

Bronchiektasen: ambulantes Transmissionsrisiko von *Pseudomonas aeruginosa* gering

Cramer N et al. Low transmission risk of *P. aeruginosa* in a bronchiectasis clinic based on the knowledge of bacterial population biology. *Eur Respir J* 2019; doi:10.1183/13993003.02191-2018

Studien belegten wiederholt nosokomiale Infektionen mit *Pseudomonas aeruginosa* bei Mukoviszidose-Patienten. Bei der Kolonisierung von Bronchiektasen führen *Hämophilus influenzae*, *Streptokokkus pneumoniae* und *Pseudomonas aeruginosa*. Die Forschergruppe aus Hannover überprüfte die Häufigkeit von Kreuzinfektionen mit *Pseudomonas aeruginosa* bei Erkrankten mit Bronchiektasen ohne Mukoviszidose.

Europäische Bronchiektasie-Netzwerke verabschiedeten 2018 ein Positionspapier, in dem das Risiko nosokomialer Infektionen mit *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) gering eingestuft wurde. Die Stellungnahme resultierte aus Studien, die zu unterschiedlichen Ergebnissen gekommen waren. Das veranlasste Wissenschaftler der Medizinischen Hochschule Hannover zu einer Überprüfung für das ambulante Setting. In Hannover liegt eine der weltweit größten Sammlungen von *P. aeruginosa*-Isolaten vor. Von November 2017 bis Mai 2018 erfolgte bei 143 ambulanten Patienten mit Bronchiektasen eine Genotypisierung des Lungensekrets. Kulturen bestätigten eine Besiedlung mit *P. aeruginosa* in 49 Fällen (34%). 1 Patient wies eine Ko-Kolonisierung (2 Klone) auf. Von 8 Patienten lagen mehrere Proben vor, die identische Genotypen ergaben. Die Forscher verglichen das Spektrum der Klontypen von den Patienten und den globalen Populationen in der Umgebung, bei akuten Lungeninfektionen und chronischen Infektionen bei Mukoviszidose-Patienten. Die jeweils 15 häufigsten Klone in der Umgebung, bei akuten Infektionen und chroni-

schen Infektionen bei Mukoviszidose-Patienten kamen bei 22%, 28% und 24% der Bronchiektasie-Gruppe vor.

Von den 49 Erkrankten mit *P. aeruginosa*-Besiedlung wiesen 5 Paare und 4 Trios Überlappungen auf. Ein identischer Genotyp bestand bei 3 Patienten-Paaren und 2 Patienten-Trios. Daraus resultierte die Möglichkeit einer Transmission aus geteilten Quellen. Die epidemiologische Untersuchung ergab Argumente dagegen:

- In keinem Fall hatten sich die Ambulanztermine überschritten.
- 9 von 12 Patienten wiesen bereits bei der Erstvorstellung in der Ambulanz eine Besiedlung mit *P. aeruginosa* auf.
- 4 Proben mit übereinstimmenden Genotypen wurden bei der Erstvorstellung gesammelt.

In einem Venn-Diagramm verdeutlichen die Autoren die Habitat-spezifischen (Umgebung, akute Infektionen, chronische Infektionen bei Mukoviszidose, Bronchiektasen) und geteilten Klontypen der *P. aeruginosa*-Population. 5 Klontypen (Hexadezimal-Code 0C2A, EA0A, EC29, F429 und F469) wiesen im Multi-Marker-Microarray identische Typen des Kern- und akzessorischen Genoms auf.

FAZIT

Bei Bronchiektasen müssen gemeinsame Genotypen von *P. aeruginosa* im Kontext der Populationsbiologie und der Patientenakten eingeordnet werden, so die Autoren. Die Studie habe keine Hinweise auf eine Übertragung durch Mitpatienten ergeben. Die Resultate unterstützten somit das Positionspapier der Fachgruppen. Für Patienten mit Bronchiektasen sei das Risiko einer Kreuzinfektion mit *P. aeruginosa* gering.

Dr. med. Susanne Krome, Melle