

BAVMAP

Bayernweites Monitoring von Antibiotikaresistenzen



Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Gesundheit

Historisches...

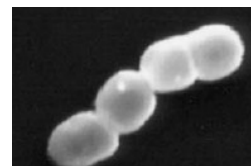
- „Murray-Kollektion“

- klinische Isolate
- aus „präantibiotischer Zeit“ (1917-1954)



keine Antibiotikaresistenz
Plasmide

- Umweltkeime



Antibiotikaresistenz
Plasmide

Permafrostboden

Psychrobacter psychrophilus

Material und Methode

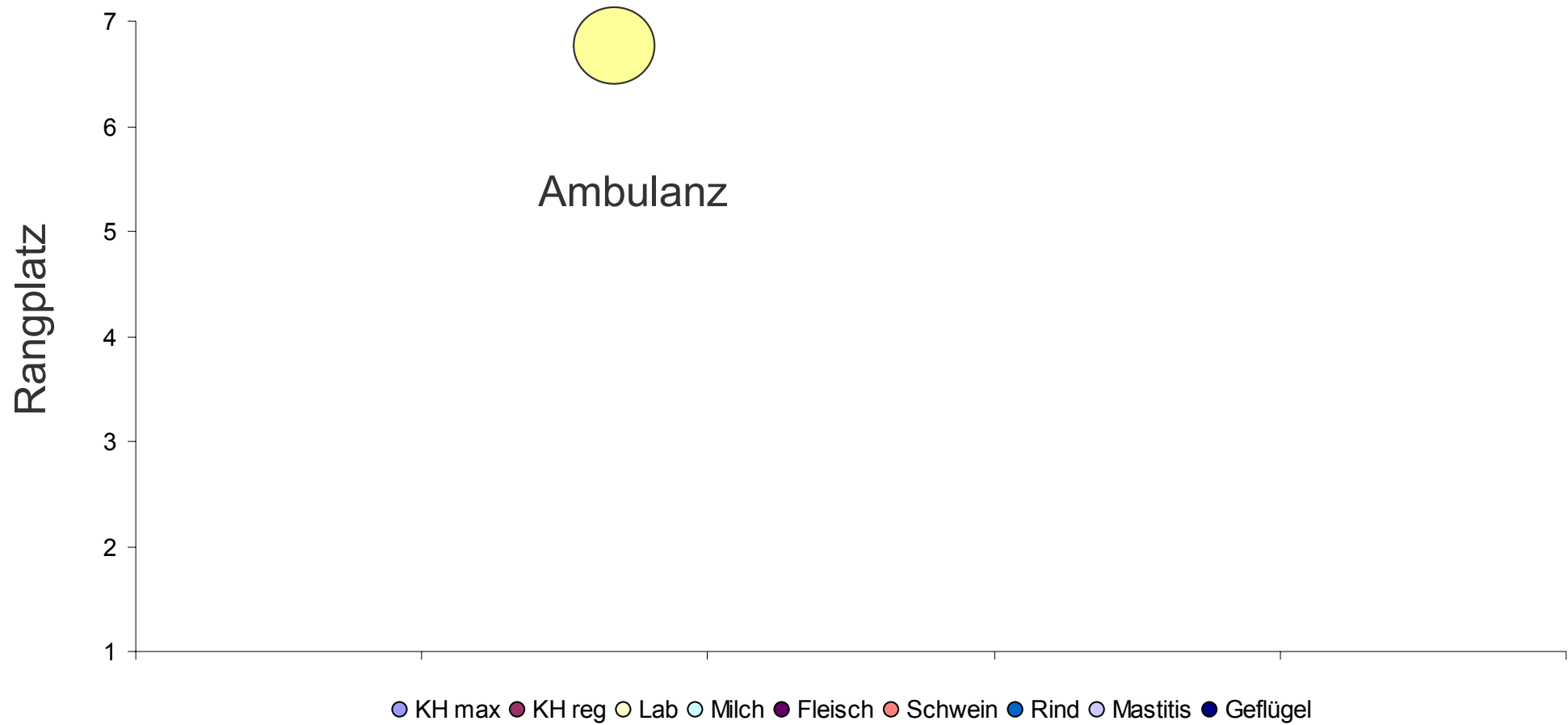
- „Module“: Mensch, Tier, Lebensmittel
 - Klinik (max / reg)
 - Ambulanz
 - Nutztier
 - Haustier
 - Fleisch (-produkte)
 - Milch (-produkte)
- Resistenztest
 - MHK-Werte mittels Mikrodilution
 - Humanrelevante Wirkstoffe
 - Veterinär-Standard-AB

Bakterienart / Serovar	Anzahl
<i>Escherichia coli</i>	3036
<i>Enterococcus faecalis</i>	2729
<i>Enterococcus faecium</i>	1015
<i>Staphylococcus aureus</i>	1547
<i>St. epidermidis</i>	554*
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	922
<i>Enterobacter cloacae</i>	313
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	375
<i>Klebsiella oxytoca</i>	255
<i>Campylobacter</i> spp.	585
<i>Salmonella</i> Enteritidis	503
<i>Salmonella</i> Typhimurium	179
<i>Bacillus cereus</i>	397
<i>Listeria monocytogenes</i>	100*
andere	ja

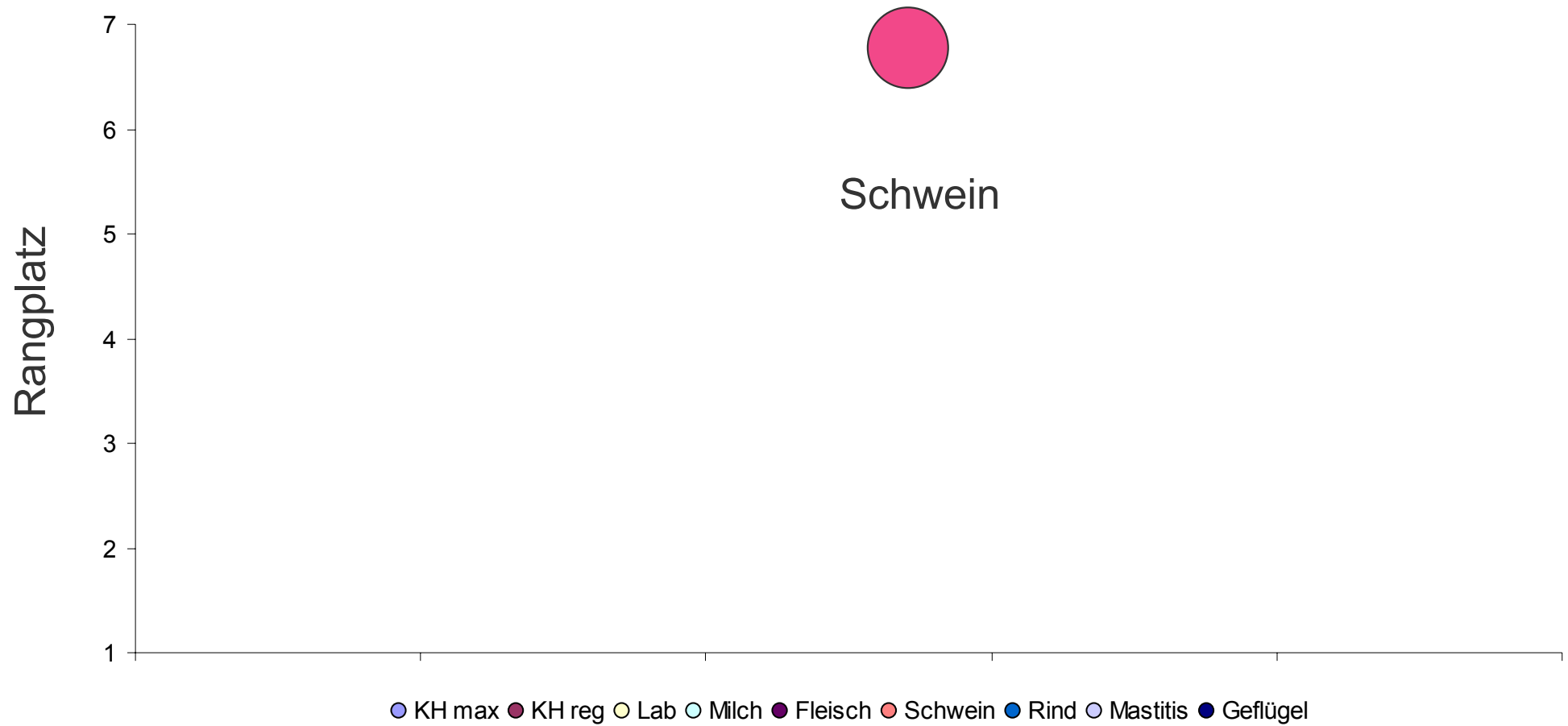
Karikatur...



Karikatur...



Karikatur...



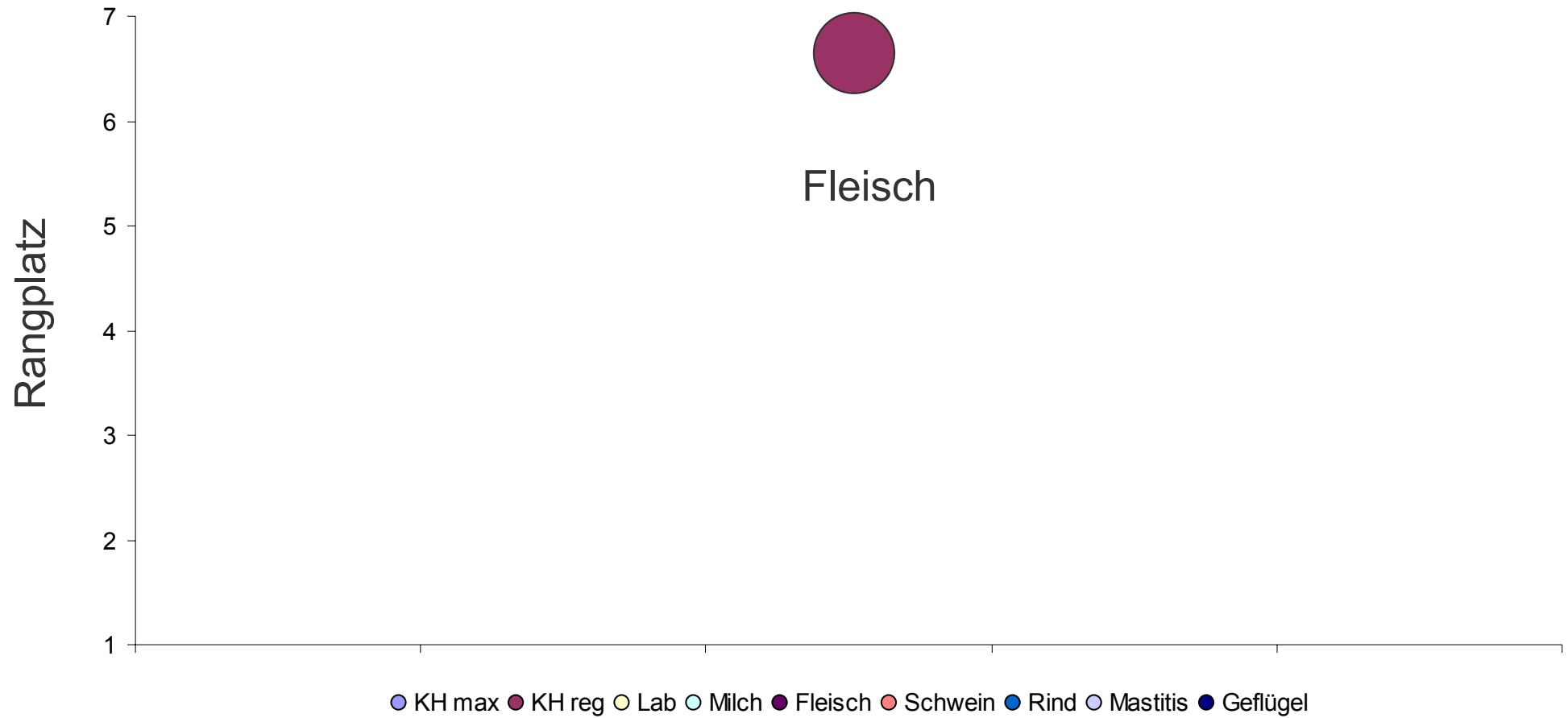
Karikatur...



Karikatur...



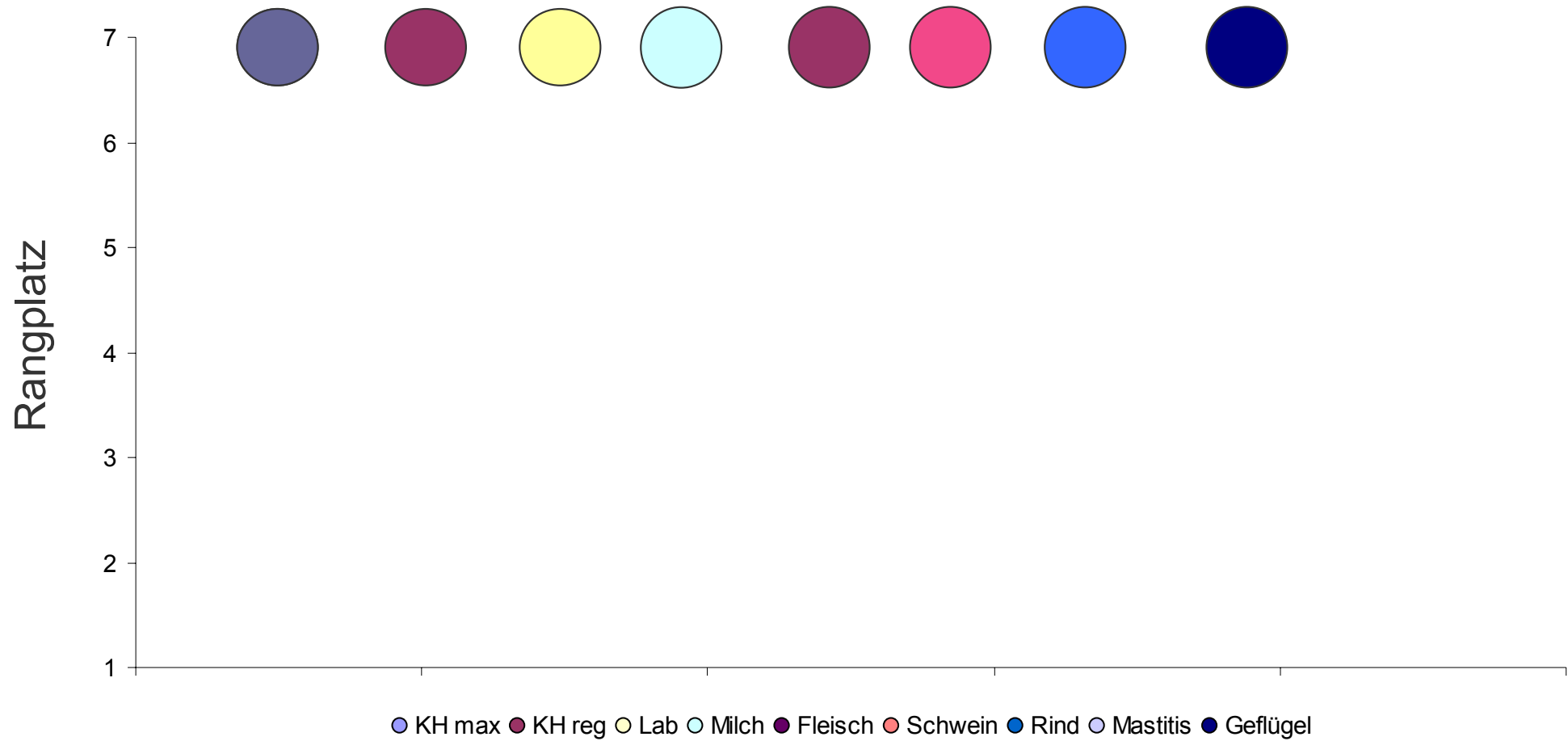
Karikatur...



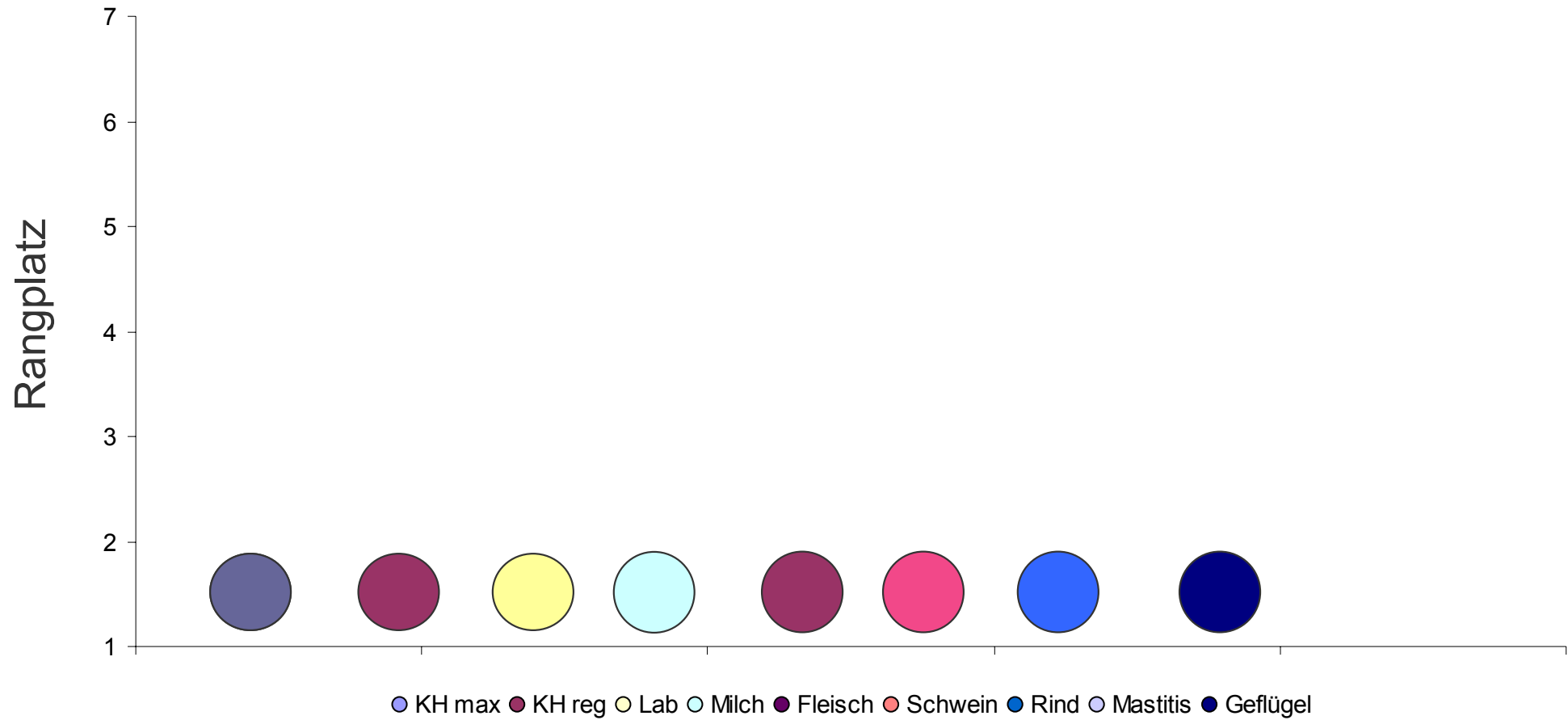
Karikatur...



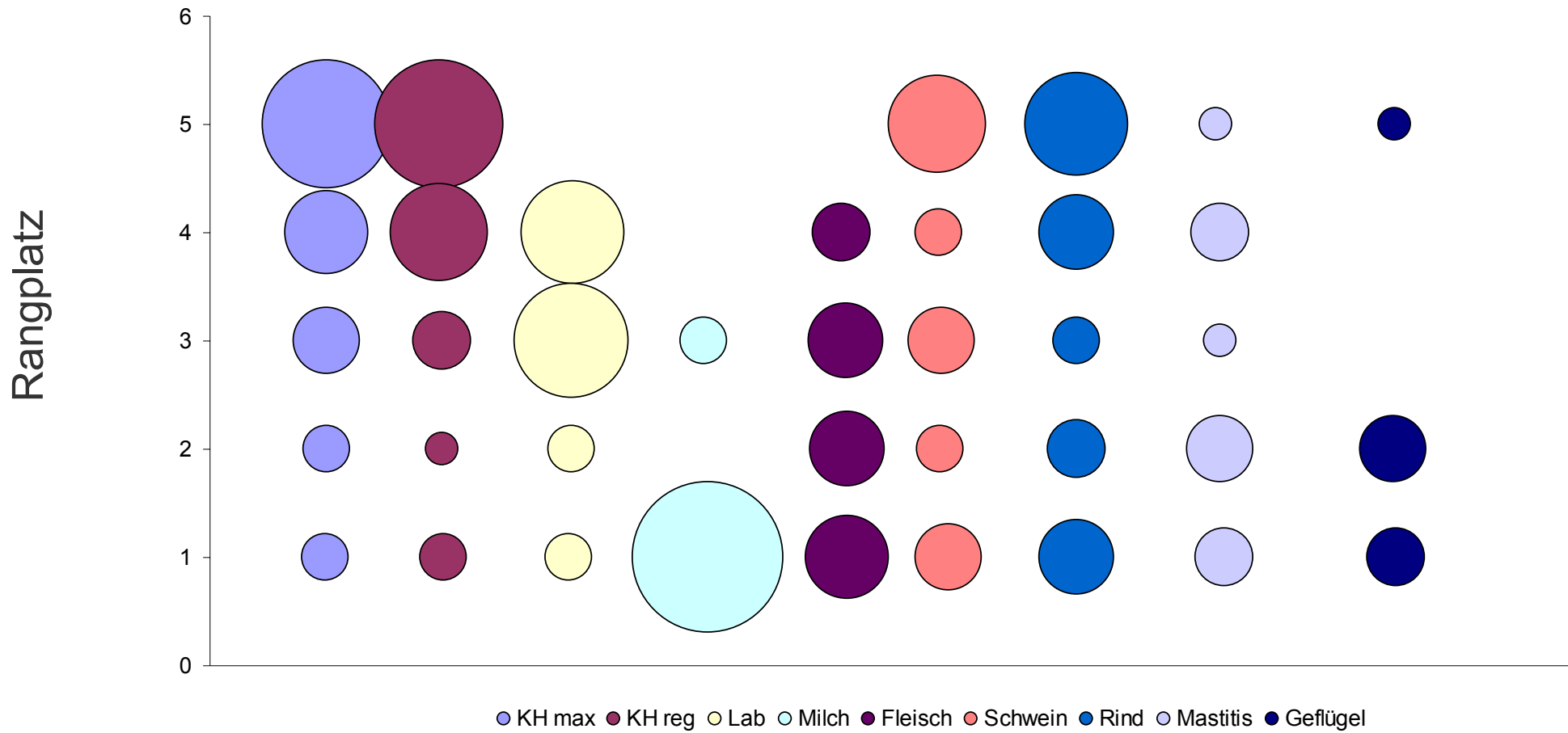
Karikatur...



...Utopie...

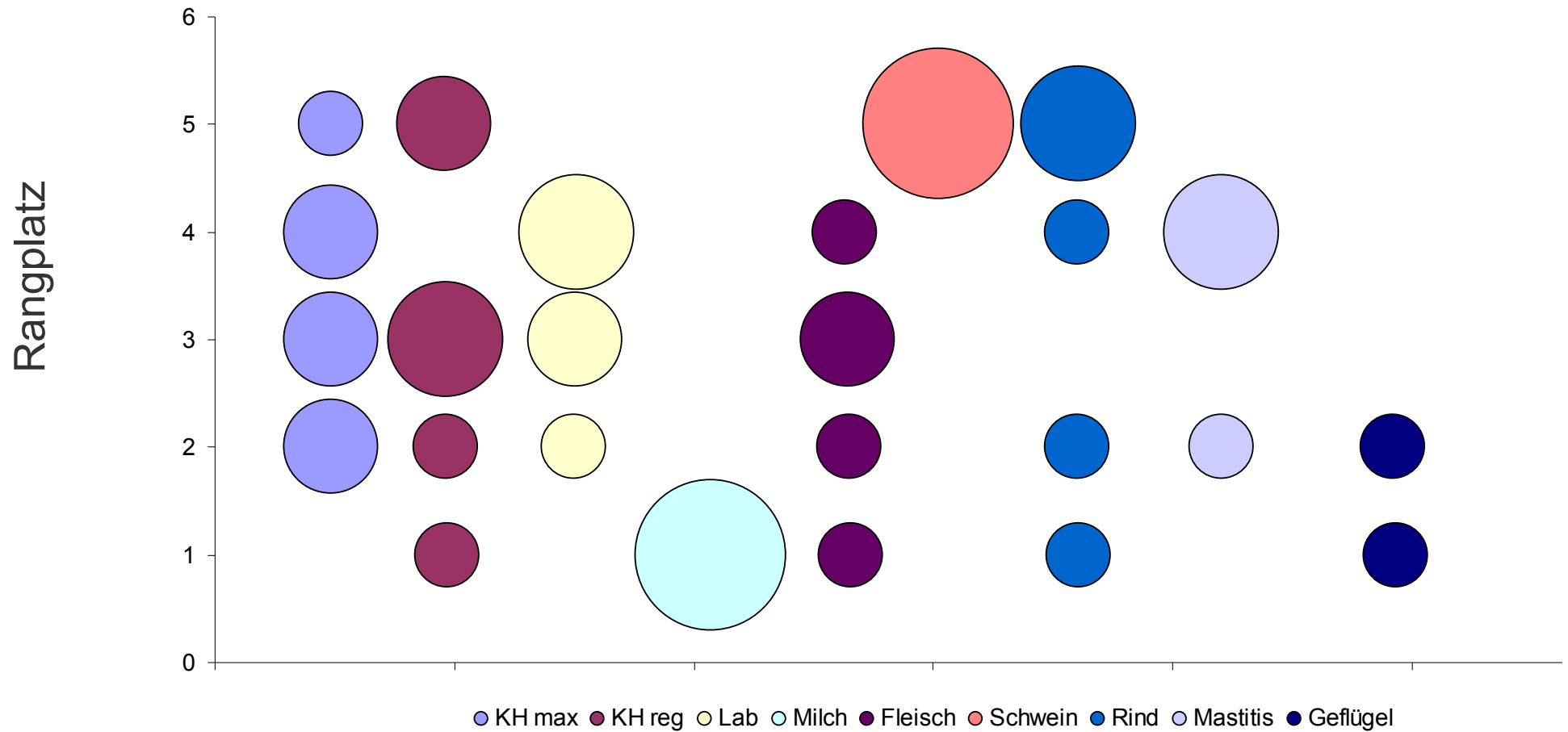


...und Realität



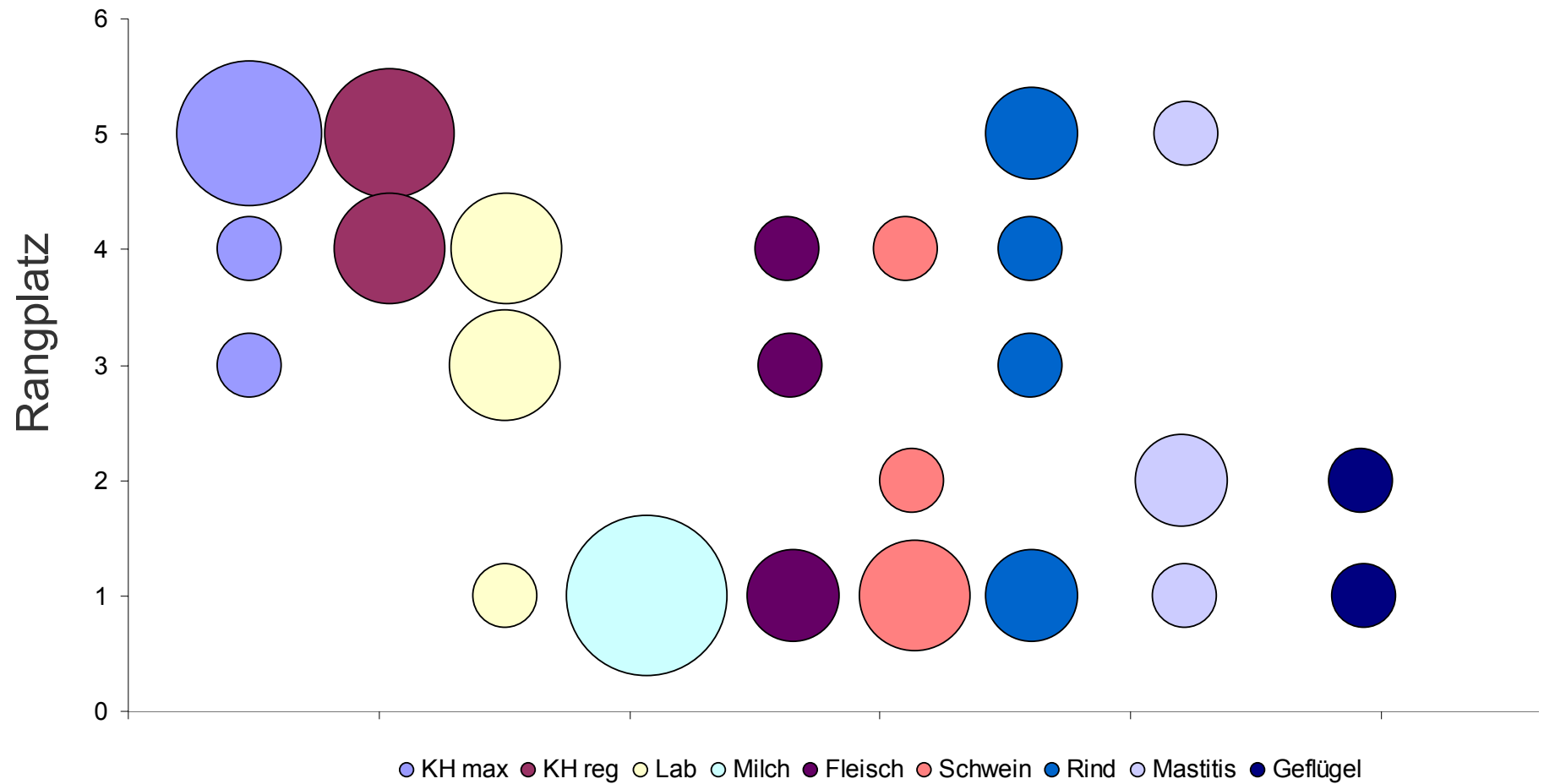
Doxycyclin

Spezies: *C. jejuni*, *Ent. faecalis*, *Ent. faecium*, *E. coli*, *K. oxytoca*, *K. pneumoniae*, *S. aureus*

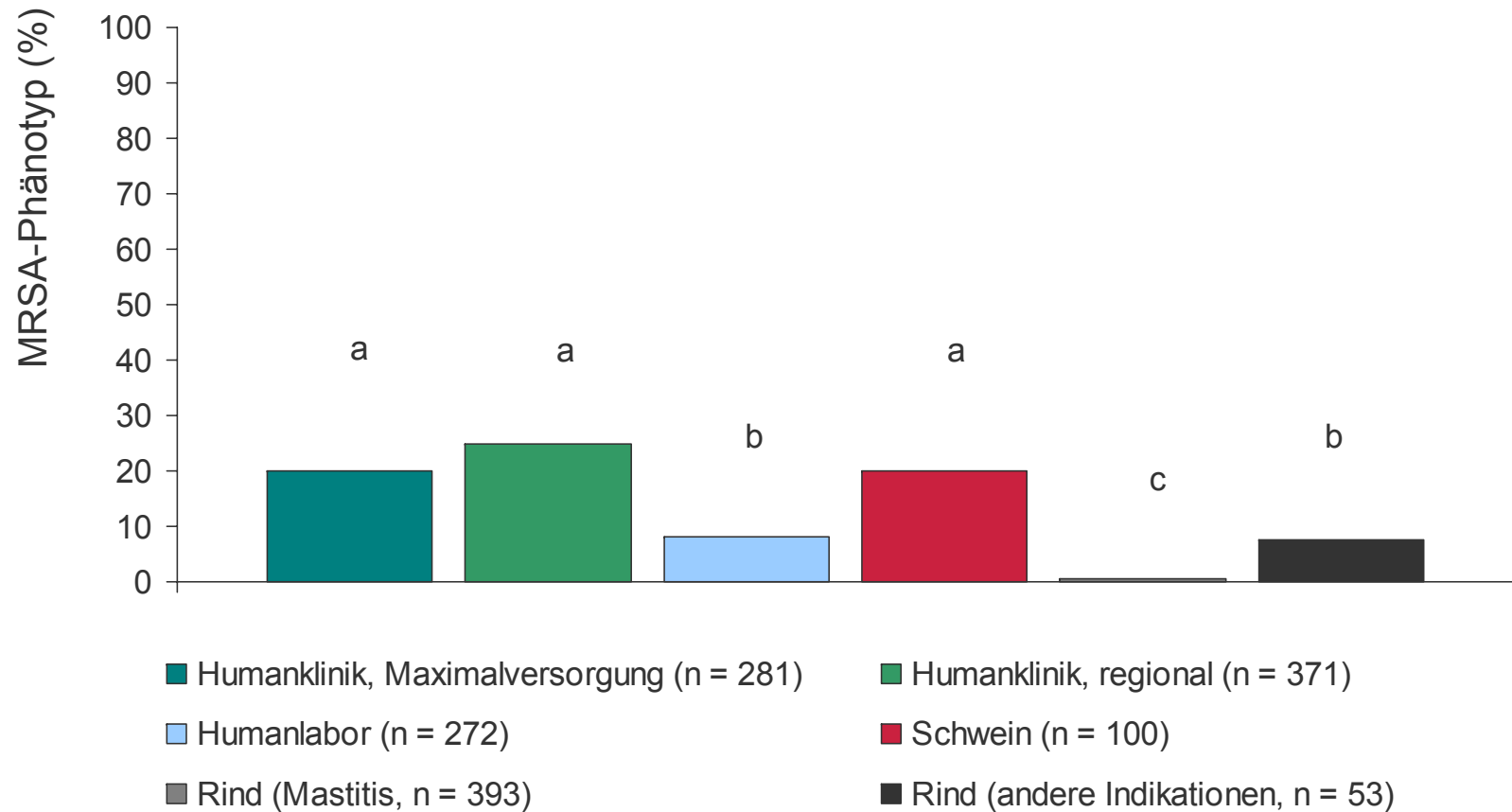


Amoxicillin + Clavulansäure

Spezies: *C. jejuni*, *Ent. faecalis*, *Ent. faecium*, *E. coli*, *K. oxytoca*, *K. pneumoniae*, *S. aureus*

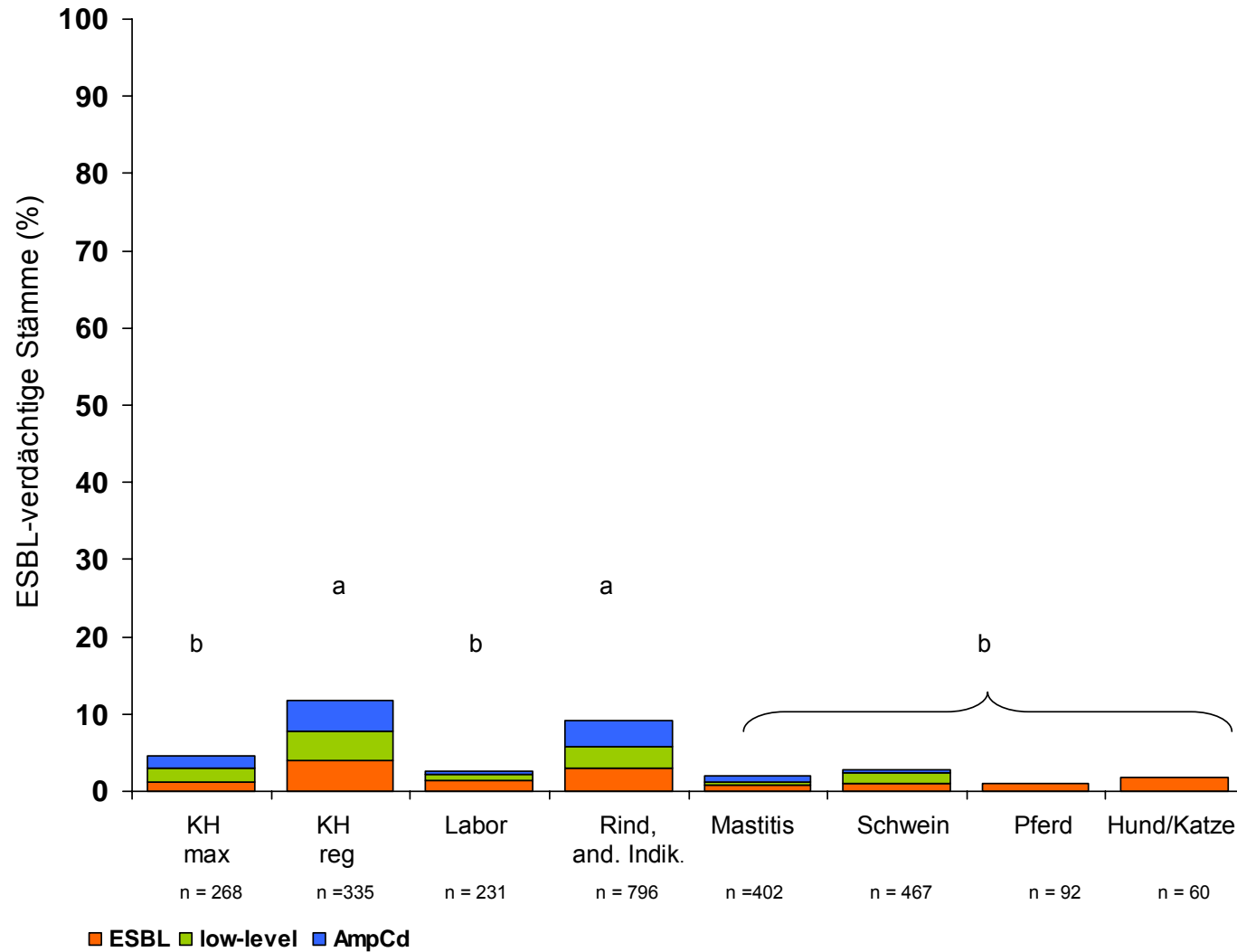


MRSA-Prävalenz in Bayern



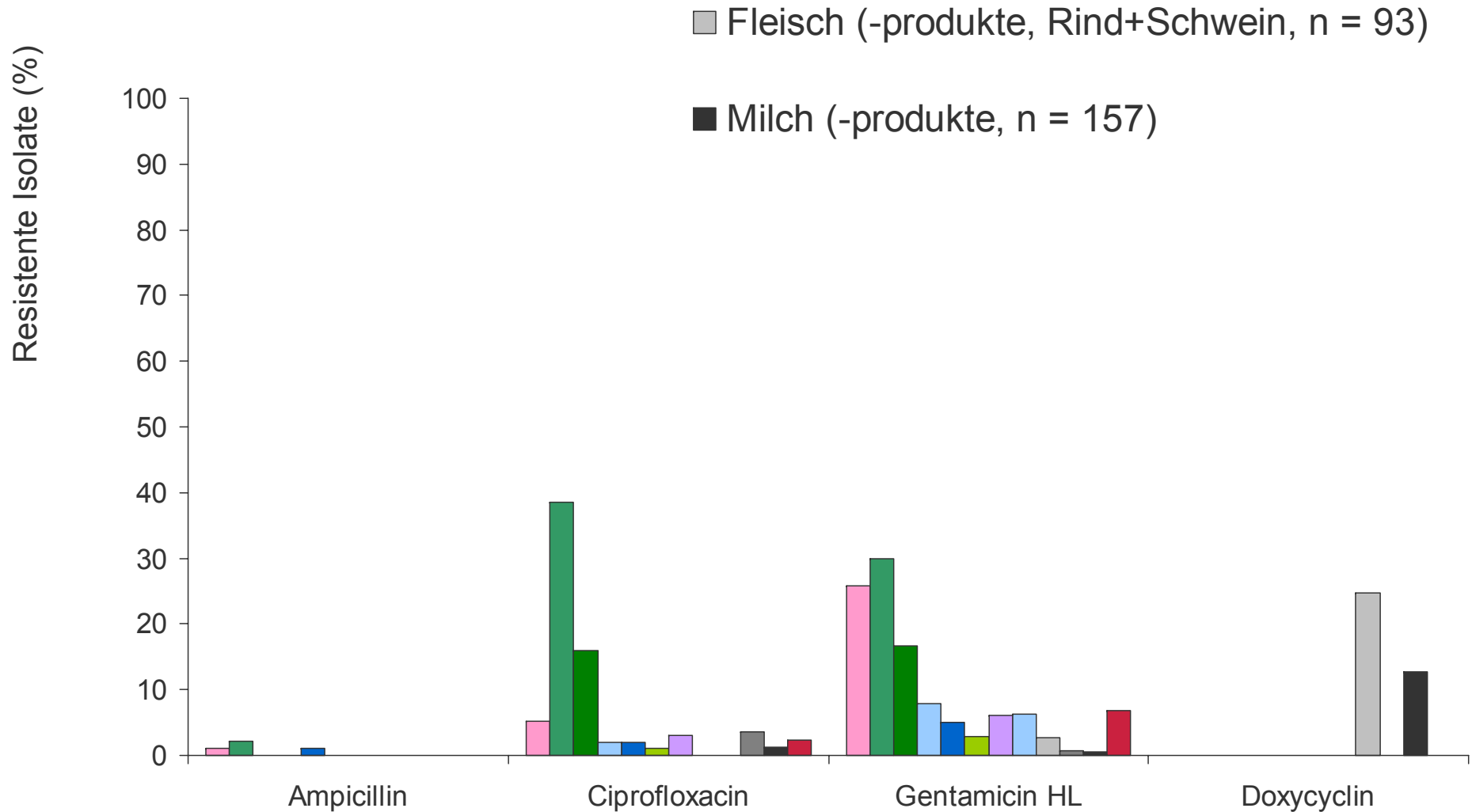
a,b,c signifikanter Unterschied, $p < 0.05$

ESBL-Prävalenz in Bayern

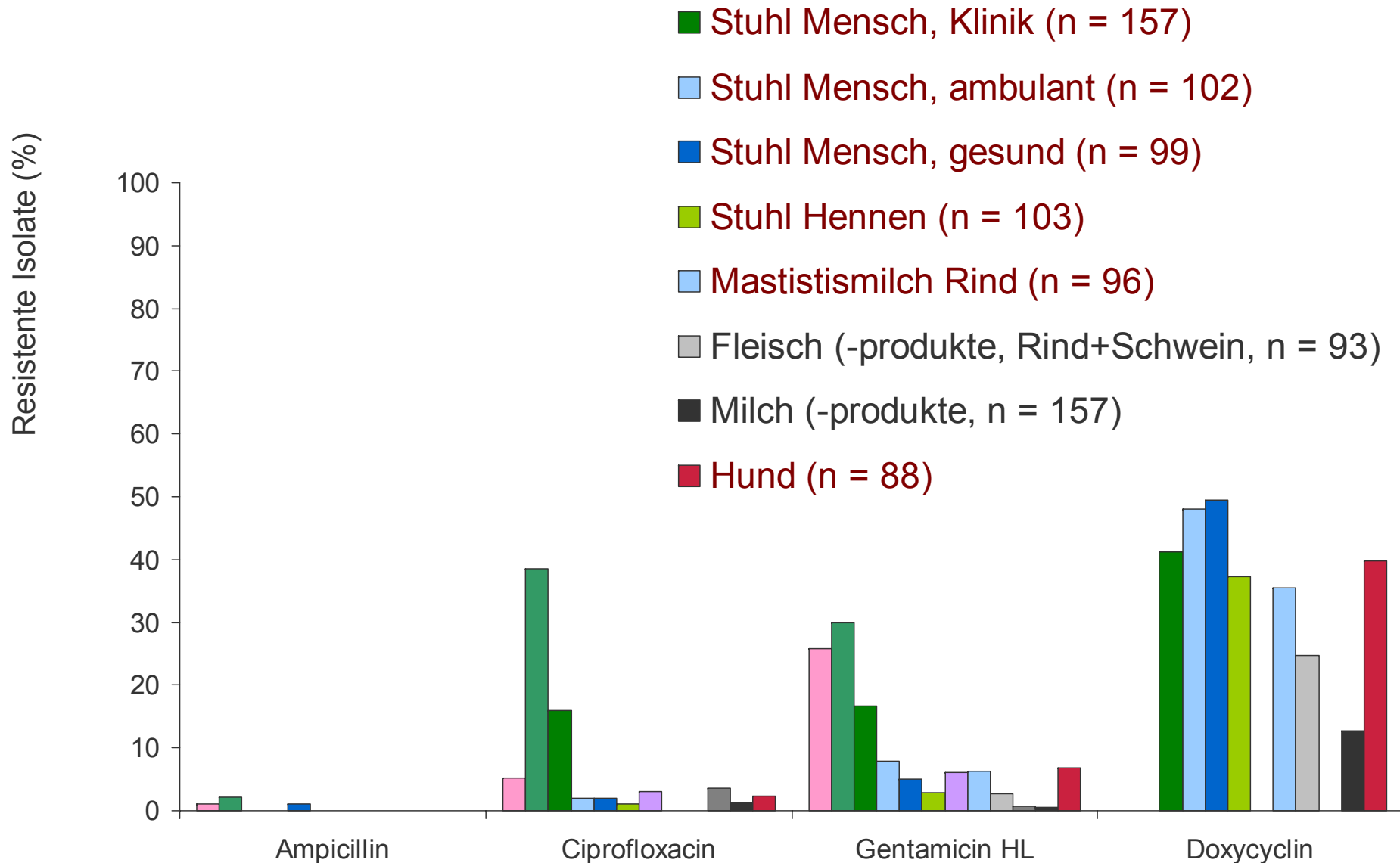


a,b, signifikanter Unterschied, $p < 0.05$

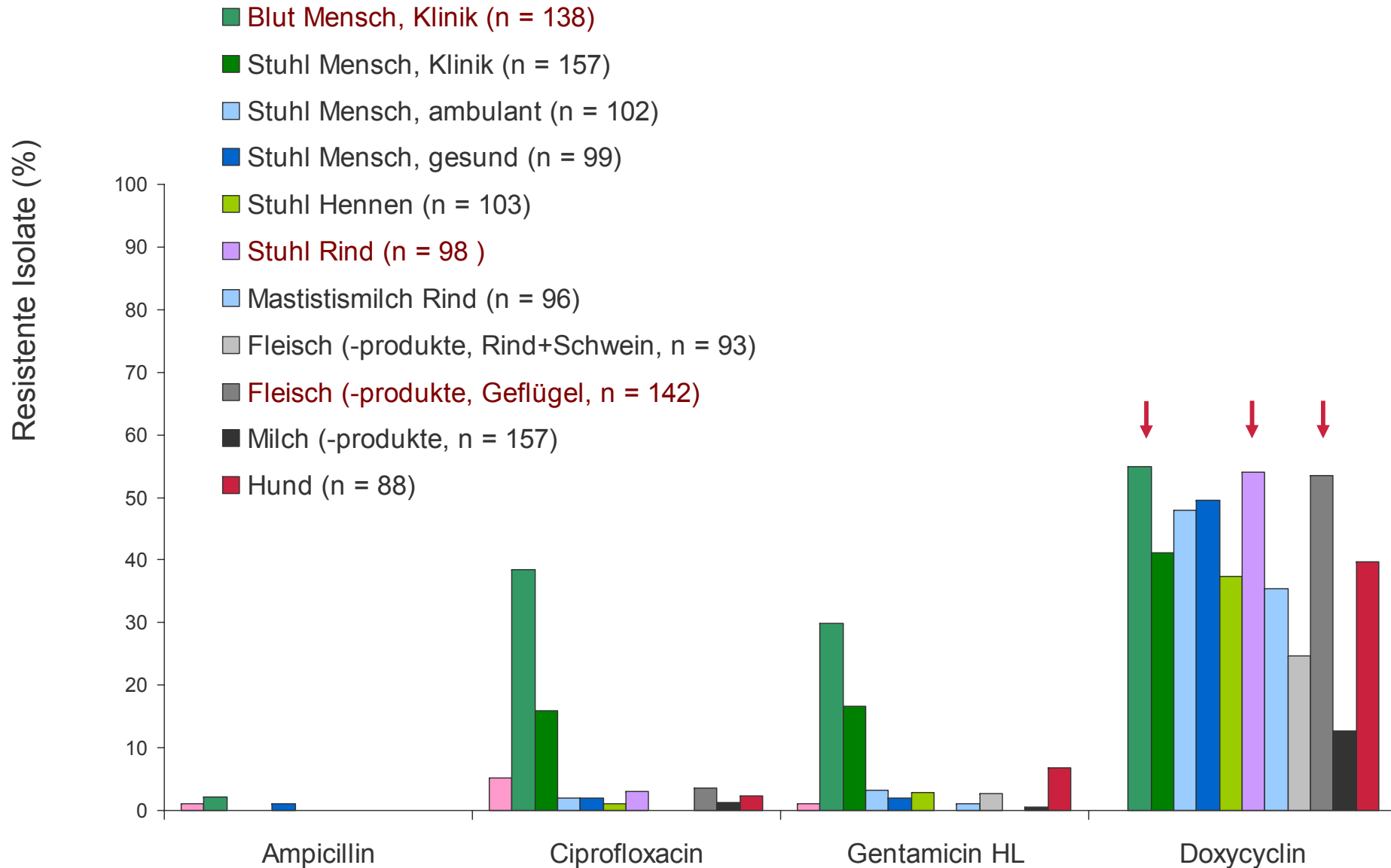
Enterococcus faecalis



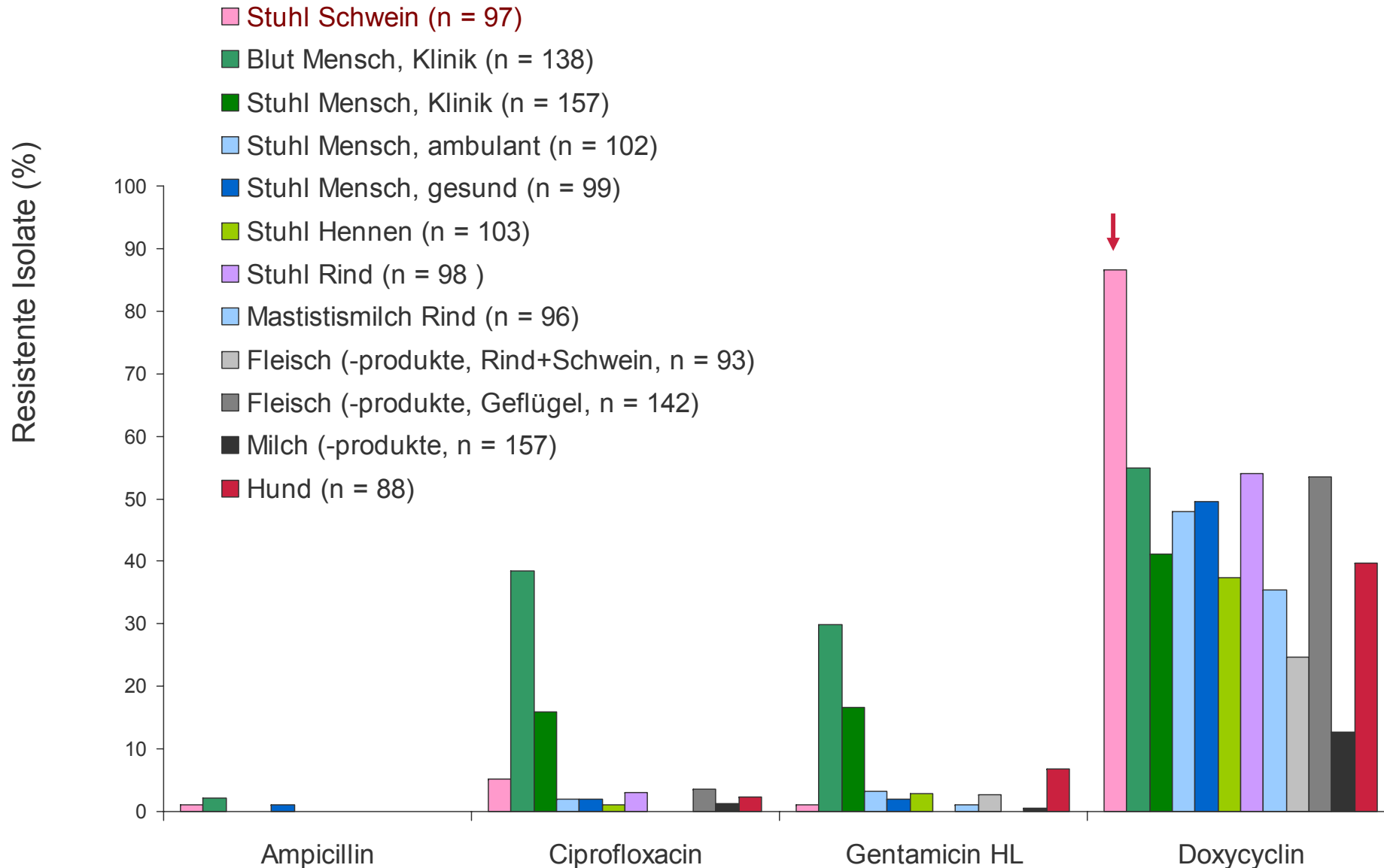
Enterococcus faecalis



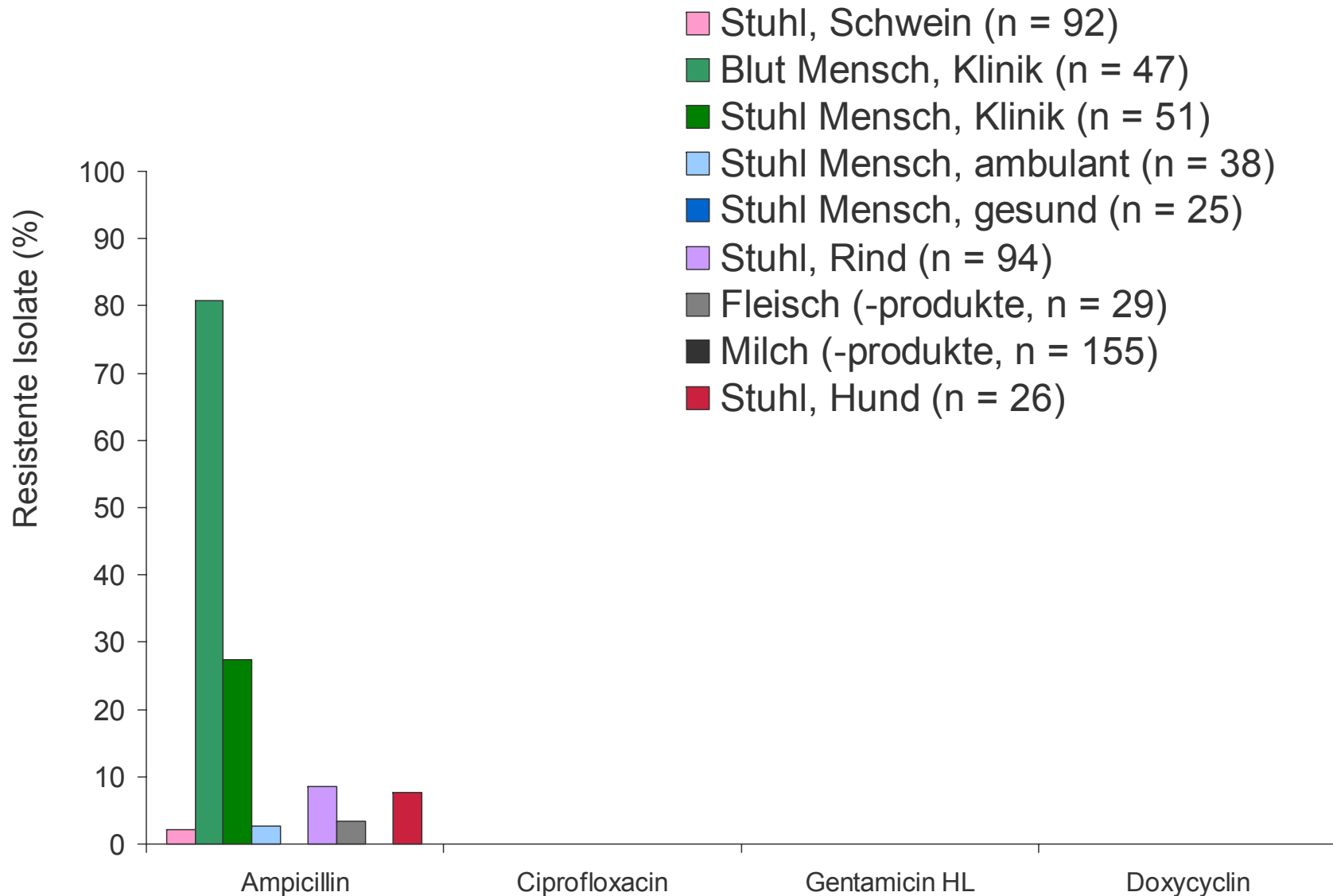
Enterococcus faecalis



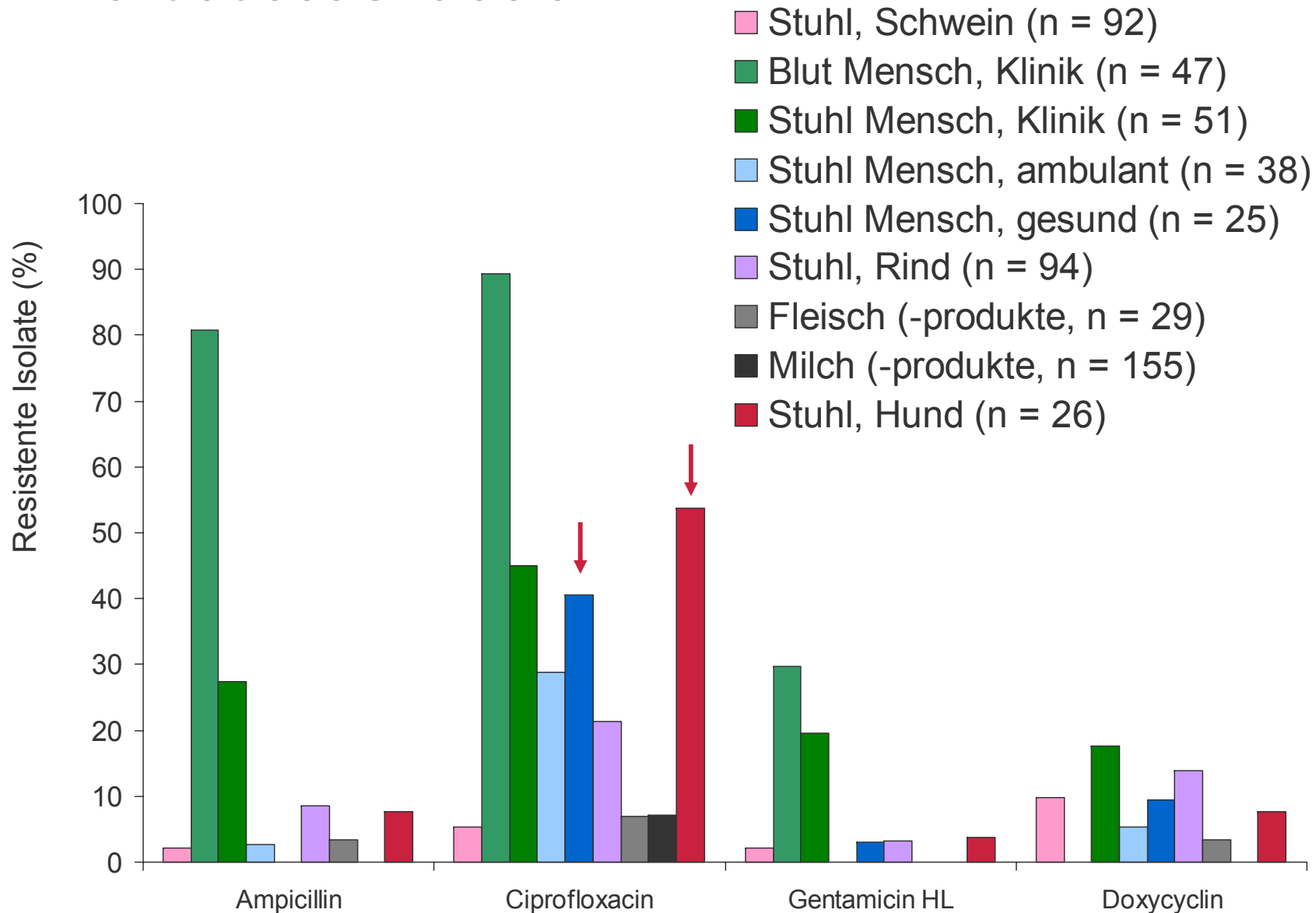
Enterococcus faecalis



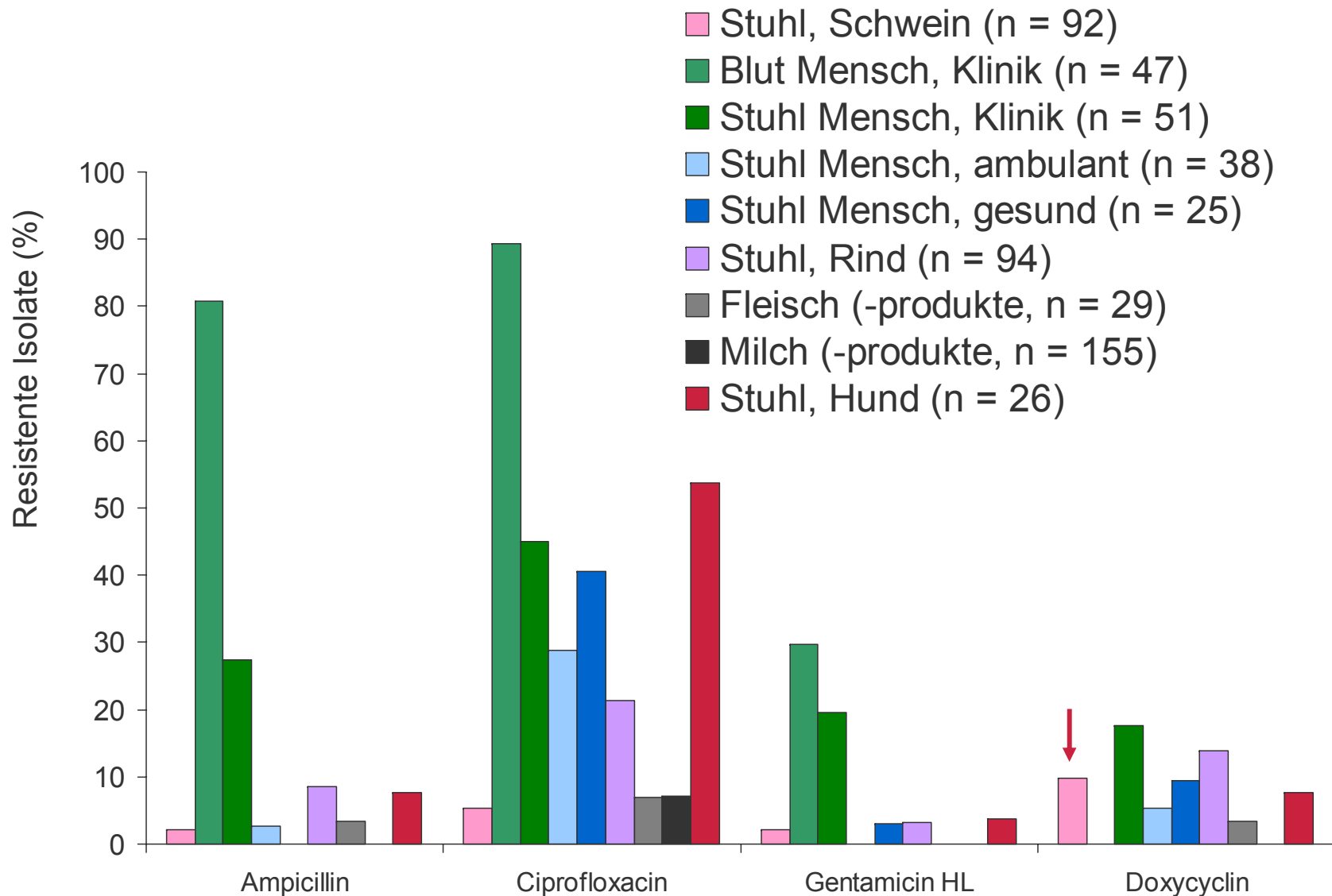
Enterococcus faecium



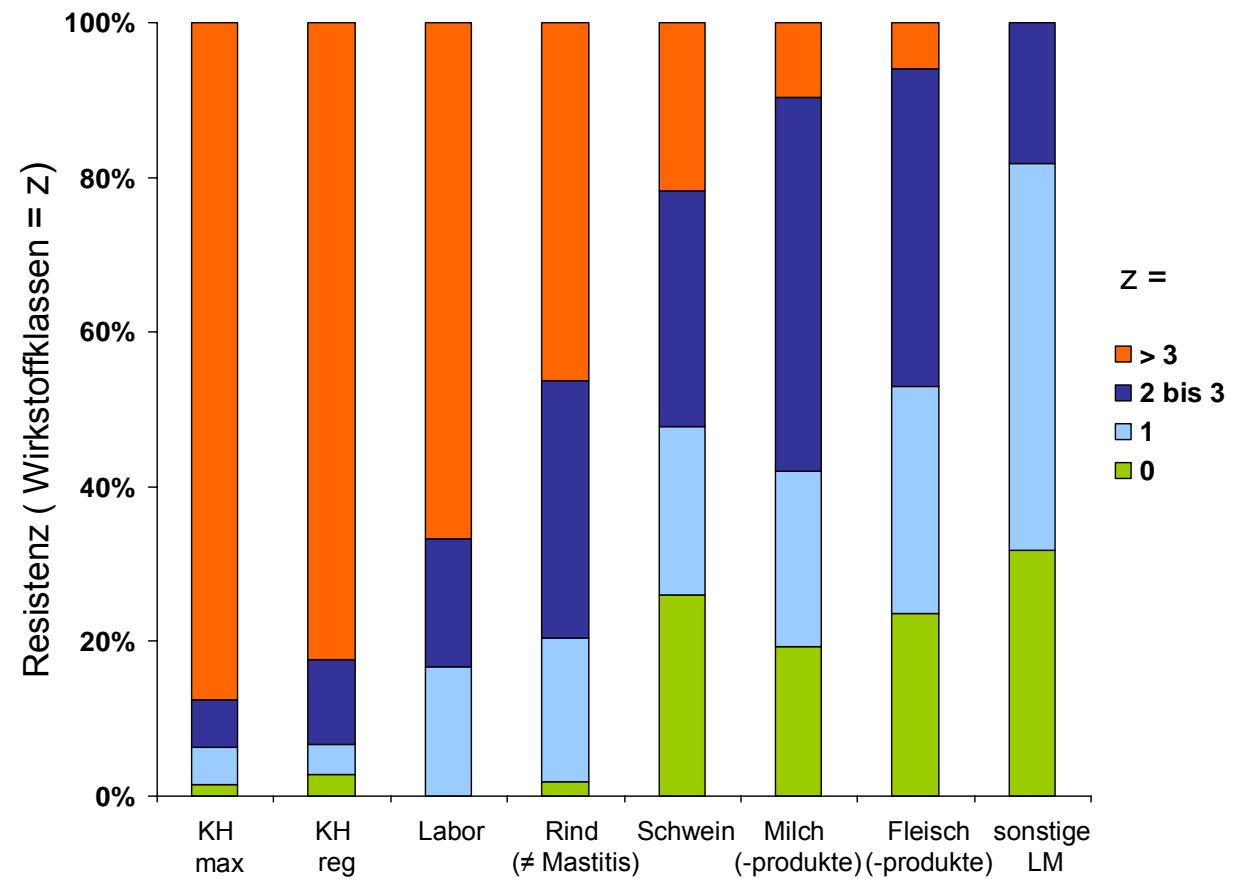
Enterococcus faecium



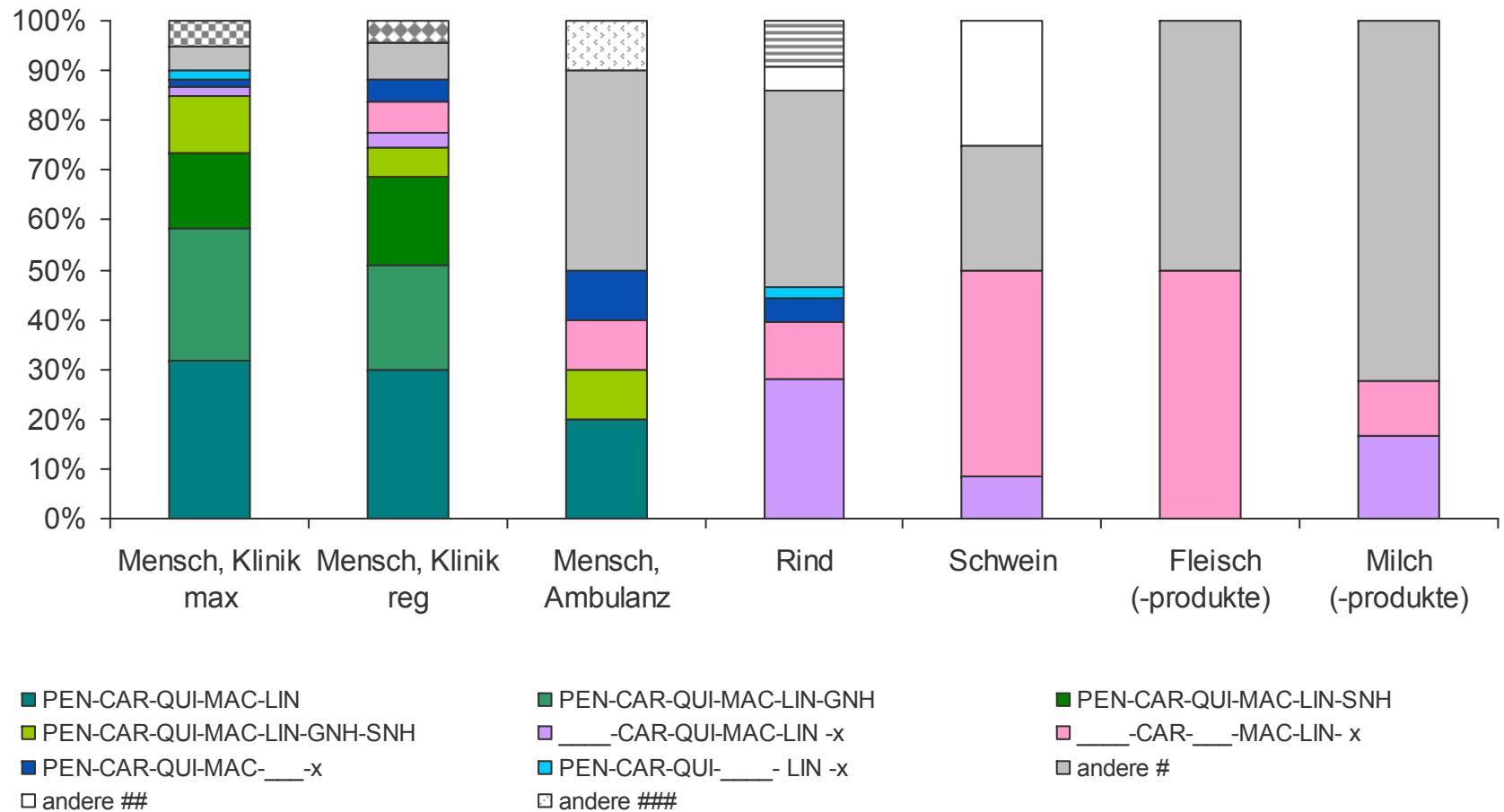
Enterococcus faecium



Enterococcus faecium

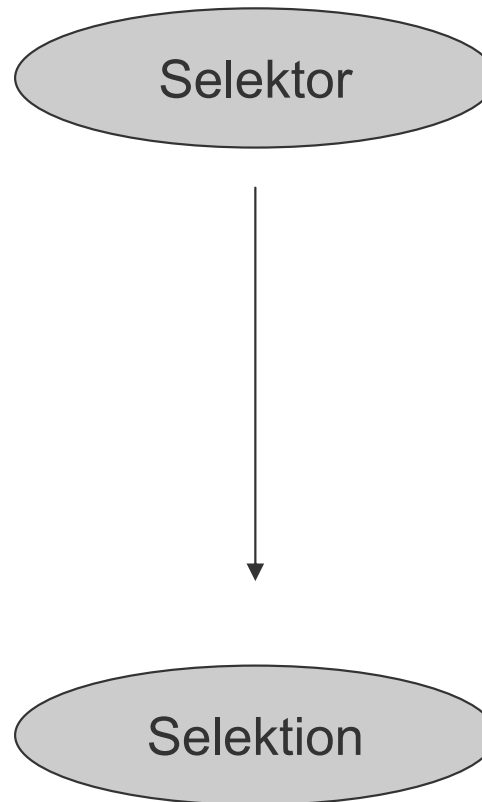


Mehrfachresistente *E. faecium*: Profile

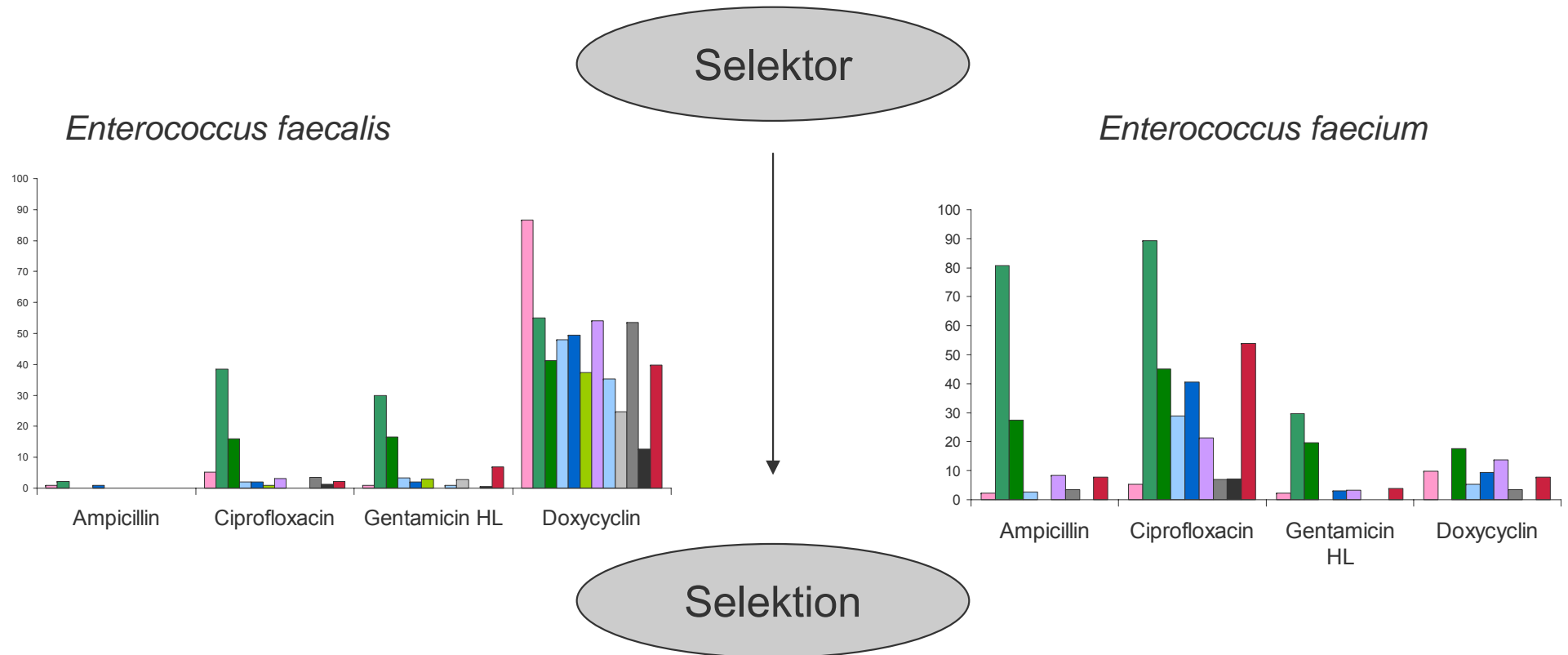


in mehreren Modulen gefunden, inklusive Mensch ## in mehreren Modulen gefunden, aber nie beim Menschen ### modulspezifisch

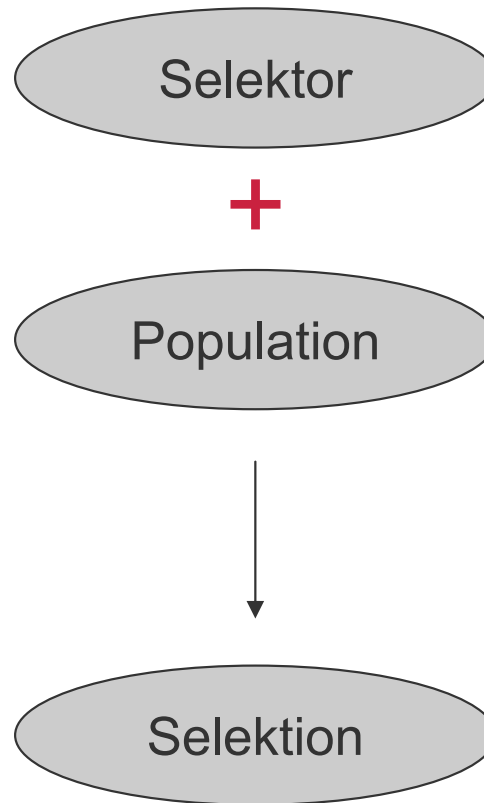
Selektion



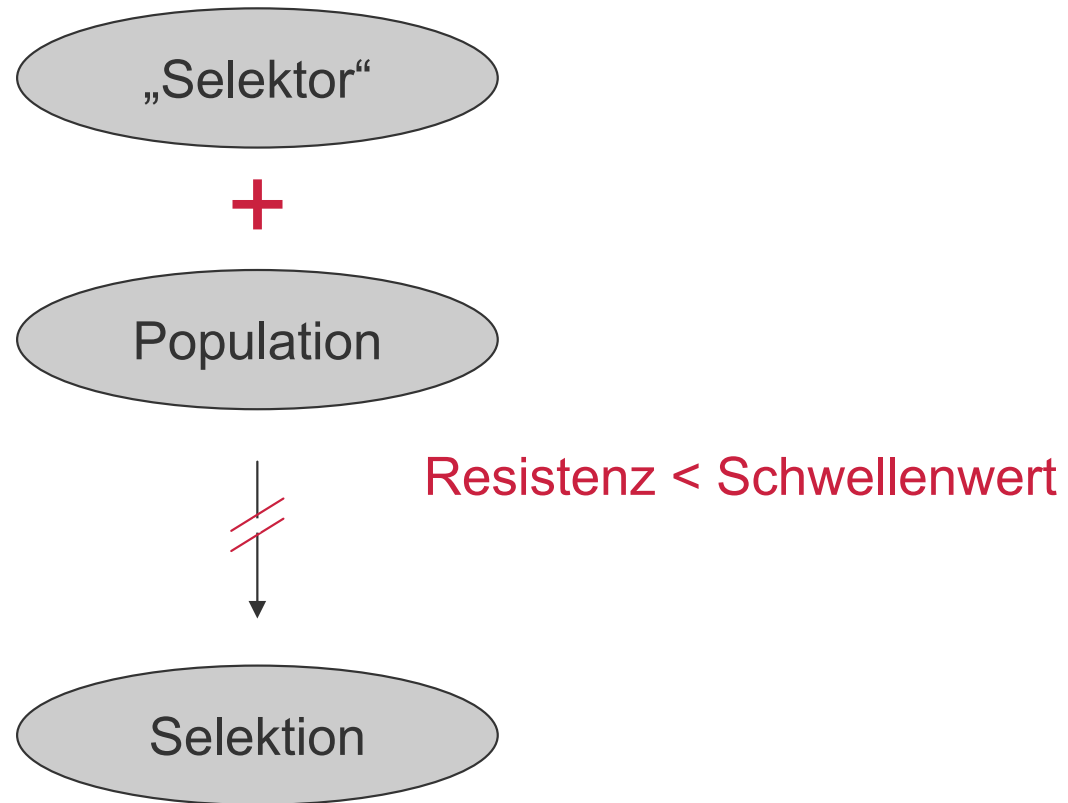
Selektion



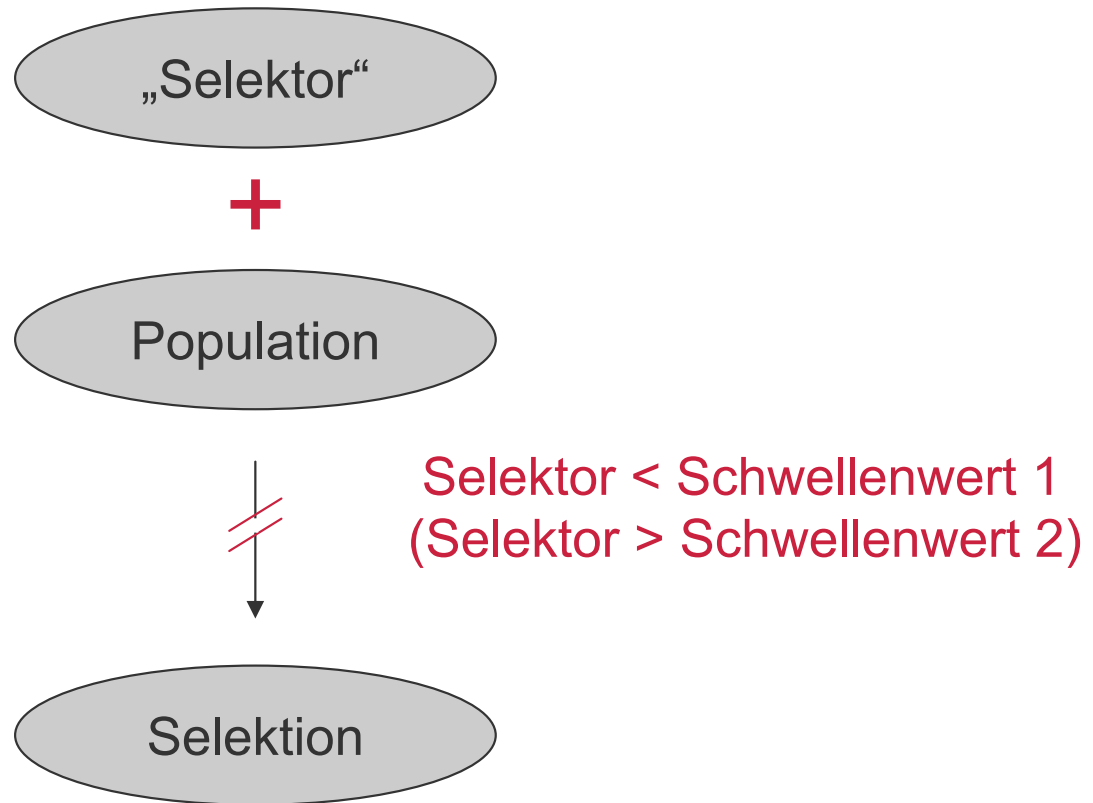
Selektion



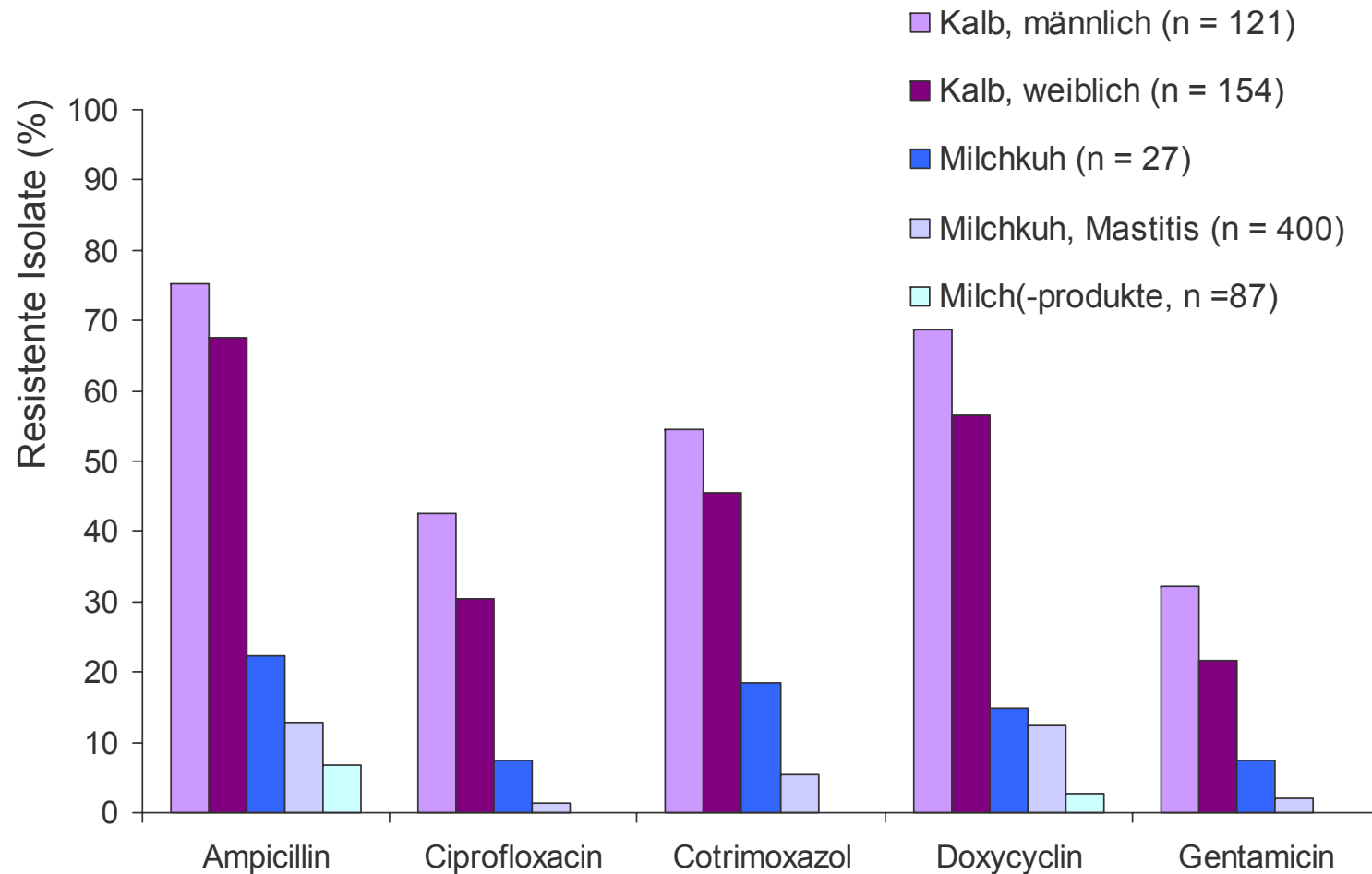
...oder auch nicht



...oder auch nicht

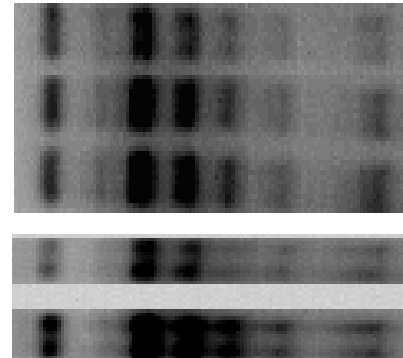


E. coli: Mastkalb, Milchvieh, Milch(produkt)



Ähnliche ERIC-Profile,

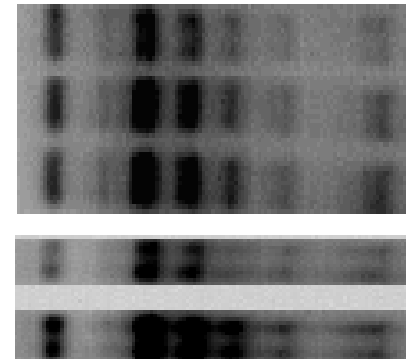
- B2, human, Harnröhre
- B2, human*, Vaginaltrakt
- B2, human, Vaginaltrakt
- B2, human*, Trachealschnitt
- B2, Schwein, Gülle



* Identische Klinik, $\Delta t = 6$ mo.

Ähnliche ERIC-Profile, unterschiedliche Resistotypen

- B2, human, Harnröhre
- B2, human*, Vaginaltrakt
- B2, human, Vaginaltrakt
- B2, human*, Trachealschnitt
- B2, Schwein, Gülle



tetB aadA

aadA

aadA

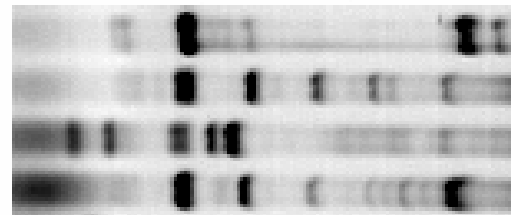
tetA aadA

tetB suII strA-strB

* Identische Klinik, $\Delta t = 6$ mo.

Und umgekehrt...

Klärschlamm
Human, klinisch
Klärschlamm
Klärschlamm



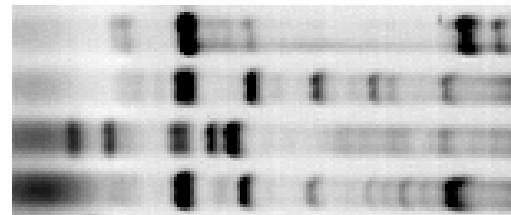
X
X

DNA-Ladder



Und umgekehrt...

Klärschlamm
Human, klinisch
Klärschlamm
Klärschlamm



X *tetA suII strA-strB aadA*
X *tetA suII strA-strB aadA*

DNA-Ladder



Schlussfolgerungen

- Keine konstante oder eindeutige „Rangfolge“ der Module
- Resistenzlage abhängig
 - von der Einsatzhäufigkeit
 - von der „Ausgangspopulation“
- Verwandte Bakterien teilen nicht-verwandte Wirte
- Resistenzgene teilen nicht-verwandte Bakterien
 - Tier-Mensch-Transfer selten
 - Transfer vergrößert den selektierbaren Pool der „genes and germs“

Beteiligte

- Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)
Dienststelle Erlangen
 - P. Preikschat, G. Mölle, I. Bauer-Unkauf, R. Heckel, D. Schleinitz, H. PlöttnerDienststelle Oberschleißheim
 - S. Hörmansdorfer, P. Kämpf, C. Höller, T.-C. Dedeoglu, I. Janota
- Lehrstuhl für Tierhygiene, TUM
 - C. Hölzel, K. Schwaiger, M. Bischoff, E. Hackl, E. Schmied, J. Bauer
- Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen, FU Berlin
 - L. Wieler, B. Walther
- Nationale MRSA-Fachgruppe
 - S. Hörmansdorfer, L. Wieler
- Bundesinstitut für Risikobewertung
 - Zentrum für Infektionsepidemiologie und Zoonosen, A. Käsbohrer
 - Zentrum für Infektiologie und Erregercharakterisierung, A. Schroeter
- Humankliniken und -Labore
 - Ansbach, Aschaffenburg, Augsburg, Bamberg, Coburg, Deggendorf, Erlangen, Ingolstadt, Kempten, Landshut, München, Nürnberg, Passau, Regensburg, Rosenheim, Straubing, Tirschenreuth, Weiden, Würzburg