als zu anderen Probenahmezeitpunkten bzw. Jahreszeiten.

Mittels *Spa*-Typisierung ausgewählter Isolate wurden in den Ställen und deren Umgebung jeweils identische MRSA-Typen ermittelt, die vorrangig der Gruppe der livestock-assoziierten MRSA des Sequenztyps CC398 zugeordnet werden konnten.

Eine luftgetragene Verbreitung von laMRSA sowohl im Bestand als auch eine aerogene und fäkale Emission mit anschließender Deposition in der Stallumgebung von Schweine- und Mastgeflügelbeständen ist somit anzunehmen. Daher ist neben dem Übertragungsrisiko luftgetragener laMRSA-Stämme innerhalb eines Betriebes auch mit Immissionen im Bereich anderer Tierbestände oder bei Anwohnern in der unmittelbaren Umgebung von laMRSA-positiven Nutztierställen zu rechnen.

Wichtigste Tendenzen/Ergebnisse und ggf. praktische Empfehlungen

Ziel dieses Entscheidungshilfe-Projektes war es, Untersuchungen zum Vorkommen von livestock assoziierten Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (laMRSA) in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen durchzuführen, die eine Abschätzung des Übertragungsrisikos luftgetragener laMRSA-Stämme innerhalb eines Betriebes, auf andere Tierbestände oder Anwohner in der Umgebung von Nutztierställen erlauben.

Dazu wurden in Querschnitts-Untersuchungen laMRSA-Emissionsquellen innerhalb des Stalls bei den Tieren und in der Tierumgebung ermittelt sowie in Longitudinal-Untersuchungen das Vorkommen von laMRSA auf der Luv- und Lee-Seite des Stallgebäudes in Außenluftproben und auf Bodenoberflächen in unterschiedlichen Entfernungen vom Stall untersucht.

In 85,2% der untersuchten Schweinebestände (n=27) konnten laMRSA in der Stallluft nachgewiesen werden, bei Mastgeflügel war dies in 77,8 % der untersuchten Bestände (n=9) der Fall. In Mastschweinebeständen waren auch Sammelkotproben in hohem Maße laMRSA positiv.

Im Rahmen der Longitudinal-Studie konnten laMRSA des MRSA-Sequenztyps CC398 bei allen Schweine- und Mastgeflügelbeständen regelmäßig auf Bodenoberflächen der Stallumgebung bis zur maximal untersuchten Entfernung von 500m auf der Lee-Seite gefunden werden. In drei Schweine- und zwei Putenbeständen war zudem der Nachweis von laMRSA in Außenluftproben möglich.

Eine luftgetragene Verbreitung von laMRSA sowohl im Bestand als auch eine aerogene und fäkale Emission mit anschließender Deposition in der Stallumgebung von Schweine- und Mastgeflügelbeständen ist daher anzunehmen. Somit ist neben dem Übertragungsrisiko luftgetragener MRSA-Stämme innerhalb eines Betriebes auch mit Immissionen im Bereich anderer Tierbestände sowie bei Anwohnern in der unmittelbaren Umgebung von laMRSA-positiven Nutztierställen zu rechnen. Besonders die Überlebensfähigkeit (Tenazität) dieser deponierten Keime in der Stallumgebung unter verschiedenen Umweltbedingungen, die maximalen Transmissionsentfernungen, die Relevanz für Anwohner (Expositionsstudien) sowie gezielte Maßnahmen zur Emissionsminderung von laMRSA in Nutztierstallungen sind in diesem Zusammenhang von maßgeblicher Bedeutung und sollten Gegenstand zukünftiger Untersuchungen sein.

4. Verbundaktivitäten und Stellungnahme

Innerhalb der Projektlaufzeit fanden insgesamt 6 Verbund-Treffen unter Teilnahme von Vertretern der Projektbegleitenden Arbeitsgruppe (PAG) des BfR statt.

Die generierten Daten aller vier Teilprojekte wurden inzwischen in eine gemeinsame Datenbank integriert, die für die weitere Datenauswertung im Rahmen einer Risikoanalyse durch das BfR zur Verfügung steht. Ebenso werden diese Daten für die noch durchzuführende Ausbreitungsmodellierung für MRSA in der Umgebung von Nutztierställen zur Verfügung stehen.

Als Abschlussveranstaltung des Verbundvorhabens wurde am 22./23. Mai 2012 im BfR, Berlin das BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und Perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“ durchgeführt, im Rahmen dessen die Ergebnisse aller vier Teilprojekte dieses BMELV-Forschungsverbundes im Kontext mit den Ergebnissen der BMBF-Forschungsverbünde zu Antibiotika-Resistenzen MedVet-Staph und RESET vorgestellt und diskutiert wurden.

Darüber hinaus wurden die gewonnenen Ergebnisse bisher in folgenden Publikationen veröffentlicht bzw. im Rahmen von Tagungsbeiträgen präsentiert:

Bisher zum Projekt veröffentlichte Publikationen

Friese A., J. Schulz, L. Hoehle, A. Fetsch, B.-A. Tenhagen, J. Hartung, U. Roesler (2012): Occurrence of MRSA in air and housing environment of pig barns. *Vet. Microbiol.*, 158, 129-135.

J. Schulz, A. Friese, S. Klees, B.-A. Tenhagen, A. Fetsch, U. Rösler, J. Hartung (2012): Longitudinal Study of the Contamination of Air and of Soil Surfaces in the Vicinity of Pig Barns by Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*. *Appl. Environm. Microbiol.*, 78, 5666-5671.

A. Friese, J. Schulz, K. Zimmermann, B.-A. Tenhagen, A. Fetsch, J. Hartung, U. Roesler (2013): The occurrence of LA-MRSA in turkey and broiler barns and the contamination of air and soil surfaces in their vicinity. *Appl. Environm. Microbiol.*, in print, doi:10.1128/AEM.03939-12.

Bisher zum Projekt veröffentlichte Vorträge/Tagungsbandbeiträge

Schulz Jochen, Friese Anika, Meemken Diana, Roesler Uwe, Blaha Thomas, Hartung Jörg (2010): Efficiency of different sampling locations and methods to detect MRSA on pigs and in their housing environment. Proceedings of the 21st IPVS Congress, Vancouver, Canada, 123.

Friese Anika, Schulz Jochen, Höhle Laura, Fetsch Alexandra, Hartung Jörg, Roesler Uwe (2010): Occurrence of MRSA in Air and exhaust Air of Pig Barns. Proceedings of the 21st IPVS Congress, Vancouver, Canada, 955.

Roesler Uwe, Friese Anika, Höhle Laura, Fetsch A., Schulz J., Hartung, J., (2010): Vorkommen von MRSA in der Stallluft und Abluft von Tierhaltungen. Proc. der Tagung der Fachgruppe "Bakteriologie und Mykologie" der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft. Jena, 22.06. - 24. 06. 2010, S. 31, ISBN: 978-3-941703-70-4.

Friese, Anika; Schulz, Jochen; Höhle, Laura; Hartung, Jörg; Rösler, Uwe (2010): Ausbreitung von MRSA in der Luft und Abluft von Schweinehaltungen. Proc. der Tagung „Globalisierung und Epidemiologie: neue Herausforderung & neue Lösungen?!“ der Fachgruppe "Epidemiologie" der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft, 1.-3. September 2010, Leipzig, Deutschland/Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft, S. 13.

A. Friese; J. Schulz; L. Höhle; J. Hartung, U. Rösler (2011): MRSA in air of german breeding and fattening pig farms. Proc. XVth ISAH Congress 2011, Vienna, Austria, 515-517.

J. Schulz; A. Friese; U. Rösler; J. Hartung (2011): Detection of airborne MRSA in and around pig farms. MRSA in air of german breeding and fattening pig farms. Proc. XVth ISAH Congress 2011, Vienna, Austria, 523-524.

U. Rösler, A. Friese, J. Schulz, J. Hartung (2011): MRSA in der Luft und Abluft von Schweinehaltungen. Proc. 10. Tagung Baut, Technik und Umwelt in der Tierproduktion des KTBL, 27.-29. Okt. 2011, Kiel. 83-83.

U. Roesler (2012): Multiresistente Erreger in der Schweine- und Geflügelhaltung. Vortrag an der Veterinärmedizinischen Fakultät der Ludwig-Maximilian-Universität München am 11.01.2012

U. Roesler (2012): Der Blick auf MRSA und ESBL in Nutztierhaltungen und deren Umgebung. Vortrag an der Charité Berlin im Rahmen des Workshops „Menschen, Tiere, Resistenzen“ am 20.01.2012

Schulz, J., Hartung, J. (2010): MRSA in der Nutztierhaltung. Vortrag auf der Fachtagung „Der ABAS im Dialog mit der betrieblichen Praxis: Biologische Arbeitsstoffe – Gefährdungsbeurteilung und Schutzmaßnahmen“, am 01.12.2010 im Institut für Arbeitsschutz der Deutschen Gesetzlichen Unfallversicherung in Dresden.

Schulz, J., Friese, A., Rösler, U., Hartung, J. (2011): MRSA in der Stall- und Abluft von Geflügelmastbetrieben- Untersuchungskonzept und erste Ergebnisse aus einem laufenden Verbundvorhaben. In: DVG Fachgruppe „Geflügelkrankheiten“- 79. Fachgespräch in Hannover am 4. und 5. 11. 2010, 35-38

Schulz, J., Friese, A., Rösler, U., Hartung, J. (2011): Detection of airborne MRSA in and around pig farms. In: Proceedings of the XVth ISAH Congress, Vienna, Austria, 3-7 July 2011, Vol. 1, 523-524

Schulz, J. Hartung J. (2011): MRSA in der Nutztierhaltung. Fachvortrag vor der Vertreterversammlung der Landwirtschaftlichen Sozialversicherung (LSV) in Hannover am 08.12.2011

Schulz, J. (2011): Bestimmung von MRSA in und außerhalb von Schweineställen. Vortrag im Seminar für Nutztierwissenschaften an der Fakultät für Agrarwissenschaften der Georg-August-Universität Göttingen am 19.12.2011

Blaha, T.; Ostmeier, M.; Brockers, B.; Meyer, L.; Fischer, S.; Heine, U.; Tegeler, R.; Meemken, D. (2010): Occurrence of MRSA in conventional and organic pig herds as well as in wild boars in Germany. In: D'Allaire, S.; Friendship, R. (Hrsg.): Proceedings of the 21st International Pig Veterinary Society Congress: IPVS 2010. Vol .1: oral presentations Vancouver, Canada, 18.-21.07.2010; S. 118.

Meemken, D.; Ostmeier, M.; Brockers, B.; Meyer, L.; Fischer, S.; Heine, U.; Werner, C.; Sundrum, A.; Tegeler, R.; Blaha, T. (2010): LaMRSA in conventional and organic pig herds in Germany. In: Nationale Forschungsplattform für Zoonosen = National Research Platform for Zoonoses (Hrsg.): National Symposium on Zoonoses Research 2010: programme and abstracts Berlin, 07.-08.10.2010; Berlin: TMF; S. 205.

Meemken, D.; Brockers, B.; Meyer, L.; Fischer, S.; Blaha, T. (2011): Cross-sectional study on the occurrence of MRSA as nasal colonizer in conventional German pig herds. In: Peltoniemi, O.; Heinonen, M. (Hrsg.): Proceeding of the 3rd European Symposium of Porcine Health Management 3rd European Symposium of Porcine Health Management, Espoo, Finland, 25.5.-27.5.2011; S. 115.

U. Rösler, A. Friese, J. Schulz, J. Hartung (2011): MRSA in der Luft und Abluft von Schweinehaltungen. Proc. 10. Tagung Baut, Technik und Umwelt in der Tierproduktion des KTBL, 27.-29. Okt. 2011, Kiel. 83-83.

Blaha, T.; Brockers, B.; Meyer, L.; Ostmeier, M.; Fischer, S.; Meemken, D. (2012): MRSA in konventionellen Schweinebeständen – longitudinale Studien. Proc. BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und –perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“. Berlin, 22.-23.05.2012, 9.

Meemken, D., Heine, U., Sommer, H., Werner, C., Sundrum, A., Blaha, T. (2012): MRSA in ökologischen Schweinehaltungen. Proc. BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und –perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“. Berlin, 22.-23.05.2012, 11.

A. Friese, J. Schulz, J. Hartung, U. Rösler (2012): Aerogene MRSA in Nutztierställen und deren Umgebung. Proc. BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und –perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“. Berlin, 22.-23.05.2012, 13.

J. Schulz, A. Friese, D. Meemken, S. Klees, T. Blaha, U. Rösler, J. Hartung (2012): Wer sucht, der findet – Nachweis von MRSA in Nutztierbeständen. Proc. BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und –perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“. Berlin, 22.-23.05.2012.

U. Rösler, B. Beck, A. Friese, A. Fetsch (2012): Kolonisierungskinetik von laMRSA beim Schwein. Proc. BMELV-Symposium „Verbraucherschutz in DART: Forschungserkenntnisse und –perspektiven zu Antibiotikaresistenzen“. Berlin, 22.-23.05.2012, 18.

U. Rösler (2012): Einfluss von Tierhaltung und Tierhygiene auf den Antibiotikaeinsatz und daraus resultierende Minderungsstrategien. Proc. Interdisziplinäres Symposium Antibiotikaresistenz „Vom Wissen zum Handeln“, Erlangen, 19.-20. September 2012, Bayrisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, ISBN 978-3-942018-57-9, Seite 49-50.

A. Friese, C. von Salviati, H. Laube, J. Schulz, J. Hartung, U. Rösler (2012): Methicillin-resistente *S. aureus* (MRSA) und Extended-spectrum Beta-Laktamase (ESBL)-bildende *E. coli* in Schweine und Geflügelmastbeständen. Amtstierärztlicher Dienst, Sonderausgabe zur 53. Arbeitstagung des Arbeitsgebiets Lebensmittelhygiene der DVG vom 25. bis 28.09.2012 in Garmisch-Partenkirchen, ISSN 0945-3296, Seite 50.

Bisher zum Projekt veröffentlichte Dissertationen

Brockers, B. (2011): Untersuchung zum Vorkommen und zur Kolonisationsdynamik von Methicillinresistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) bei Schweinen in Mastbeständen in Nordwestdeutschland und Ostdeutschland. Diss., Tierärztliche Hochschule Hannover

Meyer, L. (2011): Untersuchung zum Vorkommen und zur Kolonisationsdynamik von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) bei Schweinen in Zuchtbeständen in Nordwestdeutschland. Diss., Tierärztliche Hochschule Hannover

Fischer, S. (2011): Untersuchungen zur Intraherdenprävalenz von methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) in Schweinebeständen in Süddeutschland. Diss., Tierärztliche Hochschule Hannover

Stellungnahme

Die hervorragende und überaus konstruktive Zusammenarbeit aller im Verbund beteiligten Projektpartner ermöglichte eine reibungslose Verbund-Koordination sowie den vorliegenden, erreichten Endstand des Verbundvorhabens, bei dem die Aufgaben aller Teilprojekte sämtlich erfüllt wurden und der wichtige neue Erkenntnisse für die Bewertung der MRSA-Problematik bei Nutztieren liefert.

Berlin, 30. März 2012; aktualisiert am 26. Februar 2013



Prof. Dr. Uwe Rösler