

Unerkannt: Gängige Schnelltests scheitern an neuen multiresistenten Keimen

Zwei marktführende Schnelltests können einen neuen multiresistenten Bakterienstamm nicht erkennen. Das hat ein Forscherteam des Leibniz-IPHT und des InfectoGnostics-Forschungscampus mit internationalen Partnern herausgefunden. In einer aktuellen Studie im Fachjournal Eurosurveillance zeigen die Forschenden, dass ein neuer Bakterienstamm, der sich in Europa zunehmend verbreitet, sein Genom so verändert hat, dass molekulare Tests ihn nicht mehr korrekt als MRSA erkennen. MRSA sind Bakterien der Art *Staphylococcus aureus*, die gegen das Antibiotikum Methicillin und auch die meisten anderen Antibiotika resistent, also unempfindlich werden. Die falsch-negativen Testergebnisse könnten zu Fehlentscheidungen bei der Antibiotika-Therapie führen und Maßnahmen zur Infektionsprävention in Kliniken verzögern.

In Europa breitet sich ein MRSA-Stamm aus, der zu einem großen Problem für bislang zuverlässige Tests zur Vorbeugung von Infektionen in Krankenhäusern darstellen könnte. Ein Forscherteam des Leibniz-IPHT und des [InfectoGnostics](#)-Forschungscampus hat gemeinsam mit einem internationalen Forscherteam nachgewiesen, dass einige der marktführenden PCR-Tests den neuen MRSA-Erreger mit dem Namen „European CC1-MRSA-IV“ nicht erkennen.

Molekulare Testmethoden haben die Infektionsprävention in vielen Ländern in den vergangenen Jahren entscheidend verbessert: Kommerzielle Testsysteme auf Basis der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) ermöglichen beispielsweise für MRSA ein systematisches Testen, um genauer zu bestimmen, welche Patienten isoliert untergebracht werden müssen, damit sich ein Erreger nicht weiter im Krankenhaus verbreitet („Aufnahmescreening“). Zudem werden solche Tests auch zu diagnostischen Zwecken – zum Beispiel an Blutkulturen von Sepsis-Patienten – eingesetzt, um eine erste Entscheidungsbasis für eine schnelle und wirksame Antibiotikagabe zu erhalten.

Der neue MRSA-Erreger bleibt nun jedoch gleich bei zwei verbreiteten Tests unerkannt. Sowohl der „BD Max StaphSR“-Assay des Herstellers Becton Dickinson als auch der „GeneXpert MRSA/SA BC“ von Cepheid scheiterten daran, die positive Probe eines Indexpatienten aus Graz korrekt als MRSA zu identifizieren. Kontrollen mit Isolaten dieses Stamms aus Deutschland, Rumänien und Irland zeigten für den „BD Max“ ebenfalls falsch-negative Resultate. Weitere Kontrollen mit dem Test von Cepheid konnten aufgrund der Covid19-Krise jedoch noch nicht durchgeführt werden. Nicht betroffen von dem Problem ist hingegen ein anderer Cepheid-Test für MRSA-Haut- und Gewebeeinfektionen (GeneXpert MRSA/SA SSTI).

Falsch-negative Tests könnten Menschenleben kosten

Der Grund für das Scheitern der Tests ist nach Einschätzung der Forschenden eine spezielle Veränderung im Erbgut des neuen Stamms: „Die Tests detektieren einen bestimmten Abschnitt im Genom des Bakteriums, an dem sich eine mobile Genkassette mit MRSA-typischen Resistenzgenen befindet. Genau in diesem Bereich hat der neue Stamm eine lange, zusätzliche Gensequenz, die wohl gemeinsam mit der kompletten Genkassette einer anderen Staphylokokken-Art transferiert wurde. Der Bereich, den die Tests erkennen sollten, ist deshalb so verändert, dass der Nachweis nicht mehr funktioniert. Deshalb bleibt das Testergebnis negativ, obwohl ein MRSA vorliegt.“ erläutert Dr. Stefan Monecke vom Leibniz-IPHT.

Ursprung des neuen Stammes ist vermutlich Südost-Europa: schon 2014 konnten ihn das Forscherteam in Rumänien [nachweisen](#). Aber auch in Irland, Italien, Deutschland und Österreich wurde der MRSA-Stamm nachgewiesen. In Bayern scheint er häufig zu sein, aus Nordrhein-Westfalen wurde zumindest von einem Ausbruch berichtet und auch in Sachsen wurden einzelne Fälle beobachtet. In einigen Isolaten des Stammes aus Irland kommt zudem ein zusätzliches Gen vor, das ihn resistent gegen Wirkstoffe macht, die häufig vor chirurgischen Eingriffen gegen die Besiedlungen mit MRSA eingesetzt werden (darunter auch Mupirocin; [doi: 10.1016/j.meegid.2019.01.021](#)).

„Bei einer solch weiten Verbreitung des Stammes können falsch-negative Tests schnell zu Fehlentscheidungen bei der Isolation von Patienten oder zur Gabe des falschen Antibiotikums führen – das kann Menschenleben kosten. Für die klinische Praxis ist es deshalb besonders wichtig, dass Ärzte zunächst konventionelle Antibiogramme einsetzen und die Hersteller schnellstmöglich aktualisierte molekulare Tests auf den Markt bringen“, bewertet Stefan Monecke die Lage.

Stefan Monecke ist habilitierter Facharzt für Mikrobiologie und gehört am Leibniz-IPHT der Forschungsabteilung für „Optisch-molekulare Diagnostik und Systemtechnologie“ an. Die Gruppe unter Leitung von Prof. Dr. Ralf Ehricht nutzt Mikroarray-Technologien und Sequenzierungsverfahren, um die Detektion und das Verständnis von Antibiotikaresistenzen zu verbessern.

Publikation: Monecke Stefan, König Elisabeth, Earls Megan R, Leitner Eva, Müller Elke, Wagner Gabriel E, Poitz David M, Jatzwauk Lutz, Vremeră Teodora, Dorneanu Olivia S, Simbeck Alexandra, Ambrosch Andreas, Zollner-Schwetz Ines, Krause Robert, Ruppitsch Werner, Schneider-Brachert Wulf, Coleman David C, Steinmetz Ivo, Ehricht Ralf. An epidemic CC1-MRSA-IV clone yields false-negative test results in molecular MRSA identification assays: a note of caution, Austria, Germany, Ireland, 2020. Euro Surveill. 2020;25(25):pii=2000929.
DOI: [10.2807/1560-7917.ES.2020.25.25.2000929](#)