

# MRSA bei Haus- und Nutztieren und die Frage der Übertragung auf Menschen

C. Cuny<sup>1</sup>, C. Stanek<sup>2</sup>, W. Witte<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken, Robert-Koch-Institut, Bereich Wernigerode, Wernigerode, Deutschland

<sup>2</sup> Veterinärmedizinische Universität Wien, Klinisches Department für Kleintiere und Pferde, Wien, Österreich

## Schlüsselwörter:

MRSA, Pferde, Schweine, Menschen, wechselseitige Übertragung

## Zusammenfassung

Über das Auftreten von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) als Besiedler und Infektionserreger bei Tieren wird in der letzten Zeit verstärkt berichtet. Dabei ist die Frage der wechselseitigen Übertragung zwischen Tieren und Menschen von besonderem Interesse. MRSA der klonalen Linie ST254, *spa*-Typ t036, SCCmec IVd wurden in verschiedenen Kliniken der Veterinärmedizinischen Universität Wien aus Infektionen und nasaler Besiedlung bei Pferden, aber auch aus Nasenabstrichen von Tierärzten, Betreuungspersonal und Studenten isoliert. Demgegenüber zeigen MRSA ST254 aus Krankenhäusern den *spa*-Typ t009

und besitzen SCCmec-Elemente des Typs IVh.

Neben MRSA ST254 wurden auch die klonalen Linien ST398, t011, SCCmec IVa, und ST1, t127, SCCmec IVa nachgewiesen.

MRSA ST398, t011/t034; SCCmec V ist auch in Deutschland als nasaler Besiedler bei Schweinen weit verbreitet und tritt vergleichsweise häufig auch als nasaler Besiedler bei Menschen mit beruflicher Exposition zur Schweinezucht auf.

## Key-words:

MRSA, horses, pigs, humans, mutual transmission

## Summary

There are increasing reports about the emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in animals. Of

particular interest is the question of mutual transmission between humans and animals. MRSA of clonal lineage ST254, *spa* type t036, SCCmec IVd had been isolated from horses treated in different clinical departments of Vienna Veterinary University as well as from veterinarians, veterinary personnel and students. In contrast to this MRSA ST254 from nosocomial infections in humans exhibit *spa* t009 SCCmec IVh.

Besides ST254 two other clonal lineages were demonstrated: ST398, t011, SCCmec IVa and ST1, t125, SCCmec IVa.

MRSA ST398, t011/t034, SCCmec V is obviously widely disseminated as nasal colonizer in pigs in Germany and also frequent as nasal colonizer in humans with professional exposure to pig farming.

## MRSA in der Humanmedizin: Warum wir sie nicht mögen.

MRSA stellen in der Humanmedizin als Erreger nosokomialer Infektionen seit Jahrzehnten eine Bedrohung dar. Systemische Infektionskrankheiten sind mit erheblicher Letalität assoziiert, Epidemiestämme (haMRSA) besitzen dabei eine besondere Ausbreitungsfähigkeit. Unabhängig von

Krankenhäusern und den damit verbundenen Risikofaktoren treten MRSA in den letzten 5 Jahren weltweit als Erreger tiefgehender Haut- und Weichgewebeeinfektionen auf.

## MRSA bei Haus- und Nutztieren: Gelegentliche Übertragung von Menschen ausgehend oder auch Ausbreitung mit Infektketten bei Tieren?

Beginnend mit einer durch MRSA verursachten Mastitis beim Milchvieh in Belgien 1972, gab es in den Folgejahren Berichte über sporadische Infektionen bei verschiedenen Haus-

tierarten und in letzter Zeit ein gehäuf-  
tes Auftreten in Tierkliniken und beim  
Veterinärpersonal.

- Erstmals berichtet 1972 im Zusam-  
menhang mit Mastitis beim Rind  
(Devriese et al., Zbl. Vet. Med. 1972;  
B19: 598-605)
- Danach mehrere Berichte über spo-  
radische Infektionen bei verschiede-  
nen Tierspecies
- Cluster von Infektionen bei Pferden  
in einer Tierklinik in Kanada (Weese  
et al., EID 2005; 11: 430-435)
- Cluster von Infektionen bei Pferden  
in Tierkliniken in Deutschland und in  
Österreich (VUW) (Walther et al.,  
B.M. Tierärztl. Wochenschr. 2006;  
119: 222-232; Cuny et al., Euro Sur-  
veillance 2006; 11: 222-223)
- MRSA im Zusammenhang mit Haut-  
infektionen bei kleinen Haustieren,  
Hund und Katze, infektiöser Hospita-

lismus und Übertragung „zu Hause“  
(Loeffler et al., JAC 2005; 56: 692-  
697; Strommenger et al., JAC 2006;  
57: 461-465)

- MRSA als weit verbreitete nasale  
Besiedler bei Schweinen in den Nie-  
derlanden (de Neeling et al., Vet.  
Microbiol. 2007; 122: 366-372)
- Ausbruch von Mastitis puerperalis  
bei Kühen in Ungarn (Juhász-Kas-  
zanyitzky et al., EID 2007; 13: 630-  
632)

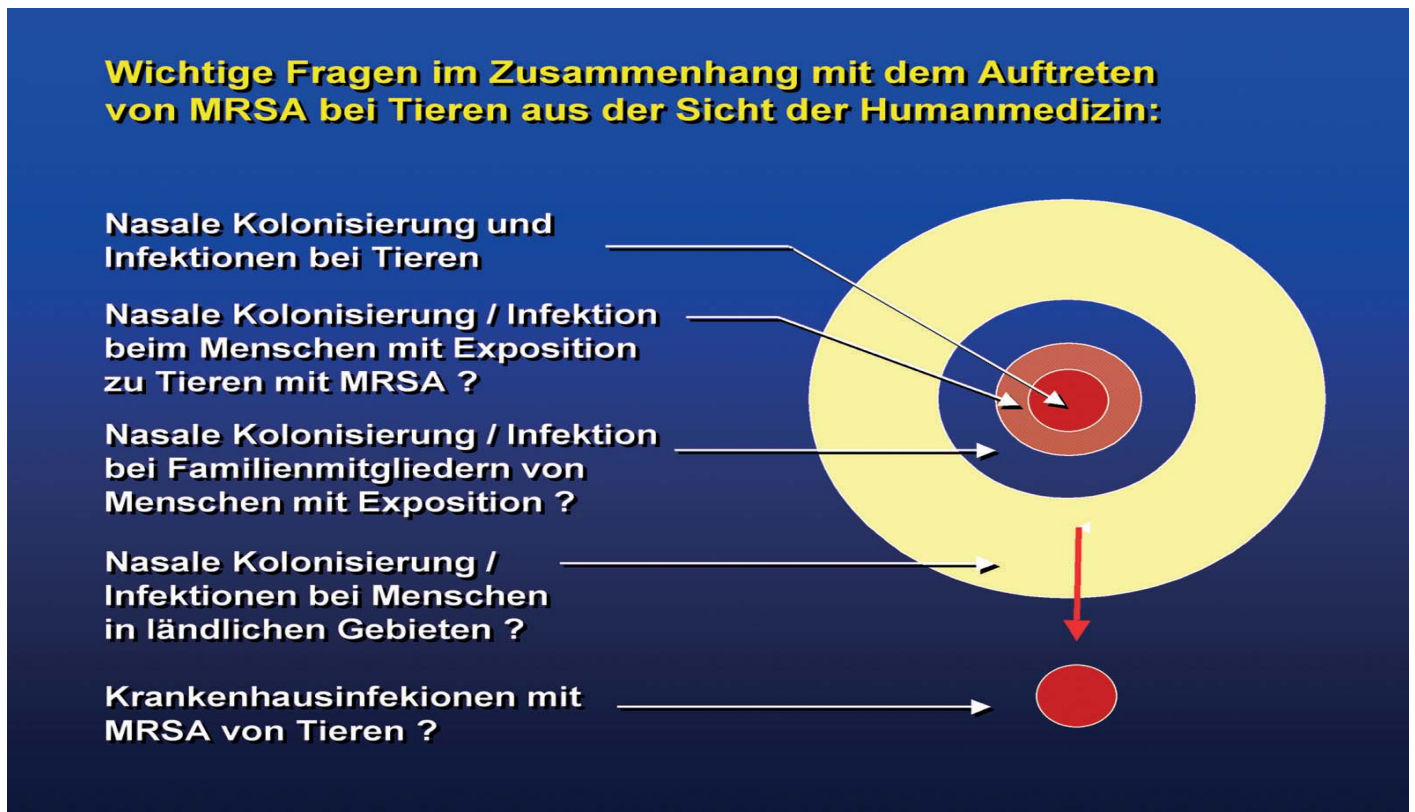
Dabei liegt die Herkunft der MRSA  
als Verursacher von Hautinfektionen  
bei Hunden und Katzen offensichtlich  
beim Menschen (Barnim-Epidemie-  
stamm, ST22). Erhebliche Aufmerk-  
samkeit erregten Berichte aus Kanada  
über das gehäufte Auftreten von  
MRSA-Infektionen bei Pferden  
(Weese et al., 2005). In einer früheren  
Mitteilung (Cuny et al., 2006) infor-  
mierten wir über ein Cluster von vor-

wiegend postoperativen Wundinfek-  
tionen, aufgetreten in verschiedenen  
Kliniken der Veterinärmedizinischen  
Universität Wien, Österreich (VUW)  
mit MRSA ST254. In dieser Mitteil-  
ung wurden weitere Ergebnisse zu  
Infektketten mit MRSA bei Pferden  
im Bereich der VUW vorgestellt. Aus  
den Niederlanden wurde die weite  
Verbreitung von MRSA der klonalen  
Linie ST398 als nasaler Besiedler bei  
Schweinen in Mastanlagen berichtet  
(de Neeling et al., 2007), inzwischen  
gibt es dazu auch Daten aus Däne-  
mark und aus Deutschland.

## Wechselseitige Übertra- gung von MRSA zwi- schen Menschen und anderen Tierarten?

Die in diesem Zusammenhang wich-  
tigen Fragestellungen zeigt Abbil-  
dung 1.

**Abbildung 1:** Wichtige Fragen im Zusammenhang mit dem Auftreten von MRSA bei Tieren aus der Sicht der Humanmedizin



Der in Kanada bei Pferden und dort auch der am häufigsten in der Bevölkerung verbreitete MRSA wurde zudem als nasaler Besiedler bei exponiertem Veterinärpersonal gefunden (Weese et al., 2005). Ebenso wies man in den Niederlanden (de Neeling et al., 2007) MRSA bei Menschen als nasale Besiedler in unmittelbarem Umfeld zur Schweinemast nach.

In Ungarn wurde bei Kühen mit subklinischen Mastitiden, ebenso bei einem nicht erkrankten Melker MRSA nachgewiesen; noch offen ist die Richtung der Übertragung (Juhász-Kaszanyitzky et al., 2007).

Wir berichten hier über MRSA bei Veterinärpersonal und Tierärzten in Kontakt zu Pferden mit MRSA-Nachweisen sowie bei Schweinen mit nasaler Besiedlung und bei Menschen mit beruflicher Exposition und deren familiärem Umfeld.

## Material und Methoden

1. Materialentnahme und Anlegen der Proben:

Abstrichentnahme mittels steriler Tupfer aus relevanten Infektlokalisationen sowie Nasenabstriche bei stationär behandelten Pferden und deren Veterinärpersonal. Weiterhin erfolgte die Probenentnahme aus dem Nasenvorhof von Schweinen in Mastanlagen, ihrem Betreuungspersonal sowie praktizierenden Tierärzten mit Kontakt zu diesen Anlagen. Ausschließlich in Transportmedium überführt wurden die Tupfer zur weiteren phäno- und molekularen Typisierung an das Robert-Koch-Institut, Bereich Wernigerode geschickt. Dort wurden die Proben umgehend parallel auf Selektivagar „CHROMagar-MRSA“

von Becton Dickinson, Heidelberg, sowie auf Blutagar verbracht.

2. Species-Diagnostik für *Staphylococcus aureus*:

Nach einer Bebrütungszeit von mindestens 24 Stunden bei 37°C erfolgte direkt vom Selektivagar bzw. der Blutplatte für Kolonien mit charakteristischem Erscheinungsbild der Nachweis der Plasmakoagulase im Röhrchentest sowie der Nachweis des Verklumpungsfaktors.

3. Phänotypische Resistenzbestimmung:

Sie erfolgte durch Bestimmung der minimalen Hemmkonzentration (MHK) entsprechend dem Laboratoriumsstandard DIN 59820 für die Substanzen Benzylpenicillin, Oxacillin, Gentamicin, Erythromycin, Clindamycin, Oxytetracyclin, Moxifloxacin, Linezolid, Rifampicin, Trimethoprim/Cotrimoxazol und Mupirocin nach DIN 58940.

4. PCR für den Nachweis von Resistenzgenen:

DNA-Primer, Zusammensetzung des Ansatzes sowie der Cyclin-Bedingungen erfolgte, wie bei Witte et al. (2005) beschrieben.

5. Molekulare Typisierung:

Alle untersuchten Isolate wurden der *spa*-Typisierung unterzogen, wie sie bei Strommenger et al. (2006) beschrieben ist. Die Gruppierung verwendeter *spa*-Typen erfolgte mittels BURP-Algorithmus (www.ridom.com). Aufgrund einer hohen Kongruenz zwischen *spa*-Typen und MLST-definierten klonalen Linien von *Staphylococcus aureus* ist zumindest bei MRSA eine direkte Zuordnung der *spa*-Typen zu MLST-Typen (ST)

gegeben. Für jeweils 3 Isolate der *spa*-Typen t036 (ST254), t011 (ST398) und t127 (ST1) wurde dies durch MLST noch einmal bestätigt (MLST nach Enright et al., 2000).

6. Bestimmung der SCCmec-Typen mittels PCR:

Für die Bestimmung der Gruppen I bis V wurden DNA-Primer und Bedingungen entsprechend (Witte et al., 2007) eingesetzt; die Untergruppierung der SCCmec-Elemente des Typs IV wurde entsprechend Milheirico et al. (2007) vorgenommen.

## Ergebnisse

### Zum Auftreten und zur Verbreitung von MRSA in verschiedenen Departments der VUW

Die Inzidenz lag in den Jahren 2004, 2005 und 2006 bei 4 – 5 Fällen auf 1000 Aufnahmen. Die Ergebnisse sind in Abbildung 2 zusammengestellt. Anlass für den Beginn des systematischen Verfolgens des Auftretens von MRSA war ein Cluster mehrerer Infektionen in der Klinik für Großtierchirurgie in den Monaten März bis Juni des Jahres 2006. In jenem Jahr gab es auch 3 Infektionen in der Klinik für Orthopädie. Hier ist darauf hinzuweisen, dass Diagnostik und Therapie in verschiedenen Kliniken erfolgen und dass infolge des Ausbildungsbetriebes eine erhebliche Personalrotation stattfindet.

### Untersuchungen von Nasenabstrichen beim Menschen

Dies betraf Betreuungspersonal (Tierpfleger, Praktikanten, Nachtdienststudenten) sowie fest angestellte behandelnde Tierärzte und zwischen den Kliniken rotierende Tierärzte in post-

**Tabelle 1:** Eigenschaften von MRSA aus Wund- und Nasenabstrichen von Pferden, Nasenabstriche des Veterinärpersonals sowie Nasenabstriche von Schweinen aus Mastanlagen und deren Betreuungspersonal

Vorkommen	spa-Typ	MLST	Resistenzphänotyp	Resistenzgene	Typ der SCC <sub>mec</sub> -Elemente
Pferde/ Veterinär- personal VUW	t036	ST254	PEN, OXA, TET, GEN, TMP	<i>mecA</i> , <i>tetM</i> , <i>aph2''-aac6'</i>	IV d
	t011	ST398	PEN, OXA, ERY, CLI, GEN, TET	<i>mecA</i> , <i>ermC</i> , <i>aph2''-aac6'</i> , <i>tetM</i>	IV a
	t0127	ST1	PEN, OXA	<i>mecA</i>	IV a
Pferde/ Personal Kanada	t008	ST8	PEN, OXA, GEN, OTE, FUS	<i>mecA</i> , <i>aph2''-aac6'</i> , <i>tetM</i>	IV
Schweine/ Betreuungs- personal Mastanlagen	t011/ t034	ST398	PEN, OXA, ERY, CLI, TET	<i>mecA</i> , <i>ermC</i> , <i>tetM</i>	V

Abkürzungen:

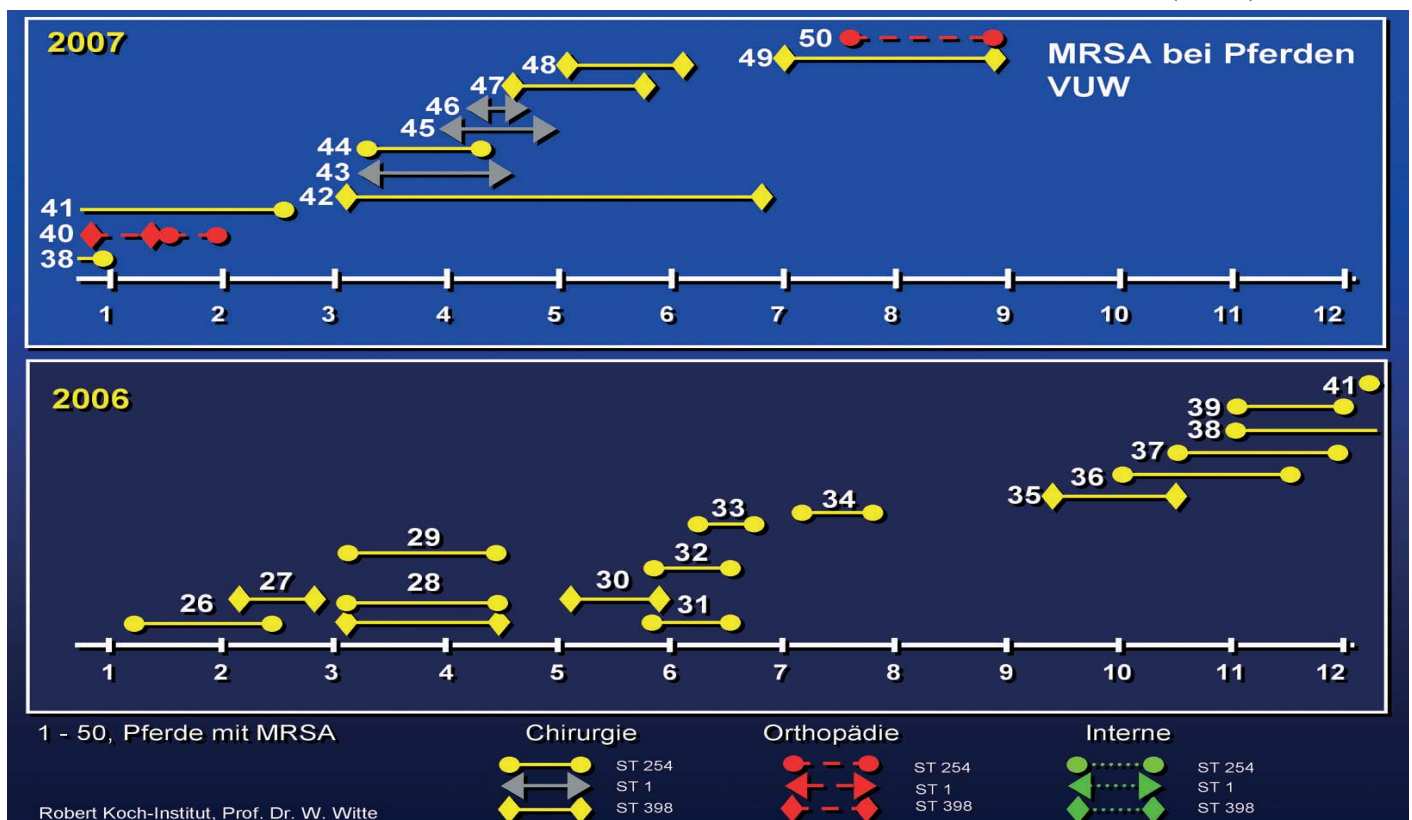
MLST = Multilocus-Sequenztypisierung, ST = Sequenztyp, PEN = Benzylpenicillin, OXA = Oxacillin, TET = Oxytetracyclin, GEN = Gentamicin, TMP = Trimethoprim/Cotrimoxazol, ERY = Erythromycin, CLI = Clindamycin

*mecA*, *tetM*, *aph2''-aac6'*, *ermC*: Bezeichnung für verschiedene Resistenzgene von MRSA, wobei *mecA* für Methicillin/Oxacillin-resistenz, *tetM* für Tetracyclinresistenz, *aph2''-aac6'* für Aminoglykosidresistenz, *ermC* für Erythromycinresistenz kodieren

VUW = Veterinärmedizinische Universität Wien

SCC = Staphylokokken-Chromosom-Cassette

**Abbildung 2a:** Auftreten und Verbreitung von MRSA verschiedener klonaler Gruppen bei nasaler Besiedlung und Infektionen bei Pferden in verschiedenen Kliniken der Veterinärmedizinischen Universität Wien (VUW)



gradualer Ausbildung (Internship). Insgesamt gesehen betrug die Häufigkeit des nasalen Trägertums von MRSA 9,1%, dabei waren Mitarbeiter mit wechselnder Tätigkeit doppelt so oft betroffen wie in den jeweiligen Kliniken fest angestellte. Mit der nasalen Besiedlung von Betreuungspersonal war neben infizierten und besiedelten Pferden ein weiteres Reservoir vorhanden, von dem aus MRSA auf Pferde übertragen werden konnten.

### Ergebnisse der molekularen Typisierung der MRSA von Pferden und von Menschen aus den klinischen Einrichtungen für Chirurgie, Interne, Orthopädie

Während des Untersuchungszeitraumes traten drei verschiedene MRSA-Stämme auf, deren Eigenschaften aus Tabelle 1 ersichtlich sind. Wie in Abbildung 2 gezeigt wird, traten bis

Ende 2005 ausschließlich Isolate der klonalen Linie ST254 auf; ein Cluster von Infektionen mit MRSA ST398 gab es im Jahr 2007. Dieser Typ trat Mitte 2006 erstmals bei einem Pferd im Zusammenhang mit einer Sinusitis auf, wobei die Herkunft für das erstmalige Auftreten innerhalb des Klinikums nicht geklärt werden konnte. Zeitgleich dazu wurden MRSA der klonalen Linien ST254 und ST398 als nasale Besiedler der Menschen, die als Veterinärpersonal, behandelnde Tierärzte oder Studenten zu diesen Tieren Kontakt hatten, isoliert (Abbildung 2). Im Jahr 2007 traten bei 3 Pferden Infektionen mit MRSA der klonalen Linie ST1 auf, bei Menschen erfolgte kein Nachweis.

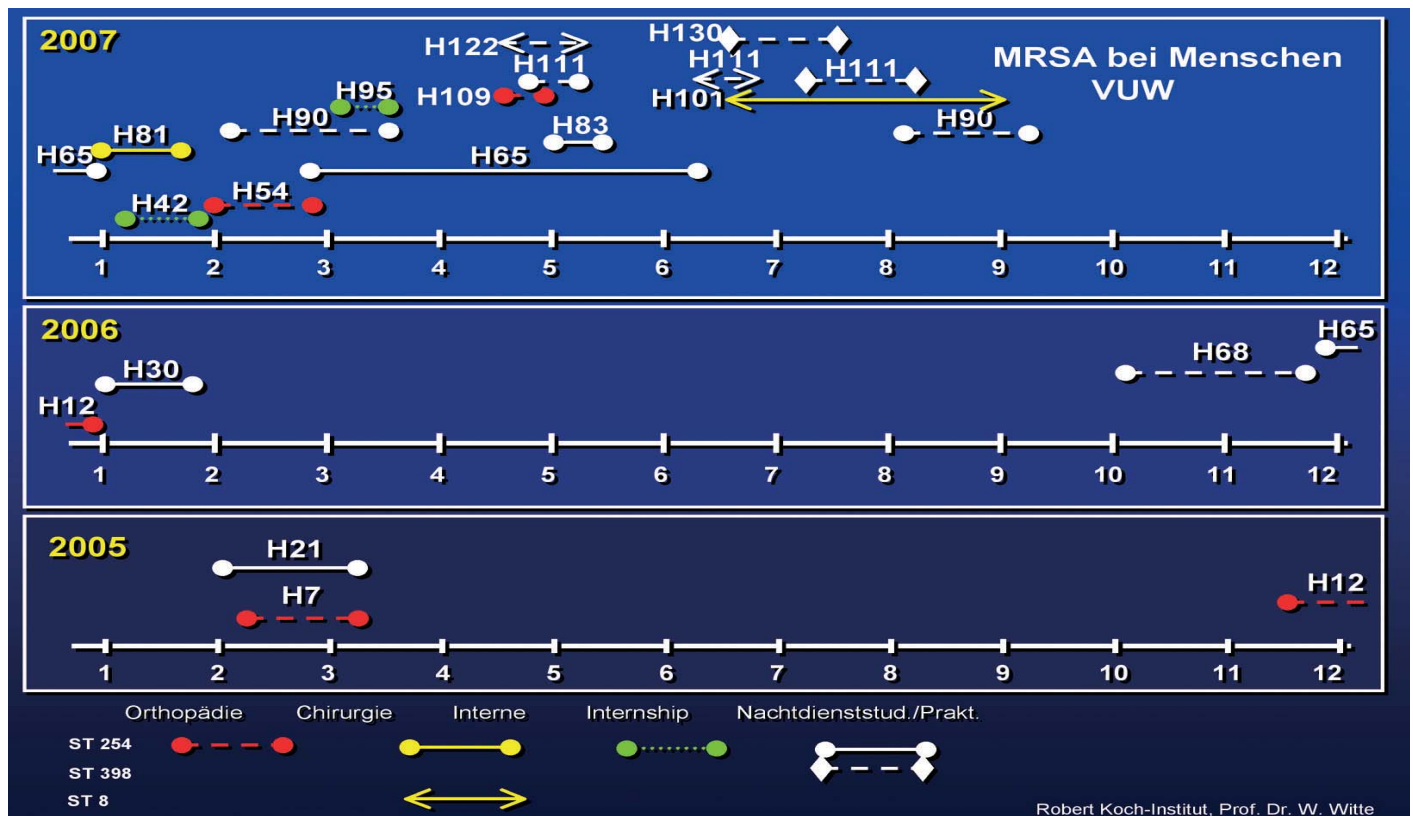
Den zeitlichen Verlauf des Nachweises von MRSA unterschiedlicher klonaler Linien beim Menschen zeigt die Abbildung 3.

### Ergebnisse der Untersuchung im Zusammenhang von Nasenabstrichen bei Menschen und Schweinen in Mastanlagen

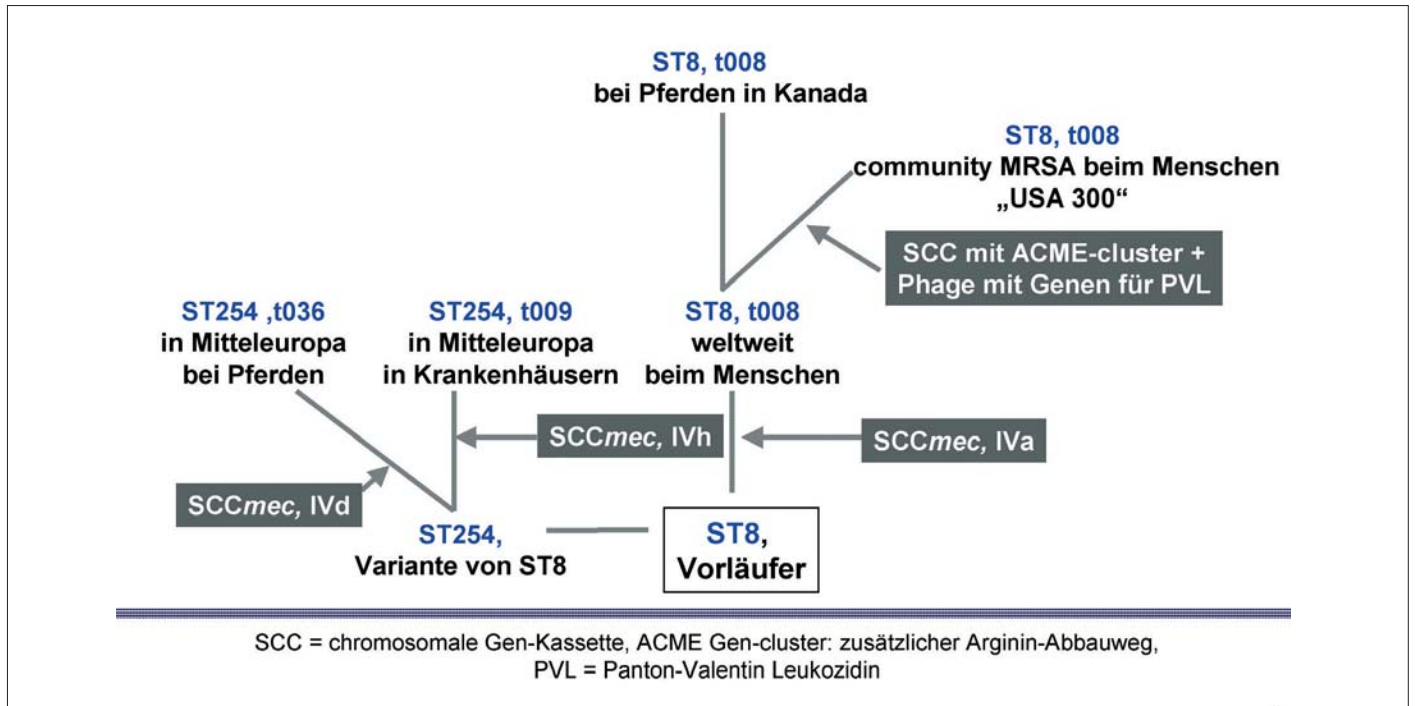
In 8 Betrieben, in denen MRSA ST398 bereits bei Schweinen als nasaler Besiedler bekannt war, erfolgte die Untersuchung der Nasenabstriche von Menschen mit unmittelbarer Exposition als auch von deren Familienangehörigen. Diese Ergebnisse sind in Tabelle 2 zusammengestellt.

Sie zeigen, dass bei mindestens einem Drittel der exponierten Menschen eine nasale Besiedlung mit MRSA vorlag. Es war deshalb von unmittelbarem Interesse zu untersuchen, inwieweit MRSA vom Typ ST398 als nasaler Besiedler bei weiteren Berufsgruppen mit Exposition zum Schwein vorkommen.

**Abbildung 2b:** Auftreten und Verbreitung von MRSA verschiedener klonaler Gruppen aus Nasenabstrichen bei Menschen in verschiedenen Kliniken der Veterinärmedizinischen Universität Wien (VUW)



**Abbildung 3:** Evolutionäre Beziehungen von MRSA des klonalen Komplexes CC8 von Menschen und von Pferden



Die Ergebnisse zu dieser Fragestellung zeigt Tabelle 3.

Die untersuchten Isolate stammen aus Norddeutschland und wurden uns dankenswerterweise durch Frau Dr.

Memken und Herrn Prof. Blaha, Außenstelle für Epidemiologie der Tierärztlichen Hochschule Hannover, zur Verfügung gestellt.

**Tabelle 2:** MRSA beim Menschen in Schweinemastbetrieben mit MRSA-Nachweis bei Schweinen

Anzahl Farm	Mensch mit Exposition	Mensch ohne Exposition
8 (Norddeutschland)	36 auf 8 Farmen 14 positiv für MRSA	8 auf 8 Farmen 0 positiv für MRSA
1 (Sachsen-Anhalt)	8 auf 1 Farm 6 positiv für MRSA	10 im Umfeld einer Farm 1 positiv für MRSA

**Tabelle 3:** Nasale Kolonisierung mit MRSA ST398 bei Menschen mit beruflichen Kontakten zur Schweinemast

Tierärzte	NL	4,6%	(7 von 152, allg. TÄ-Kongress)
	D	50%	(15 von 30, Expertenrunde)
„Fleischbeschauer“, Schwein	D	14%	(7 von 49)
	D	0%	(0 von 10)
Geflügel	D	0%	(0 von 10)

## Diskussion

Die bei Pferden der VUW aufgetretenen MRSA gehören zu den klonalen Linien ST254 (*spa* t036) und ST398 (*spa* t011) sowie ST1 (*spa* t127). Epidemische MRSA aus Krankenhäusern werden in Mitteleuropa zunächst nach geographischen Regionen ihres ersten Auftretens benannt. Der „Hannover-MRSA“ gehört ebenso wie die MRSA von Pferden zur klonalen Linie ST254, beide unterscheiden sich aber durch ihre *SCCmec*-Elemente (IVh gegen IVd) sowie im *spa*-Sequenz-Typ (t009 gegenüber t036). Dies führt zu der Schlussfolgerung, dass MRSA des Typs ST254 von Pferden und Menschen aus einem gemeinsamen noch gegen Methicillin-empfindlichen Ausgangsstamm hervorgehen, welcher jeweils adaptiert an Pferd und Mensch unterschiedliche *SCCmec*-Elemente erwarb. Verschiedene allerdings verwandte *spa*-Sequenztypen weisen dabei auf eine evolutionäre Distanz hin. MRSA ST254 t036 wur-

den, mit Ausnahme eines einzigen Falles (Besiedlung eines Fußulcus, festgestellt in einem Wiener Krankenhaus im Jahr 2006), bisher auch nicht in Zusammenhang mit Einzelfällen von Infektionen beim Menschen bekannt (Krziwanek et al. 2006, RKI 2007). Unsere Untersuchungen haben gezeigt, dass eine Übertragung auf den Menschen bezüglich nasalen Trägertums mit Exposition zu mit MRSA ST254 infizierten oder besiedelten Pferden möglich ist. Bisher wissen wir jedoch nicht, ob es zu weiteren Übertragungen auf Menschen des familiären Umfeldes ohne Exposition kommt. Auch für MRSA der klonalen Linie ST8, die in Kanada bei Pferden verbreitet ist, wurde eine Übertragung auf das Betreuungspersonal beschrieben (Weese et al. 2005). MRSA ST254 gehören zum klonalen Komplex CC8 von *S. aureus*, bei dem die klonale Linie ST8 offenbar als „Vorfahre“ gilt (Robinson et al. 2003; Enright et al. 2000). Diese Zusammenhänge zeigt Abbildung 3.

MRSA ST8, *spa* t008 ohne PVL (Panton-Valentin Leukozidin, assoziiert mit caMRSA) sind in Kanada bei Menschen und Pferden weit verbreitet (Weese et al. 2005). Hier kann eine wechselseitige Übertragung zwischen Mensch und Pferd nicht ausgeschlossen werden. Aus Infektionen bei Pferden und auch als nasale Besiedler bei Tierärzten und Pflegepersonal konnte durch uns MRSA der klonalen Linie ST398 isoliert werden. Das eigentliche Reservoir stellt sehr wahrscheinlich die nasale Besiedlung von Schweinen in Mastanlagen dar.

MRSA ST398 besitzen offenbar keine ausgeprägte Wirtsspezifität: sie ver-

ursachen außer beim Pferd (wie in dieser Mitteilung beschrieben) auch Infektionen beim Hund, hier Hautinfektionen, und beim Menschen Beatmungspneumonien in Krankenhäusern (Witte et al. 2007). In den Niederlanden sind MRSA ST398 bei Menschen mit unmittelbarem Kontakt zu Schweinen als nasale Besiedler weit verbreitet, vereinzelt traten auch Infektionen bei Menschen auf (Huijsdens et al. 2006). Unsere Ergebnisse zu MRSA ST398 bestätigen die aus den Niederlanden vorliegenden Daten (De Neeling 2007). Insgesamt gesehen ist der Anteil von MRSA ST398 an Infektionen in Krankenhäusern noch gering (0,3%) unter 5320 MRSA, die in den Jahren 2005 und 2006 diesbezüglich untersucht wurden (Daten des RKI, Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken). Im Falle des Andauerns des Auftretens von MRSA bei Tieren wäre eine Sanierung des nasalen Trägertums bei Menschen mit beruflichem Kontakt insgesamt nur sinnvoll im Zusammenhang mit Maßnahmen zur Eradikation der MRSA bei den Tieren. Bei geplanten Krankenhausaufenthalten sollte aber rein vorsorglich ein Aufnahme-Screening für diese Berufsgruppen und bei positivem Nachweis eine Sanierung (Mupirocin-Nasensalbe) vorgenommen werden. Hier ist jedoch bei bestehender beruflicher Exposition mit einer hohen Rate der Rebesiedlung zu rechnen (Friedrich et al. 2004).

#### Literatur:

1. Cuny, C., J. Kuemmerle, et al. (2006). "Emergence of MRSA infections in horses in a veterinary hospital: strain characterization and comparison with MRSA from humans." *Euro Surveill* 11(1): 44-47.

2. De Neeling, A., M. Van den Broek, et al. (2007). "High prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pigs." *Vet Microbiol* 122(3-4): 366-372.

3. Deutsches-Institut-für-Normung (2004). DIN 58940. Medical microbiology-susceptibility testing of pathogens to antimicrobial agents. 4. 4. Part 8: microdilution. General method specific requirements. DIN-Taschenbuch 222: Medizinische Mikrobiologie und Immunologie - Diagnostische Verfahren. D. D. I. f. N. e. V. (ed), Beuth-Verlag, Berlin: 342-353.

5. Devriese, L.A., L.R. Vandamme, et al. (1972). "Methicillin (cloxacillin) -resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from bovine mastitis cases." *Zbl Veterinärmedizin Reihe B19*: 598-605.

6. Enright, M., N.P. Day, et al. (2000). "Multilocus sequence typing for characterization of methicillin-resistant and methicillin-susceptible clones of *Staphylococcus aureus*." *J Clin Microbiol* 38(3): 1008-1015.

7. Friedrich, A.W. and K.G. Friedrich (2004). "Nosokomiale Infektionen in der modernen Klinik – Rationale Antibiotikatherapie." *Großtierpraxis* 5(1): 16-19.

8. Hiramatsu, K.I., L. Cui, et al. (2001). "The emergence and evolution of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*." *Trends Microbiol* 9: 486-493.

9. Huijsdens, X., B. van Dijke, et al. (2006). "Community-acquired MRSA and pig-farming." *Ann Clin Microbiol Antimicrobiol* 5: 26-29.

10. Juhász-Kaszanyitzky, E., S. Jánosi, et al. (2007). "MRSA transmission between cows and humans." *Emerg Infect Dis* 13: 630-632.

11. Kawano, J., A. Shimizu, et al. (1996). "Isolation of methicillin-resistant coagulase-negative *staphylococci* from chickens." *J Clin Microbiol* 34: 2072-7.

12. Krziwanek, K., C. Luger, et al. (2006). "MRSA in Austria – the epidemiological situation between 1996 and 2006." *Clin Microbiol Infect*.

13. Loeffler, A., A.K. Boag, et al. (2005). "Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among staff and pets in a small animal referral hospital in the UK." *J Antimicrob Chemother* 56(4): 692-697.

14. Milheirico, C., D.C. Oliveira, et al. (2007). "Multiplex PCR strategy for subtyping the staphylococcal cassette chromosome *mec* type IV in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: SCC*mec* IV multiplex." *J Antimicrob Chemother* 60(1): 42-48.

15. RKI (2007). "Zur MRSA-Situation in Deutschland 2005 und 2006." Epidemiologisches Bulletin 11(6): 1-6.
16. Robinson, D.A., Enright, M.C. (2003). "Evolutionary models of the emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*." Antimicrob Agents Chemother 47(12): 3926-3934.
17. Strommenger, B., C. Kehrenberg, et al. (2006). "Molecular characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains from pet animals and their relationship to human isolates." J Antimicrob Chemother 57: 461-465.
18. Strommenger, B., C. Kettlitz, et al. (2006). "Assignment of *Staphylococcus* isolates to groups by spa typing SmaI-macrorestriction analysis and multi locus sequence typing." J Clin Microbiol 44(7): 2533-2540.
19. Weese, J.S., M. Archambault, et al. (2005). "Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in horses and horse personnel, 2000–2002." Emerg Infect Dis 11: 430-435.
20. Weese, J.S., J. Rousseau, J.L. Traub-Dargatz, B.M. Willey, A.J. McGeer, D.E. Low (2005). "Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in horses and humans who work with horses." J Am Vet Assoc 226: 580-583.
21. Witte, W., Bräulke, C., Cuny, C., et al. (2005). "Emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* with Panton-Valentine leukocidin genes in central Europe." Eur J Clin Microbiol Infect Dis 24(1): 1-5.
22. Witte, W., B. Strommenger, et al. (2007). "Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in humans and animals, central Europe." Emerg Infect Dis 13(2): 255-258.

**Anschrift der Verfasserin:**

Dipl. med. vet. Christiane Cuny  
Robert-Koch-Institut,  
Bereich Wernigerode  
38855 Wernigerode, Burgstraße 37  
Deutschland

E-Mail: [cunych@rki.de](mailto:cunych@rki.de)