

Arch Lebensmittelhyg 64,
128–135 (2013)
DOI 10.2376/0003-925X-64-128

© M. & H. Schaper GmbH & Co.
ISSN 0003-925X

Korrespondenzadresse:
Volker.kroemker@hs-hannover.de

Zusammenfassung

Summary

¹Fakultät II – Maschinenbau und Bioverfahrenstechnik, Abteilung Mikrobiologie, Hochschule Hannover, ²Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, Universität Rostock

Zur Bedeutung von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* in der Milcherzeugung

Importance of methicillin-resistant Staphylococcus aureus in dairy production

Claudia Zinke^{1,2}, Elmar Mohr², Volker Krömker¹)

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) sind weltweit als Infektionserreger bei Menschen und Tieren bekannt. Die Stämme weisen neben einer genetisch erworbenen Methicillinresistenz häufig auch Multiresistenzen gegenüber anderen Antibiotikaklassen auf, wodurch die Therapie dieser Erreger eingeschränkt wird. Studien belegen, dass Heim- und Nutztiere ein Reservoir für MRSA humanen Ursprungs darstellen und zur Übertragung dieser Erreger auf Menschen beitragen können. In den letzten Jahren hat ein neuer MRSA-Klon, der sogenannte livestock-associated MRSA (laMRSA) ST398, an Bedeutung gewonnen. Durch den Umgang mit besiedelten Tieren besteht bei Personen mit beruflicher Exposition ein signifikantes Risiko für die MRSA-Kolonisierung. Umfassende Daten zur Prävalenz von ST398, mit zum Teil hohen Nachweisraten, liegen bereits aus dem Bereich der Schweinehaltung vor. Studien weisen darauf hin, dass der MRSA-Klon übergreifend auch im Bereich der Milcherzeugung bei Rindern vorzufinden ist. Die vorliegende Literaturarbeit soll einen Überblick über die Prävalenz von MRSA in Rohmilch und Milchprodukten geben.

Schlüsselwörter: MRSA, ST398, Mastitis, Milcherzeugnisse

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) is an important agent causing infections in humans and animals. Due to limited options of treatment, MRSA infections turn out to be a high risk to human and animal health because strains exhibit resistances to β -lactam antibiotics and other groups of antimicrobials. Several reports indicate that companion animals provide a reservoir for MRSA of human origin and transmission of these pathogens can contribute to others. Recently, a new MRSA clone, the so-called livestock-associated MRSA (laMRSA) ST398, with a high potential of transmission to humans in contact with infected animals, has gained importance. Comprehensive data about the prevalence of ST398 are available in pigs. At all stages of production high prevalence of this clone has been found by various studies. Published data describe that ST398 also occurs in dairy cattle. The present literature review is to provide an overview of the MRSA prevalence in raw milk and dairy products.

Keywords: MRSA, ST398, mastitis, dairy products

Einleitung – Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus*

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) sind weltweit als häufige nosokomiale Infektionserreger (hospital-acquired MRSA [haMRSA]) und als Ursache von Infektionserkrankungen in der Gesellschaft (community-acquired MRSA [caMRSA]) bekannt (Herold et al., 1998; Enright et al., 2002; Naimi et al., 2003). MRSA traten im humanmedizinischen Bereich erstmals 1961 kurz nach der Einführung des penicillinasefesten Antibiotikums Methicillin aus der Gruppe der β -Laktame, das als Therapeutikum gegen Penicillin-resistente *Staphylococcus* (*S.*) *aureus* verwendet wurde, auf (Johnson et al., 2005). Durch eingeschränkte Therapiemöglichkeiten stellen MRSA-Infektionen, deren Zahl in den letzten Jahren stark angestiegen ist (Johnson et al., 2005), ein hohes gesundheitliches Risiko für Menschen dar. Isolierte Stämme weisen neben einer Resistenz gegenüber β -Laktamantibiotika, wie Methicillin oder Oxacillin, häufig Multiresistenzen gegenüber anderen Antibiotikaklassen auf (Naimi et al., 2003; Johnson et al., 2005). Community-acquired MRSA unterscheiden sich in ihren phäno- und genotypischen Eigenschaften von auftretenden MRSA-Isolaten aus dem Gesundheitswesen. caMRSA sind fähig zur Bildung des Panton-Valentine-Leukozidin-Toxins (PVL) und weisen im Gegensatz zu haMRSA meist nur eine Resistenz gegenüber Methicillin und einem anderen Antibiotikum, wie z. B. Erythromycin auf (Okuma et al., 2002; Fey et al., 2003; Naimi et al., 2003; Vandenesch et al., 2003). Der klonale Ursprung von caMRSA-Stämmen ist bisher unklar. Eine mögliche Ursache für das Auftreten von caMRSA könnte der Gentransfer von Methicillin-resistenten, Koagulase-negativen Staphylokokken (MR-KNS) auf Methicillin-sensible *S.-aureus*-Stämme sein (Babier et al., 2010).

Die Methicillinresistenz von *S. aureus* wird durch ein spezifisches Penicillinbindeprotein (PBP2a) hervorgerufen, welches eine geringe Affinität zu allen β -Laktamantibiotika aufweist. Das PBP2a ist kodiert durch das *mecA*-Gen, welches in ein mobiles genetisches Element, das sogenannte „staphylococcal cassette chromosom *mec*“ (SCC*mec*), integriert ist. Der *ccr*-Gen-Komplex des SCC*mec* kodiert die Rekombinasen *ccrA* und *ccrB*, welche für das Ausschneiden und die Integration des Kassettenchromosoms in ein neues Genom und somit für die Übertragung auf Methicillin-sensible *S. aureus* verantwortlich sind (Katayama et al., 2000). Bisher wurden elf SCC*mec*-Typen beschrieben (www.sccmec.org, 2012), wobei haMRSA-Isolate vorwiegend die SCC*mec*-Typen I–III aufweisen, während bei caMRSA-Stämmen die SCC*mec*-Typen IV und V vorzufinden sind (Enright et al., 2002; Okuma et al., 2002; Ito et al., 2004).

Seit einigen Jahren treten vermehrt Berichte über das Vorkommen von MRSA bei Haus- und Nutztieren auf, die ein Reservoir für Humaninfektionen darstellen und zur Übertragung dieser Erreger auf Menschen beitragen können. Die Herkunft der bei Haustieren isolierten Stämme ist auf bekannte Isolate humanen Ursprungs zurückzuführen. Bei Nutztieren wurde 2005 ein neuer MRSA-Klon mit der Bezeichnung ST398 (livestock-associated MRSA, laMRSA) nachgewiesen (Loeffler et al., 2005; Weese et al., 2005; de Neeling et al., 2007; Nemati et al., 2008; Vicca et al., 2008; Spohr et al., 2011; Richter et al., 2012). Die Stämme sind im Gegensatz zu bekannten MRSA-Isolaten aus dem Gesundheitswesen und der

Gesellschaft mit der *Sma*I Pulsfeldgelelektrophorese nicht typisierbar ([NT-MRSA] Voss et al., 2005; Bens et al., 2006). Umfassende Daten zur Prävalenz von MRSA-ST398 liegen bereits im Bereich der Schweinehaltung vor. Hier wurden auf allen Produktionsstufen, von der Zucht über die Schlachtung bis hin zu fertigen Fleischprodukten, Untersuchungen durchgeführt und zum Teil hohe Nachweisraten dokumentiert (de Neeling et al., 2007; van Duiker et al., 2008; de Boer et al., 2009; Tenhagen et al., 2009; Dewaele et al., 2011). Untersuchungen zeigen ein bestehendes signifikantes Risiko für die MRSA-Kolonisierung von Personen mit beruflicher Exposition, wie Schweinehaltern und Veterinärmedizinern (Voss et al., 2005; van Loo et al., 2007; van Rijen et al., 2008; Moodley et al., 2008). Auch im Bereich der Milcherzeugung wurde sowohl vom Auftreten von MRSA humanen Ursprungs als auch von laMRSA in letzter Zeit berichtet. *S. aureus* ist ein häufiger Infektionserreger der Milchdrüse beim Rind. Natürliche Reservoirs des Erregers beim Rind sind Läsionen der Zitzenhaut und des Zitzenkanals. Eine Übertragung von Tier zu Tier findet überwiegend während des Melkens durch kontaminierte Melkgerätschaften oder über die Hände der Melker statt (Krömker, 2007). Die vorliegende Literaturarbeit soll einen Überblick über die Prävalenz von MRSA bei Tieren im Bereich der Milcherzeugung sowie über bekannte Informationen zum Vorkommen von MRSA in Rohmilch und Milcherzeugnissen geben.

Bedeutung von MRSA in der Milchviehhaltung

Prävalenzstudien zum Vorkommen von MRSA in Milchviehbetrieben gibt es bisher nur vereinzelt. Haran et al. (2011) isolierten aus 150 Herdensammelmilchen von 50 Betrieben in einem Zeitraum von neun Monaten zwei *mecA*-positive *S.-aureus*-Stämme. Die MRSA-Isolate stammten aus zwei unterschiedlichen Betrieben. Mittels Multilocus-Sequenz-Typisierung (MLST) und *spa*-Typisierung konnten die Stämme der klonalen Linien ST8 *spa* t121 SCC*mec* IV und ST5 zugeordnet werden, welche bereits als caMRSA USA300 und haMRSA USA100 aus dem Gesundheitswesen und der Gesellschaft bekannt sind. Das Vorkommen dieser Erreger in den untersuchten Herdensammelmilchen könnte auf eine Übertragung der Stämme durch kolonisierte Personen auf Tiere in den betroffenen Betrieben zurückzuführen sein. Virgin et al. (2009) und Huber et al. (2010) konnten in keiner der von ihnen untersuchten Herdensammelmilchen MRSA nachweisen.

Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA bei Milchrindern fanden bisher überwiegend innerhalb von ausgewählten Herden, in denen zuvor Einzelfälle von durch MRSA verursachten subklinischen oder klinischen Mastitiden auftraten, statt. Diese zeigen, dass der vorwiegend bei Schweinen isolierte MRSA-Stamm ST398 übergreifend auch im Bereich der Milcherzeugung als Erreger von Mastitiden vorzufinden ist und Rinder darüber hinaus auch ein Reservoir für MRSA humanen Ursprungs darstellen können (Tab. 1). Vicca et al. (2008) wiesen eine laMRSA-Prävalenz von bis zu 14 % aller laktierenden Tiere innerhalb fünf untersuchter Herden nach. Einzeltiere mit subklinischen oder klinischen Mastitiden aus den Herden wurden zuvor bei Kontrolluntersuchungen MRSA-positiv getestet. Bei den isolierten Stämmen handelte es sich um

TABELLE 1: Publikationen zu Untersuchungen von MRSA in Milchviehbetrieben.

Untersuchungs- zeitraum	Land	Anzahl unter- suchter Proben	Ergebnisse	Referenzen
1997–2004	Korea	153 Betriebe, 3047 Proben aus Herden mit > 200 000 somatische Zellen/ml in Herdensammelmilchen	<i>S.-aureus</i> -positiv: 27,4 % (835/3047) MRSA-positiv: 1,5 % (13/835) → Klonale Zuordnung: nicht untersucht	Moon et al. (2007)
1999, 2000, 2003	Korea	2555 Betriebe, 75 335 Viertelgemelksproben, 9055 Proben mit > 500 000 somatische Zellen/ml	MRSA-positiv: 0,18 % (15/9055) → Klonale Zuordnung: n= 14: ST5 SCCmec-Typ IV, PVL-positiv; n= 1: ST80	Kwon et al. (2005)
1999–2005	Japan	260 Betriebe, n= 359 <i>S.-aureus</i> -Isolate, methicillin-sensibel, n= 4 MRSA-Isolate	→ Klonale Zuordnung: n= 1 ST5 spa t002 SCCmec-Typ II; n= 2 ST5 spa t375; n= 1 ST 89 spa t5266 SCCmec IIIa (als humaner Ursprung bekannt)	Hata et al. (2010)
2001–2003	Korea	894 Milchproben	<i>S.-aureus</i> -positiv: 29,6 % (265/894) MRSA-positiv: 1,3 % (12/894) → Klonale Zuordnung: nicht untersucht	Lee (2003)
2002–2004	Ungarn	1 Betrieb, 595 Milchproben von subklinisch erkrankten Milchkühen, Abstriche von Personal (n= 12)	Nachweis in Milchproben: <i>S.-aureus</i> -positiv: 63 % (375/595); MRSA-positiv: 7,2 % (27/375) Nachweis in Abstrichproben: <i>S.-aureus</i> -positiv: 25 % (3/12); MRSA-positiv: 33 % (1/3) → Klonale Zuordnung: ST1 spa t127	Juhász-Kaszanyitzky et al. (2007)
2002–2006	Türkei	16 MRSA von Mastitisfällen	→ Klonale Zuordnung: n= 2 ST8 spa t190 SCCmec-Typ IV; n= 14 ST239 spa t030 SCCmec-Typ III (als haMRSA bekannt)	Türkyilmaz et al. (2010)
2006	Belgien, Niederlande	5 Betriebe	MRSA-Prävalenz innerhalb der Herden: 9,5 %, 14,3 %, 7,4 %, 3,9 %, 0 % → Klonale Zuordnung: ST398 spa t011	Vicca et al. (2008)
2006–2007	Belgien	118 Betriebe, 118 <i>S.-aureus</i> -Stämme von subklinischen und klinischen Mastitisfällen 4 Betriebe (Prävalenzuntersuchungen)	MRSA-positiv: 9,3 % (11/118); MRSA-Prävalenz innerhalb der Herden: 6,3 %, 7,4 %, 3,9 %, 0 % → Klonale Zuordnung: ST398 spa t011 SCCmec-Typ IV, ST398 spa t011 SCCmec-Typ V; ST398 spa t567	Vanderhaegen et al. (2010)
2007 und früher	Deutschland, Schweiz	128 <i>S.-aureus</i> -Isolate aus Milchproben	n= 2 MRSA → Klonale Zuordnung: n= 1 ST398 spa t034 n= 1 CC8 spa t068 (humaner Ursprung)	Monecke et al. (2007)
2007	USA	17 Staaten (2007) 542 Herdensammelmilchen	MRSA nicht nachweisbar	Virgin et al. (2009)
2007–2008	Frankreich	139 <i>S.-aureus</i> -Isolate von 15 Laboren aus Milchproben von Mastitiden	MRSA-positiv: n= 1 → Klonale Zuordnung: ST5 spa t002 (humaner Ursprung)	Haenni et al. (2011)
2007–2009	Schweiz	133 Betriebe, 500 <i>S.-aureus</i> -Isolate von subklinischen und klinischen Mastitisfällen	MRSA-positive Betriebe n= 3 → n= 6 MRSA-Isolate von Milchkühen → n= 2 MRSA-Isolate von Landwirten → Klonale Zuordnung: ST398	Sakwinska et al. (2011)
2008	Deutschland	3 Betriebe, Viertelgemelksproben, Herdensammelmilchen, Nasale Abstriche von Personal, Kühen, Kälbern, Umgebung (Stallstäube von Schweineställen)	1. Untersuchung: MRSA-Prävalenz innerhalb der Herden: 5,1–16,7 % 2. Untersuchung: MRSA-Prävalenz innerhalb der Herden: 1,4–10,0 % MRSA-positiv: Herdensammelmilchen: 100 % (3/3) Abstrich Personal: n= 7/9; Abstrich Kühe: n= 7/15 Abstrich Kälber: n= 4/7; Umgebung: n= 4/5 → Klonale Zuordnung: ST398 spa t011 SCCmec-Typ V	Spohr et al. (2011)
2008–2009	Deutschland	17 Betriebe	25 MRSA-Isolate von Mastitisfällen 2 MRSA-Isolate von Betriebspersonal → Klonale Zuordnung: Nicht typisierbar mit PFGE Smal spa t011 (n= 23); spa t034 (n= 3); spa t2576 (n= 1) SCCmec-Typen (IV und V) MRSA-Isolate vom Farmpersonal identisch mit Isolat aus Mastitisvierteln in den Betrieben	Feßler et al. (2010)
2009	Schweiz	142 <i>S.-aureus</i> -Stämme von klinischen Mastitiden, 100 Herdensammelmilchen	MRSA-positiv: 1,4 % (2/142) → Klonale Zuordnung: ST398 spa t011 SCCmec-Typ V; MRSA in Herdensammelmilchen nicht nachweisbar	Huber et al. (2010)
2009	USA	50 Betriebe, 3 Probenahme (Frühjahr, Sommer, Herbst), 150 Herdensammelmilchen	<i>S.-aureus</i> -positiv: 62,0 % (93/150); MRSA-positiv: 1,3 % (2/150); Prävalenz <i>S.-aureus</i> -positive Betriebe: 84,0 % (42/50); Prävalenz MRSA-positive Betriebe: 4,0 % (2/50) → Klonale Zuordnung: ST 8 spa t121 SCCmec IV (caMRSA USA300); ST 5 (eng verwandt mit haMRSA USA100)	Haran et al. (2011)
2009–2010	Deutschland	36 MRSA-Isolate aus Herdensammelmilchen	→ Klonale Zuordnung: n= 22 spa t011; n= 14 spa t034 n= 33 SCCmec-Typ V; n= 1 SCCmec-Typ Iva; n= 1 SCCmec-Typ III	Kreusukon et al. (2012)
2011	Indien	107 <i>S.-aureus</i> -Isolate von 195 Mastitisvierteln	MRSA-positiv: 13,1 % (14/107) → Klonale Zuordnung: nicht untersucht	Kumar et al. (2011)
2012	Italien	1 Betrieb, 1 Tier (Mastitis vr, hr)	→ Klonale Zuordnung: ST1 spa t127	Pilla et al. (2012)

den MRSA-Klon ST398 *spa* t011, der bereits im Bereich der Schweinehaltung, beim Geflügel und bei Personen mit beruflicher Exposition zu betroffenen Tierarten isoliert wurde (de Neeling et al., 2007; Nemati et al., 2008; van Duijkere et al., 2008; Tenhagen et al., 2009). Vanderhaeghen et al. (2010) konnten bei 9,3 % an *S.-aureus*-Mastitis erkrankten Eutervierteln von Milchkühen ST398 als Erreger identifizieren. Insgesamt wurden hierbei 118 Stämme aus 118 Betrieben untersucht. Die MRSA-Prävalenz innerhalb von vier der zuvor positiv getesteten Betriebe variierte zwischen 0 % und 7,4 %. Diese MRSA-Isolate konnten den *spa*-Typen t011 und t567 zugeordnet werden. In drei süd-deutschen Betrieben wurde auf Herdenebene eine MRSA-Prävalenz von 5,1–16,7 % aller Kühe festgestellt. In allen drei Betrieben waren in den untersuchten Herdensammel-milchproben MRSA nachweisbar (Spohr et al., 2011). Die isolierten Stämme aus den drei Betrieben wurden als ST398 *spa* t011 identifiziert und zeigten Resistenzen gegenüber Tetracyklinen. Zusätzlich waren 69 % bzw. 54 % der untersuchten Stämme resistent gegenüber Erythromycin bzw. Enrofloxacin. Weitere Untersuchungen von Scheiden-, Zitzenkanal- und Nasenabstrichproben von Kühen, nasalen Abstrichproben vom Farmpersonal sowie Staubproben angeschlossener Schweineställe in einem der betroffenen Betriebe zeigten, dass ST398 *spa* t011 auch auf Schleimhäuten der Nase und der Scheide von Rindern sowie bei beruflich exponierten Personen auf den Nasenschleimhäuten und in den Stallstaubproben vorzufinden waren. Des Weiteren konnten in dem zweiten der drei untersuchten Betriebe MRSA-ST398 aus Abstrichproben aus den Nasen und dem Flotzmaul von Kälbern isoliert werden. Die Tiere wurden mit Vollmilch klinisch gesunder Tiere aus dem Betrieb gefüttert. Nasale Abstrichproben des Schweinehalters und dessen Frau waren ebenfalls laMRSA-positiv. ST398 *spa* t011 war auch der dominierende MRSA-Klon, isoliert aus Milchproben von Mastitisvierteln, in 17 deutschen Milchviehbetrieben in Bayern, Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen (Feßler et al., 2010). Weitere Stämme konnten den *spa*-Typen t034 und t2576 zugeordnet werden, welche auch bei Schweinen, Geflügel und Menschen detektiert wurden (de Neeling et al., 2007; Welinder-Olsson et al., 2008; Argudín et al., 2010; Richter et al., 2012; Köck et al., 2013). Insgesamt wurden 25 MRSA-Isolate untersucht. Daten über die Prävalenz von MRSA innerhalb dieser Herden wurden nicht erhoben.

Umfassende Untersuchungen in Korea zeigten eine MRSA-Prävalenz von 1,5 % (13/835) bei durch *S. aureus* verursachten Mastitiden. Insgesamt wurden 14 688 Viertelgemelksproben von 153 Betrieben über einen Zeitraum von fünf Jahren in die Untersuchungen einbezogen (Moon et al., 2007). Eine klonale Zuordnung der Stämme wurde nicht vorgenommen. Kwon et al. (2005) wiesen eine MRSA-Prävalenz von 0,18 % in 9055 Viertelgemelksproben mit einem somatischen Zellgehalt von > 500 000/ml nach. Insgesamt wurden 75 335 Viertelgemelksproben von über 2500 Betrieben in Korea herangezogen. Die Stämme wurden als ST5 SCC*mec*-Typ IV identifiziert, welche bereits in anderen Ländern aus dem Bereich des Gesundheitswesens bekannt sind. Rinder scheinen demnach auch ein Reservoir für weniger wirtsspezifische MRSA-Stämme humanen Ursprungs darzustellen. Eine Verbreitung von MRSA innerhalb einer Herde sowie die MRSA-Kolonisierung von Personen mit beruflicher Exposition, wie z. B. Betriebspersonal, Tierärzte sind demnach auch in der Milchproduktion nicht auszuschließen.

Bedeutung von laMRSA als Zoonoseerreger

Im Bereich der Schweinehaltung liegen zahlreiche Studien zur Übertragung von laMRSA auf Menschen vor. ST398 wurde bereits in mehreren europäischen Ländern im medizinischen Bereich bei Menschen isoliert (van Cleef et al., 2011). Berichte von klinischen Infektionen bei Menschen (Wulf et al., 2008 a; Yu et al., 2008; Aspiroz et al., 2010; Soavi et al., 2010) weisen auf ein zoonotisches Potenzial dieser Erreger hin. Das Auftreten von ST398 bei Personen scheint dabei mit der vorherrschenden Schweinedichte (van Loo et al., 2007; van Cleef et al., 2011) sowie der Dichte von Mastkälbern in den Regionen zu korrelieren (van Cleef et al., 2011).

Krzywanek et al. (2009) identifizierten 21 MRSA-Stämme als ST398 aus insgesamt 1098 untersuchten klinischen *S.-aureus*-Isolaten aus dem Bereich des Gesundheitswesens. Die Proben wurden in einem Zeitraum von 2006 bis 2008 von Laboren und/oder aus den Krankenhäusern in Österreich bezogen. Dabei stieg die Prävalenz von ST398 von 1,3 % (6/463) im Jahr 2006 auf 2,5 % (6/243) im Jahr 2008 (Januar-Mai) an. Während bei 16 ST398-positiv getesteten Patienten ein unmittelbarer Kontakt zu Nutztieren oder ein enger Kontakt zu exponierten Personen vorlag, hatten drei Patienten keinen direkten Kontakt zu Tieren. Wulf et al. (2008 a) berichten von einem MRSA-Ausbruch in einem Krankenhaus in den Niederlanden. Die Stämme konnten dem *spa*-Typ t567 zugeordnet werden, welcher bereits bei Schweinen isoliert wurde und der klonalen Linie ST398 zuzuordnen ist (Wulf et al., 2008 b). Keiner der Patienten hatte zuvor direkten Kontakt zu Nutztieren. Ein Eintrag dieses Erregers in das Krankenhaus könnte den Autoren zufolge durch eine Krankenschwester, welche keinen direkten Kontakt zu Schweinen hatte, jedoch auf einem Schweinebetrieb lebte, hervorgerufen worden sein.

Klinische Infektionen beim Menschen, verursacht durch ST398 im unmittelbaren Zusammenhang mit Kontakt zu infizierten Milchkühen, sind bisher nicht bekannt. Von MRSA-ST398-Kolonisierungen von Personen mit engem Kontakt zu infizierten Milchkühen wurde jedoch bereits berichtet (van Loo et al., 2007; Feßler et al., 2010; Spohr et al., 2011).

Bedeutung von MRSA in Milcherzeugnissen

Untersuchungen von MRSA in Lebensmitteln tierischen Ursprungs zeigen, dass diese auch in Lebensmitteln nachweisbar sind. De Boer et al. (2009) konnten jeweils in ca. 10 % der Rind- und Schweinefleisch-, 15 % der Kalbfleisch-, 16 % der Hähnchenfleisch- und 35 % der Putenfleischproben, die im Einzelhandel erhältlich waren, MRSA nachweisen. Dabei handelte es sich überwiegend um den bei Nutztieren gehäuft auftretenden MRSA-Stamm ST398. Zum Vorkommen von MRSA in Milchprodukten gibt es zurzeit wenige Informationen (Tab. 2). Crisetti et al. (2011) isolierten aus Milch und Milchprodukten 110 *S.-aureus*-Stämme; zwei (1,8 %) dieser Isolate wiesen das *mecA*-Gen auf. Normanno et al. (2005; 2007) untersuchten insgesamt 3097 Milch- und Milchproduktproben (437 Rohmilchen, 102 wärmebehandelte Milchen, 1578 Käse, 87 Weichkäse/Quark, 194 Ricottakäse, 350 Eiskremproben, 349 weitere Milchprodukte) auf *S.-aureus*- bzw. MRSA-Kontaminationen. In 641 Proben konnte *S. aureus* nachgewiesen werden. Bei Untersuchun-

TABELLE 2: Publikationen zu Untersuchungen von MRSA in Milchprodukten.

Untersuchungs- zeitraum	Land	Anzahl unter- suchter Proben	Ergebnisse	Referenzen
2003–2005	Italien	160 <i>S.-aureus</i> -Isolate von 1634 Proben (Milch, Milchprodukte, Fleisch, Fleischprodukte)	MRSA-positiv: 3,75 % (6/160) (4 Milchproben, 1 Pecorino, 1 Mozzarella)	Normanno et al. (2005, 2007)
2008–2009	Italien	Milchprodukte	<i>S.-aureus</i> -Stämme: 110 Stämme isoliert MRSA-positiv: 1,8 % (2/110)	Crisetti et al. (2011)
2009	Schweiz	Rohmilchkäse (n= 200)	MRSA nicht nachweisbar	Huber et al. (2010)
2010–2011	Iran	Rohmilch (n= 50), pasteurisierte Milch (n= 50) Butter (n= 50), Käse (n= 50)	<i>S.-aureus</i> -positiv: 23,5 % (47/200) MRSA-positiv: 2,0 % (4/200)	Mirzaei et al. (2011)
2011	Deutschland	Käse (n= 72)	<i>S.-aureus</i> -positiv: 5,5 % (4/72) MRSA nicht nachweisbar	Zinke et al. (2012)

gen zum Nachweis des *mecA*-Gens von 160 Isolaten wurden insgesamt sechs Stämme als MRSA identifiziert. Vier MRSA-Isolate stammten aus Rohmilchen sowie je ein Isolat aus Mozzarella bzw. Pecorino. Mirzaei et al. (2011) konnten in vier der insgesamt 200 untersuchten Milchen bzw. Milchprodukte MRSA nachweisen. Je zwei Stämme wurden dabei aus pasteurisierter Milch bzw. Käse isoliert. Eine klonale Zuordnung der MRSA-Isolate wurde in keiner der drei Studien vorgenommen. Der Nachweis von MRSA in wärmebehandelten Produkten könnte auf eine unzureichende Erhitzung oder auf Kontaminationen während der Handhabung dieser Produkte im weiteren Herstellungsprozess oder im Einzelhandel durch kolonisierte Personen hindeuten.

S. aureus ist als häufiger Infektionserreger der Milchdrüse beim Rind regelmäßig in der Herdensammelmilch nachweisbar (Olde Riekerink et al., 2006; Peles et al., 2007; Virgin et al., 2009). Die Pasteurisierung der Milch führt zu einem Absterben von *S. aureus*. Lebensmittelvergiftungen durch diese Erreger werden meist durch hitzestabile Staphylokokken-Enterotoxine hervorgerufen (Le Loir et al., 2003). Daher kann davon ausgegangen werden, dass MRSA in pasteurisierten Milcherzeugnissen keine bedeutende Rolle einnehmen. Rohmilchprodukte hingegen könnten ein größeres Risiko bergen. Jedoch gibt es noch keine sicheren Daten über das Vorkommen von MRSA in diesen Produkten. Bei Untersuchungen von Huber et al. (2010) und Zinke et al. (2012) zum Vorkommen von MRSA in Rohmilchkäseerzeugnissen waren MRSA nicht nachweisbar, jedoch konnten MRSA in Herdensammelmilchen bereits nachgewiesen werden (Spohr et al., 2011).

Inwiefern ein gesundheitliches Risiko für den Menschen durch den Verzehr von MRSA-kontaminierten Lebensmitteln tierischen Ursprungs besteht, ist zurzeit nicht abschätzbar. Das Bundesinstitut für Risikobewertung stuft in einer Stellungnahme (Nr. 014/2009) das gesundheitliche Risiko aufgrund der bisher geringen nachgewiesenen Erregerkonzentration in Produkten des Einzelhandels als gering ein, weist aber auf die möglichen Gefahrenquellen durch den Verzehr von Rohprodukten oder den Kontakt mit rohen Lebensmitteln während der Zubereitung hin. Bisher veröffentlichte Untersuchungen zu Lebensmittelvergiftungen durch MRSA weisen auf Kontaminationen dieser Lebensmittel durch Personen während der Verarbeitung/Zubereitung hin (Kluytmans et al., 1995; Jones et al., 2002). Dabei waren Milchprodukte nicht die übertragenden Vektoren.

Schlussfolgerung

Die Bedeutung von MRSA in der Milchviehhaltung und die daraus resultierende gesundheitliche Gefährdung des Menschen durch den Verzehr von Lebensmitteln sind aufgrund der bisher bekannten Daten nicht abschätzbar. Studien zeigen, dass Milchkühe ein Reservoir sowohl für laMRSA als auch für MRSA humanen Ursprungs darstellen können. Bei der überwiegenden Anzahl an Berichten handelt es sich um Fallberichte einzelner untersuchter Herden, wobei die Prävalenz infizierter Tiere in betroffenen Herden bis zu 16,0 % erreichte. Studien belegen, dass Veterinärmediziner mit unmittelbarem Kontakt zur Schweinehaltung ein signifikant höheres Risiko der laMRSA-Kolonisierung aufweisen als Personen, welche keinen Kontakt zur Nutztierhaltung haben. Ein Eintrag von laMRSA durch kolonisierte Personen mit beruflicher Exposition zu Schweinemastbetrieben in Milchviehherden ist daher nicht auszuschließen. Eine Verbreitung bzw. ein Eintrag von laMRSA in eine Herde ist auch durch den Verkauf bzw. Zukauf von infizierten, klinisch unauffälligen Kälbern bzw. Färsen denkbar. Um das Risiko des Eintrags von MRSA in eine Herde zu minimieren, könnten Nachweisuntersuchungen auf MRSA von Zukaufstieren durch z. B. nasale Tupferproben oder Zitzenkanalproben dieser Tiere beitragen.

Prävalenzstudien zum Vorkommen von MRSA bei Milchkühen liegen bisher nur aus wenigen Staaten vor. Umfassende Studien zur Bedeutung von MRSA als Mastitiserreger aus Korea weisen darauf hin, dass MRSA in Korea nur in einem geringen Umfang in Milchproben vorkamen. Die MRSA-Prävalenz lag dort bei bis zu 1,3 %. Einzelfallberichte weisen darauf hin, dass in Deutschland MRSA als Erreger subklinischer und klinischer Mastitiden bei Milchkühen vorkommen, jedoch sind weitere Informationen über die Prävalenz von MRSA in Milchviehbetrieben notwendig, um die Bedeutung dieser Erreger im Milchsektor abschätzen zu können. Ein regelmäßiges Screening von Herdensammelmilchproben oder Milchproben aus der Milchleistungsprüfung könnte einen Beitrag dazu leisten. Des Weiteren könnten Screening-Verfahren in Mastitidiagnostiklaboren von aus Milchproben isolierten *S.-aureus*-Erregern einen Beitrag zur schnellen Identifizierung von MRSA leisten. Mögliche Screening-Verfahren wären dabei der Nachweis des PBP2a's mittels Latexagglutinationstest oder die Verwendung von MRSA-Screening-Nährmedien. Tiere könnten somit identifiziert und aus der Milcherzeugung ausgeschlossen werden.

Literaturverzeichnis

- Argudín MA, Fetsch A, Tenhagen B-A, Hammerl JA, Hertwig S, Kowall J, Rodicio MR, Käsebohrer A, Helmuth R, Schroeter A, Mendoza MC, Bräunig J, Appel B, Guerra B (2010):** High heterogeneity within methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 isolates, defined by Cfr9I macrorestriction-pulsed-field gel electrophoresis profiles and *spa* and *SCCmec* types. *Appl Environ Microbiol* 76: 652–658.
- Aspiroz C, Lozano C, Vindel A, Lasarte JJ, Zarazaga M, Torres C (2010):** Skin lesion caused by ST398 and ST1 MRSA, Spain. *Emerg Infect Dis* 16: 157–159.
- Babier F, Ruppé E, Hernandez D, Lebeaux D, Francois P, Felix B, Desprez A, Maiga, A, Woerther P-L, Gaillard K, Jeanrot C, Wolff M, Schrenzel J, Andremont A, Ruimy R (2010):** Methicillin-resistant coagulase-negative staphylococci in the community: High homology of *SCCmec* IVa between *Staphylococcus epidermidis* and major clones of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J Infect Dis* 202: 270–281.
- Bens CCPM, Voss A, Klaassen CHW (2006):** Presence of a novel DNA methylation enzyme in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates associated with pig farming leads to uninterpretable results in standard pulsed-field gel electrophoresis analysis. *J Clin Microbiol* 44: 1875–1876.
- Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR):** Stellungnahme Nr. 014/2009 vom 15. März 2009: Menschen können sich über den Kontakt mit Nutztieren mit Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) infizieren. http://www.bfr.bund.de/cm/208/menschen_koennen_sich_ueber_den_kontakt_mit_nutztieren_mit_mrsa_infizieren.pdf
- Crisetti E, Cataleta A, Onni T, Cafiero MA, Tola S, La Salandra G (2011):** Occurrence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in dairy products of Apulia region Italy. Abstracts of the 21st European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID) (Milan), *Clin Microbiol Infect abstr.* 17, P899.
- de Boer E, Zwartkruis-Nahuis JTM, Wit B, Huijsdens XW, de Neeling AJ, Bosch T, van Oosterom RAA, Vila A, Heuvelink AE (2009):** Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in meat. *Int J Food Microbiol* 134: 52–56.
- de Neeling AJ, van den Broek MJ, Spalburg EC, van Santen-Verheul MG, Dam-Deisz WD, Boshuizen HC, van de Giessen AW, van Duijkeren E, Huijsdens XW (2007):** High prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pigs. *Vet Microbiol* 122: 366–372.
- Dewaale I, Messens W, De Man I, Delputte P, Herman L, Butaye P, Heyndrickx M, Rasschaert G (2011):** Sampling, prevalence and characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* on two Belgian pig farms. *Veterinary Science Development* 1: 1–6.
- Enright MC, Robinson DA, Randle G, Feil E, Grundmann H, Spratt BG (2002):** The evolutionary history of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *PNAS* 99: 7687–7692.
- Feßler A, Scott C, Kadlec K, Ehrlich R, Monecke S, Schwarz S (2010):** Characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 from cases of bovine mastitis. *J Antimicrob Chemother* 65: 619–625.
- Fey PD, Saïd-Salim B, Rupp ME, Hinrich SH, Boxrud DJ, Davis CC, Kreiswirth BN, Schlievert PM (2003):** Comparative molecular analysis of community- or hospital-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J Antimicrob Chemother* 47: 196–203.
- Haenni M, Galofaro L, Ponsin C, Bes M, Laurent F, Madec J-Y (2011):** Staphylococcal bovine mastitis in France: enterotoxins, resistance and the human Geraldine methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clone. *J Antimicrob Chemother* 66: 216–218.
- Haran KP, Godden SM, Boxrud D, Jawahir S, Bender JB, Sreevatsan S (2011):** Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus*, including methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, isolated from bulk tank milk from Minnesota dairy farms. *J Clin Microbiol* 50: 688–695.
- Hata E, Katsuda K, Kobayashi H, Uchida I, Tanaka K, Eguchi M (2010):** Genetic variation among *Staphylococcus aureus* strains from bovine milk and their relevance to methicillin-resistant isolates from humans. *J Clin Microbiol* 48: 2130–2139.
- Herold BC, Immergluck LC, Maranan MC, Lauderdale DS, Gaskin RE, Boyle-Vavra S, Leitch CD, Daum RS (1998):** Community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in children with no identified predisposing risk. *JAMA* 279: 593–598.
- Huber H, Koller S, Giezendanner N, Stephan R, Zweifel C (2010):** Prevalence and characteristics of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans in contact with farm animals, in livestock, and in food of animal origin, Switzerland, 2009. *Euro Surveill* 15.
- Ito T, Ma XX, Takeuchi F, Okuma K, Yuzawa H, Hiramatsu K (2004):** Novel type V staphylococcal cassette chromosome *mec* driven by a novel cassette chromosome recombinase, *ccrC*. *J Antimicrob Chemother* 48: 2637–2651.
- Johnson AP, Pearson A, Duckworth G (2005):** Surveillance and epidemiology of MRSA bacteraemia in the UK. *J Antimicrob Chemother* 56: 455–462.
- Jones TF, Kellum ME, Porter SS, Bell M, Schaffner W (2002):** An outbreak of community acquired foodborne illness caused by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Emerg Infect Dis* 8: 82–84.
- Juhász-Kaszanyitzky É, Jánosi S, Somogyi P, Dán A, van der Graaf-van Bloois L, van Duijkeren E, Wagenaar JA (2007):** MRSA transmission between cows and humans. *Emerg Infect Dis* 13: 630–632.
- Katayama Y, Ito T, Hiramatsu K (2000):** A new class of genetic element, staphylococcus cassette chromosome *mec*, encodes methicillin resistance in *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother* 44: 1549–1555.
- Kluytmans J, van Leeuwen W, Goessens W, Hollis R, Messer S, Herwaldt L, Bruining H, Heck M, Rost J, van Leeuwen N, van Belkum A, Verbrugh H (1995):** Food-initiated outbreak of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* analyzed by pheno- and genotyping. *J Clin Microbiol* 33: 1121–1128.
- Köck R, Schaumburg F, Mellmann A, Köksal M, Jurke A, Becker K, Friedrich AW (2013):** Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS One* 8: e55040
- Kreusokun K, Fetsch A, Kraushaar B, Alt K, Müller K, Krömker V, Zessin K-H, Käsebohrer A, Tenhagen B-A (2012):** Prevalence, antimicrobial resistance, and molecular characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from bulk tank milk of dairy herds. *J Dairy Sci* 95: 4382–4388.
- Krömker V (Hrsg.), Bruckmaier, R.M., Frister, H., Kützemeier, T., Rudzik, L., Sach, T., Zangerl, P. (2007):** Kurzes Lehrbuch Milchkunde und Milchhygiene. Parey, 1. Aufl. Stuttgart.
- Krzywanek K, Metz-Gercek S, Mittermayer H (2009):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 from human patients, Upper Austria. *Emerg Infect Dis* 15: 766–769.
- Kumar R, Yadav BR, Singh RS (2011):** Antibiotic resistance and pathogenicity factors in *Staphylococcus aureus* isolated from mastitic Sahiwal cattle. *J Biosci* 36: 175–188.
- Kwon NH, Kun KP, Moon JS, WK, KimSH, Kim JM, Hong SK, Koo HC, Joo YS, Park YH (2005):** Staphylococcal cassette chromosome *mec* (*SCCmec*) characterization and molecular analysis for methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and novel *SCCmec* subtype IVg isolated from bovine milk in Korea. *J Antimicrob Chemother* 56: 624–632.

- Lee JH (2003):** Methicillin (Oxacillin)-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from major food animals and their potential transmission to humans. *Appl Environ Microbiol* 69: 6489–6494.
- Le Loir Y, Baron F, Gautier M (2003):** *Staphylococcus aureus* and food poisoning. *Genet Mol Res* 2: 63–76.
- Loeffler A, Boag AK, Sung J, Lindsay JA, Guardabassi L, Dalsgaard A, Smith H, Stevens KB, Lloyd DH (2005):** Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among staff and pets in a small animal referral hospital in the UK. *J Antimicrob Chemother* 56: 692–697.
- Mirzaei H, Tofighi A, Sarabi HK, Farajli M (2011):** Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in raw milk and dairy products in Sarab by culture and PCR techniques. *JAVA* 10: 3107–3111.
- Monecke S, Kuhnert P, Hotzel H, Slickers P, Ehrlich R (2007):** Microarray based study on virulence-associated genes and resistance determinants of *Staphylococcus aureus* isolates from cattle. *Vet Microbiol* 125: 128–140.
- Moodley A, Nightingale EC, Stegger M, Nielsen SS, Skov RL, Guardabassi L (2008):** High risk for nasal carriage of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among Danish veterinary practitioners. *Scand J Work Environ Health* 34: 151–157.
- Moon J-S, Lee A-R, Kang H-M, Lee E-S, Kim M-N, Paik YH, Park YH, Joo Y-S, Koo HC (2007):** Phenotypic and genetic antibiogram of methicillin-resistant staphylococci isolated from bovine mastitis in Korea. *J Dairy Sci* 90: 1176–1185.
- Naimi TS, LeDell KH, Como-Sabetti K, Borchardt SM, Boxrud DJ, Etienne J, Johnson SK, Vandenesch F, Fridkin S, O'Boyle C, Danila RN, Lynfield R (2003):** Comparison of community and health care-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection. *JAMA* 290: 2976–2984.
- Nemati M, Hermans K, Lipinska U, Denis O, Deplano A, Struelens M, Devriese LA, Pasmans F, Haesebrouck F (2008):** Antimicrobial resistance of old and recent *Staphylococcus aureus* isolates from poultry: First detection of livestock-associated methicillin-resistant strain ST398. *Antimicrob Agents Chemother* 52: 3817–3819.
- Normanno G, Firinub A, Virgiliob S, Mulab G, Dambrosio A, Poggiub A, Decastellio L, Mionid R, Scuotae S, Bolzonif G, Di Giannataleg E, Salinettih AP, La Salandrai G, Bartolij M, Zucconb F, Pirinob T, Siasb S, Parisii A, Quagliaa NC, Celanoa GV (2005):** Coagulase-positive staphylococci and *Staphylococcus aureus* in food products marketed in Italy. *Int J Food Microbiol* 98: 73–79.
- Normanno G, Corrente M, La Salandra G, Dambrosio A, Quaglia NC, Parisi A, Greco G, Bellacicco AL, Virgilio S, Celano GV (2007):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in foods of animal origin product in Italy. *Int J Food Microbiol* 117: 219–222.
- Olde Riekerink RGM, Barkema W, Veenstra S, Poole DE, Dingwell RT, Keefe GP (2006):** Prevalence of contagious mastitis pathogens in bulk tank milk in Prince Edward Island. *Can Vet J* 47: 567–572.
- Okuma K, Iwakawa K, Turnidge JD, Grubb WB, Bell JM, O'Brien FG, Coombs GW, Pearman JW, Tenover FC, Kapi M, Tiensatorn C, Ito T, Hiramatsu K (2002):** Dissemination of new methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clones in the community. *J Clin Microbiol* 40: 4289–4294.
- Peles F, Wagner M, Varga L, Hein I, Rieck P, Gutser K, Keresztúri P, Kardos G, Turcsányi I, Béri B, Szabó A (2007):** Characterization of *Staphylococcus aureus* strains isolated from bovine milk in Hungary. *Int J Food Microbiol* 118: 186–193.
- Pilla R, Castiglioni V, Gelain ME, Scanziani E, Lorenzi V, Anjum M, Piccinini R (2012):** Long-term study of MRSA ST1, t127 mastitis in a dairy cow. *Vet Rec* 170: 312.
- Richter A, Sting R, Popp C, Rau J, Tenhagen B-A, Guerra B, Hafez HM, Fetsch A (2012):** Prevalence of types of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in turkey flocks and personnel attending the animals. *Epidemiol Infect* 140: 2223–2232.
- Sakwinska O, Giddey M, Moreillon M, Morisset D, Waldvogel A, Moreillon P (2011):** *Staphylococcus aureus* host range and human-bovine host shift. *Appl Environ Microbiol* 77: 5908–5915.
- Soavi L, Stellini R, Signorini L, Antonini B, Pedroni P, Zanetti L, Milanese B, Pantosti A, Matteelli A, Pan A, Giampiero Carosi G. (2010):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398, Italy. *Emerg Infect Dis* 16: 346–347.
- Spohr M, Rau J, Friedrich A, Klittich G, Fetsch A, Guerra B, Hammerl JA, Tenhagen B-A (2011):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in three dairy herds in Southwest Germany. *Zoonoses Public Health* 58: 252–261.
- Tenhagen B-A, Fetsch A, Stührenberg B, Schleuter G, Guerra B, Hammerl JA, Hertwig S, Kowall J, Kämpe U, Schroeter A, Bräunig J, Käsbohrer A, Appel B (2009):** Prevalence of MRSA types in slaughter pigs in different German abattoirs. *Vet Rec* 165: 589–593.
- Türkyilmaz S, Tekbiyik S, Oryasin E, Bozdoğan B (2010):** Molecular epidemiology and antimicrobial resistance mechanisms of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from bovine milk. *Zoonoses Public Health* 57: 197–203.
- van Cleef BAGL, Monnet DL, Voss A, Krziwanek K, Allerberger F, Struelens M, Zemlickova H, Skov RL, Vuopio-Varkila J, Cuny C, Friedrich AW, Spiliopoulou I, Pászti J, Hardardottir H, Rossney A, Pan A, Pantosti A, Borg M, Grundmann H, Mueller-Premru M, Olsson-Liljequist B, Widmer A, Harbarth S, Schweiger A, Unal S, Kluytmans JAJW (2011):** Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans, Europe. *Emerg Infect Dis* 17: 502–505.
- Vandenesch F, Naimi T, Enright MC, Lina G, Nimmo GR, Heffernan H, Liassine N, Bes M, Greenland T, Reverdy M-E, Etienne J (2003):** Community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carrying Panton-Valentine leukocidin genes: Worldwide emergence. *Emerg Infect Dis* 9: 978–984.
- Vanderhaeghen W, Cerpentier T, Adriaensen C, Vicca J, Hermans K, Butaye P (2010):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) ST398 associated with clinical and subclinical mastitis in Belgian cows. *Vet Microbiol* 144: 166–171.
- van Duijkeren E, Ikawaty R, Broekhuizen-Stins MJ, Jansen MD, Spalburg EC, de Neeling AJ, Allaart JG, van Nes A, Wagenaar JA, Fluit AC (2008):** Transmission of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains between different kinds of pig farms. *Vet Microbiol* 126: 383–389.
- van Loo I, Huijsdens X, Tiemersma E, de Neeling A, van de Sande-Bruinsma N, Beaujean D, Voss A, Kluytmans J (2007):** Emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* of animal origin in humans. *Emerg Infect Dis* 13: 1834–1839.
- van Rijen MML, van Keulen PH, Kluytmans JA (2008):** Increase in a Dutch hospital of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* related to animal farming. *Clin Infect Dis* 46: 261–263.
- Vicca J, Vanderhaeghen W, Cerpentier T, Butaye P (2008):** Prevalence at herd-level of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in milk samples of dairy herds. In: Mastitis control From science to practice: 71–75.
- Virgin JE, van Slyke TM, Lombard JE, Zadoks RN (2009):** Short communication: methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* detection in US bulk tank milk. *J Dairy Sci* 92:4988–4991.
- Voss A, Loeffen F, Bakker J, Klaassen C, Wulf M (2005):** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pig farming. *Emerg Infect Dis* 11: 1965–1966.

Weese JS, Archambault M, Willey BM, Dick H, Hearn P, Kreiswirth BN, Said-Salim B, McGeer A, Likhoshvay Y, Prescott JF, Low DE (2005): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in horses and horse personnel, 2000–2002. *Emerg Infect Dis* 11: 430–435.

Welinder-Olsson C, Florén-Johansson K, Larsson L, Öberg S, Karlsson L, Åhrén C (2008): Infection with Pantone-Valentine leukocidin-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* t034. *Emerg Infect Dis* 14: 1271–1272

Wulf M WH, A Markestein, FT van der Linden, A Voss, C Klaassen, CM Verduin (2008 a): First outbreak of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in a Dutch hospital, June 2007. *Euro Surveill* 13.

Wulf MWH, Sørum M, van Nes A, Skov R, Melchers WJG, Klaassen CHW, Voss A (2008 b): Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among veterinarians: an international study. *Clin Microbiol Infect* 14: 29–34.

Yu F, Chen Z, Liu C, Zhang X, Lin X, Chi S, Zhou T, Chen Z, Chen X (2008): Prevalence of *Staphylococcus aureus* carrying Pantone-Valentine leukocidin genes among isolates from hospitalized patients in China. *Clin Microbiol Infect* 14: 381–384.

Zinke C, Winter M, Mohr E, Krömker V (2012): Occurrence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in cheese produced in German farm-dairies. *AiM* 2: 629–633.

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Volker Krömker
Fak. II – Mikrobiologie
Hochschule Hannover
Heisterbergallee 12
30453 Hannover
Volker.kroemker@hs-hannover.de

Kontakte

Sie interessieren sich für ein Abonnement des „Archivs“?

Telefon (0 51 81) 80 02-50

Telefax (0 51 81) 80 02-55

E-Mail dieter.meyer@p-d-ges.de

Sie interessieren sich für Anzeigen- oder Beilagenwerbung?

Telefon (0 51 81) 80 02-53

Telefax (0 51 81) 80 02-55

E-Mail a.m.peter@p-d-ges.de



Presse Dienstleistungs-
gesellschaft mbH & Co. KG

Ravenstraße 45 · 31061 Alfeld (Leine)

Postfach 16 42 · 31046 Alfeld (Leine)

Telefon (0 51 81) 80 02-0

Telefax (0 51 81) 80 02-55

E-Mail info@p-d-ges.de