

```
function loadTabControl_471() { window.TC_471 = new Array(); i = 0;
$$('#tabcontrol_471').each(function(s) { i++; elements = s.getElements('.tabs'); if(elements.length){ var
tcControl = new TabControl(s, { delay: 2500, tab_remember: 0, tab_cookieName: 'tabcontrolcookie-471',
tab_control: 'tabcontrol_471', behaviour: 'click', tabs: s.getElements('.tabs'), panes: s.getElements('.panes'),
selectedClass: 'selected', hoverClass: 'hover' }); window.addEventListener("hashchange",function(){
tcControl.onTabHashChange(); }); window.TC_471[i] = tcControl; } }); } /* * Bootstrap */ (function($) {
window.addEventListener('domready', loadTabControl_471); })(document.id);
```

- Projekt
- Projektleiter
- Doktorand
- Partner
- Publikationen

Einfluss der nasalen Mikrobiota bei Schweinen auf die Besiedlung mit "Livestock-associated Methicillin-resistant Staphylococcus aureus" (LA-MRSA)-Stämmen

Seit etwa einem Jahrzehnt werden Livestock-associated (LA) Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus*(MRSA)-Stämme (CC398-MRSA; mecC-MRSA) zunehmend als Besiedler von Nutztieren und Kontaminanten von tierischen Lebensmitteln gefunden. In Gebieten intensiver Tierhaltung werden diese über Tierkontakt in die humane Population getragen und dringen signifikant in Bereiche der stationären Patientenversorgung ein und führen dort als Zoonoseerreger zu infektionsbedingter Morbidität und Letalität.

Erkenntnisse über die Zusammensetzung der nasalen Mikrobiota (physiologische Flora) beim Schwein und deren Interaktion mit den bei Nutztierpopulationen (vorrangig Schwein, auch Rind, Geflügel, Pferd) nachgewiesenen LA-MRSA sind bisher nur sehr limitiert vorhanden oder fehlen. Sie bilden jedoch eine Grundvoraussetzung, um effektive kolonisationsverhindernde oder -eradizierende Strategien zu entwickeln.

In diesem Arbeitsschwerpunkt wird erstmals mittels moderner Identifizierungsmethodik detailliert eine Inventarisierung des kultivierbaren Anteils der Mikrobiota des Hausschweines (*Sus scrofa domesticus*) erfolgen, die angezüchteten und charakterisierten Isolate Teil einer Biobank werden und für Interaktionsstudien bezüglich mutualistischer versus antagonistischer Wechselwirkungen eingesetzt werden.



Prof. Dr. Georg Peters

Universitätsklinikum Münster
Institut für Medizinische Mikrobiologie
klinikum.uni-muenster.de



Andreas Schlattmann

Universitätsklinikum Münster

Institut für Medizinische Mikrobiologie
klinikum.uni-muenster.de

E-Mail: a.schlattmann@gmx.net

Verantwortlicher Partner

[Universitätsklinikum Münster \(UKM\)](#)

Weitere Partner

[Freie Universität Berlin \(FU\)](#)

Schlattmann A, von Lützu K, Kaspar U, Becker K. (2020) The Porcine Nasal Microbiota With Particular Attention to Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Germany-A Culturomic Approach. *Microorganisms* 8(4):514. doi: 10.3390/microorganisms8040514

Schlattmann A, von Lützu K, Kaspar U, Becker K. (2018) '*Rothia nasisuis*' Sp. Nov., '*Dermabacter porcinasus*' Sp. Nov., '*Propionibacterium westphaliense*' Sp. Nov. And '*Tessaracoccus nasisuum*' Sp. Nov., Isolated From Porcine Nasal Swabs in the Münster Region, Germany. *New Microbes New Infect* 26:114-117. doi: 10.1016/j.nmni.2018.09.005

Kriegeskorte A, Idelevich EA, Schlattmann A, Layer F, Strommenger B, Denis O, Paterson GK, Holmes MA, Werner G, Becker K.(2017) Comparison of Different Phenotypic Approaches To Screen and Detect *mecC*-Harboring Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*.*J Clin Microbiol* 56(1). pii: e00826-17.

