



Ein Beitrag zur Krankenhaushygiene

spa-Typisierung von MRSA

Fallbericht

Auf zwei Stationen einer Kinderklinik wurde MRSA innerhalb einer Woche bei drei Patienten sowie der Mutter von einem der Patienten nachgewiesen. Mutter und Kind trugen – erwartungsgemäß – denselben spa-Typ, während die anderen beiden Fälle unabhängige Infektionsereignisse (t003 bzw. t045) darstellten. Interessanterweise tritt der bei der Mutter beobachtete Typ t1456 auch bei Geflügel auf, was aufgrund ihrer Berufsanamnese auf die Infektionsquelle schließen ließ.

Da der multiresistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) bei Krankenhausinfektionen weiterhin eine dominierende Rolle spielt, wurden verschiedene Methoden zur Typisierung des Keims entwickelt. Dazu gehört auch die „spa-Typisierung“, die auf der Analyse von Wiederholungssequenzen im Gen für das *staphylococcal protein A* (spa) beruht [1, 2]. Sie ist schnell, überaus akkurat, reproduzierbar und portabel und erfüllt somit wesentliche Voraussetzungen einer modernen Typisierungsmethode.

Die Auswertung erfolgt heute automatisiert durch kommerziell verfügbare Softwarepakete wie *Ridom StaphType* oder *BioNumerics*. Neue spa-Typen ordnet man durch Synchronisierung mit einer im Internet verfügbaren Datenbank zu. Sie wird u. a. vom Labornetzwerk *SeqNet.org* gespeist und enthält annähernd 9.000 spa-Typen und über 100.000 Datensätze [3].

Für populationsbiologische Fragestellungen ist das Verfahren allerdings nicht geeignet, denn als Einzellokustypisierung ist es für Homoplasien anfällig (d. h. für unabhängige Ausprägungen gleicher Merkmale durch konvergente Evolution).

Zur molekularen Epidemiologie im Krankenhaus wird ferner kritisch angemerkt, dass einzelne spa-Typen in einer Klinik zum Teil 40 Prozent aller Isolate ausmachen, die Pseudo-Ausbrüche suggerieren können.

Aus lokaler krankenhaushygienischer Sicht kann man den Einfluss dominanter spa-Typen allerdings vernachlässigen, da die epidemiologische Bewertung in der Krankenhaushygiene immer im Kontext von Raum und Zeit und unter Einbeziehung zusätzlicher Informationen wie Liegedauer und Verlegungsgeschichte der Patienten erfolgt. Mellmann et al. konnten zeigen, dass die computergestützte Identifikation von MRSA-Häufungen auf der Basis von spa-Typisierungsergebnissen zudem hochsensitiv ist [4]. So unterstützt die spa-Typisierung nach unserer Erfahrung erfolgreich Entscheidungen bezüglich Personalscreening oder Forcierung von Hygienemaßnahmen auf Stationen und hat sich am Universitätsklinikum Würzburg in den letzten acht Jahren als ein wesentliches Werkzeug der MRSA-Kontrolle etabliert. 🌸

Prof. Dr. Ulrich Vogel
Universität Würzburg

Institut für Hygiene und Mikrobiologie

Literatur

1. Harmsen D et al. J Clin Microbiol 2003
2. Frénay HM et al. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 1996, 15:60-4.
3. Friedrich AW et al. Euro Surveill. 2006, 11:E060112.4.
4. Mellmann A et al. PLoS Med. 2006, 3:e33

Next Generation Sequencing

Neue Einblicke ins EHEC-Genom

Derzeit grassiert EHEC (enterohämorrhagische Escherichia coli) vor allem in Deutschland. Der Stamm vom Serotyp O104:H4 hat Experten durch seine Aggressivität und schnelle Ausbreitung überrascht. Weltweit arbeiten Wissenschaftler und Gesundheitsexperten fieberhaft an der Charakterisierung und suchen nach neuen, effektiveren Behandlungsmöglichkeiten.

Zwei Erfolge konnten nun dank der Technologien von Roche Applied Science erzielt werden. In Rekordzeit haben Forscher der britischen Gesundheitsbehörde HPA (*Health Protection Agency*) nach Auftreten der ersten EHEC-Fälle in Großbritannien das Genom mit Hilfe des *GS Junior Benchtop* Systems entschlüsselt.

Zeitgleich dazu gelang es deutschen Forschern vom Göttinger Genomics Laboratory, zwei Proben des Stammes auf dem *GSFLX* System zu sequenzieren. Das zugehörige Peer-reviewed Paper wurde in Rekordzeit erstellt: in einer Woche von der verfügbaren Probe bis zur akzeptierten Publikation. Die lange Leseweite des *GS Junior* Systems ermöglicht es, Daten zu generieren, die der Wissenschaft ein deutlich zuverlässigeres und vollständigeres Referenzgenom liefern als fragmentierte Short-Read Daten mit ihrem limitierten Informationsgehalt leisten können.



GS Junior Benchtop

Dr. Monika Mölders
Roche Diagnostics GmbH
monika.moelders@roche.com