

6. Zusammenfassung

Nosokomiale Infektionen, hervorgerufen vor allem durch multiresistente Erreger, stellen ein stetig wachsendes Problem dar.

In der Lungenklinik Heckeshorn war seit 1994 ein zunehmend häufigerer Nachweis von *Stenotrophomonas maltophilia* (SMA) auf der Intensivstation (ITS) aufgefallen.

Stenotrophomonas maltophilia hat sich in den letzten Jahren aufgrund seiner Multiresistenz gegenüber vielen Antibiotika zu einem gefürchteten Hospitalkeim entwickelt.

Ziel der vorliegenden Studie war zum einen die prospektive Erfassung der Anzahl nosokomialer SMA-Infektionen oder -Kolonisationen durch Nachweis des Erregers in signifikanter Keimzahl aus klinischem Untersuchungsmaterial von Patienten mit Infektionsverdacht, ferner die Ermittlung der antibiotischen Resistenzsituation dieser typischen Hospitalkeime. Zum anderen sollten in einer Fall-Kontroll-Studie potentiell unabhängige Risikofaktoren für eine SMA-Infektion oder -Kolonisation ermittelt werden. Weiterhin sollte eine Genotypisierung dieser SMA-Isolate Aufschluss darüber geben, ob es sich dabei um einen Ausbruch mit einem identischen Klon handelt oder die Patienten mit verschiedenen Stämmen infiziert waren.

Es wurden dazu im Zeitraum vom 1. Juli 1997 bis 30. Juni 1998 alle Patienten erfasst, die auf die Intensivstation aufgenommen und dort mindestens fünf Tage behandelt wurden. Dieses Kriterium traf für 111 Patienten zu.

Die mikrobiologische Erfassung zur quantitativen Bestimmung von *Stenotrophomonas maltophilia* in klinischen Untersuchungsmaterialien machte eine Erfassung aller bei Infektionsverdacht genommenen Proben notwendig.

Für die statistische Auswertung war eine Umwandlung der Daten in eine Exceltabelle, sowie ein relationales Datenbankmanagementsystem notwendig. Durch eine univariate Analyse wurde die Signifikanz einzelner Risikofaktoren zwischen Patienten mit SMA-Nachweis und Patienten ohne diesen Nachweis geprüft. Mittels eines multivariaten, d.h. mehr-faktoriellen Verfahrens, der logistischen Regression, wurden die im univariaten Verfahren als signifikant erhobenen Risikofaktoren auf ihre Unabhängigkeit geprüft.

Die Genotypisierung erfolgte durch zwei unabhängige PCR-basierte Fingerprintverfahren: RAPD-PCR und REP-PCR. Zusätzlich wurden die Isolate mittels Pulsfeld-Gel-Elektrophorese typisiert.

Es hatten insgesamt 65 von den 111 Patienten (58,6%) mindestens einen Erregernachweis. Bei 16 Patienten (14%) ließ sich *Stenotrophomonas maltophilia* in signifikanter Keimzahl nachweisen. Dieser Keim stellte somit nach *Pseudomonas aeruginosa* und *Staphylococcus aureus* den dritthäufigsten isolierten Erreger auf der ITS in diesem Zeitraum dar.

Klinisch manifestierte sich SMA bei zehn Patienten als purulente Bronchitis, davon bei acht Patienten als Exazerbation einer chronisch obstruktiven Lungenerkrankung (COPD). Zwei weitere Patienten litten an einer Pneumonie; die restlichen vier Patienten waren mit SMA lediglich kolonisiert.

In der univariaten Analyse fanden sich invasive Techniken auf der ITS und eine maschinelle Beatmung signifikant häufiger bei Patienten der SMA-Gruppe. Nach Berechnungen durch das multivariate Verfahren traten jedoch die antibiotische Vortherapie, insbesondere mit Carbapenemen, die COPD als schwere Grunderkrankung und die Behandlungsdauer auf der ITS als wesentliche Risikofaktoren für eine SMA-Infektion hervor.

Die Resistenztestungen der insgesamt 71 SMA-Isolate ergab für nur zwei Antibiotika eine über 90% liegende Empfindlichkeit gegenüber diesem Keim: Ticarcillin/Clavulansäure und Clinafloxacin.

In zwei Fällen fanden sich Resistenzänderungen während des Krankheitsverlaufes.

Durch die Genotypisierung konnten 18 Isolate von 15 Patienten insgesamt neun Klonen zugeordnet werden. Von den neun Klonen wurden fünf einmalig nachgewiesen. Ein weiterer Stamm dagegen fand sich siebenfach, davon identisch in drei Isolaten desselben Patienten.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass eine direkte Übertragung von einem Intensivpatienten zum anderen ein eher geringes Problem darstellte.

Trotz resistenzgerechter Therapie starben vier von 111 Patienten (33% der SMA-Infizierten), welches als Hinweis auf die Virulenz des Erregers, aber auch auf die fortgeschrittene Grunderkrankung der betroffenen Patienten gewertet werden musste.