Erste Hinweise auf mögliche gesundheitliche Probleme beim Tragen von MNS/Atemschutzmasken

Dr. Andreas Bermpohl, Nov. 2020

Die folgende Studie zu Atemschutzmasken wurde von mir als Privatperson initiiert. Diese Studie ist primär nicht wissenschaftlich. Sie muss aber die behördlichen Stellen (Gesundheitsämter, Umweltbundesamt, RKI, etc.) zumindest zur Hinterfragung aktivieren.
Ich halte es für unabdingbar, das genau die hier betrachteten Parameter (Keimzahlen/ Atemgaskonzentrationen) auf wissenschaftlicher Basis für eine **Gefährdungsbeurteilung** zum Tragen von MNS/Atemschutzmasken herangezogen werden. Bei physiologischer Beeinträchtigung der Atmung (*der Inspirations.- und Exspirationswiderstand wird zweifelsfrei durch Schutzmasken jeglicher Art beeinträchtig!*) ist eine differenzierte Betrachtung unter Abschätzung aller potentieller Risiken insbesondere für Menschen mit Vorerkrankungen (z.B. COPD, Herz-Kreislauferkrankungen etc.), Menschen mit supprimiertem Immunsystem (z.B. Diabetes mellitus, Krebspatienten in Therapie), Menschen in Altenpflegeheimen…, Kindern…unabdingbar. Bereits im April 2020 wurde von Bölke in einem Artikel im Ärzteblatt auf die Problematik einer Hyperkapnie hingewiesen.

Ausgangssituation:
Als Mikrobiologe habe ich den Umgang mit Atemschutzmasken beobachtet und erkannt, dass hier Aufklärungsbedarf besteht.

1. Mikrobiologischer Aspekt

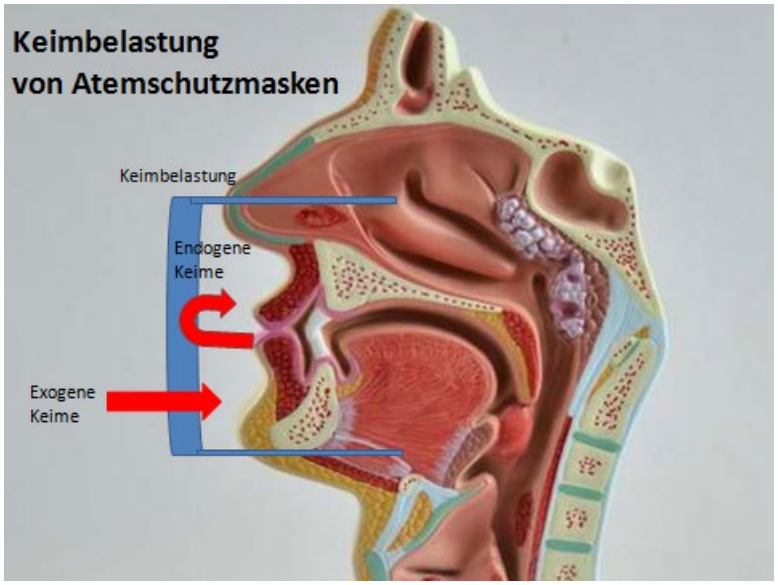

Abb1. Exogene/endogene mikrobielle Belastung von Masken

Die zu klärende Fragestellung ist, ob sich Keime in Atemschutzmasken vermehren können (**Abb.1**) (exogener / endogener Herkunft) und damit die Möglichkeit einer kontaminösen Inspiration gegeben ist.

Neben der Kontamination durch die körpereigene mikrobielle Flora, die ja bei intaktem Immunsystem (IgA, Makrophagen) auf der Körperoberfläche zunächst als unproblematisch zu betrachten ist, kommt es aber bei Exspiration und Beaufschlagung von Maskenmaterial mit Tröpfchen/Aerosolen zu einer unkontrollierten Proliferation im Maskenmaterial selbst.(Feuchtigkeit 99,9%rF, optimale Temperatur)
Besteht damit eine Gefährdung für immunsupprimierte Menschen insbesondere bei fehlerhafter Anwendung von Masken??

Um dies zu untersuchen wurden zunächst Abstriche von gängigen Masken durchgeführt. Hierzu wurde eine Schulklasse (Alter 17-22 Jahre) gebeten, ihre Atemschutzmasken spontan zur Verfügung zu stellen. (Tragezeit variabel, also entsprechend dem tatsächlichen Umgangsverhalten mit Masken) Die Keimzahl auf der Innenseite der Masken n=17 lag bei keiner der geprüften Masken unter 50 KBE pro 25 cm^2. (**Abb. 2-4**)

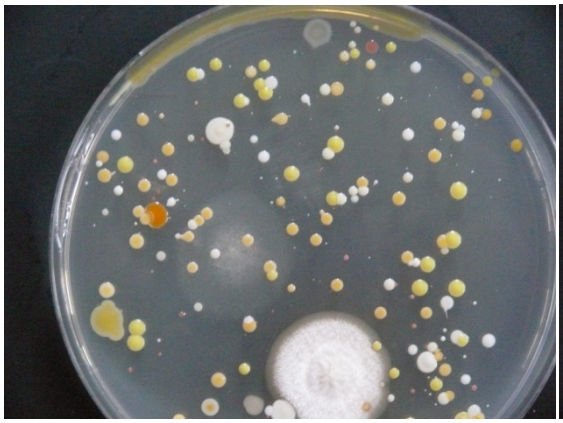

Abb. 2 Abstrich Maskeninnenseite

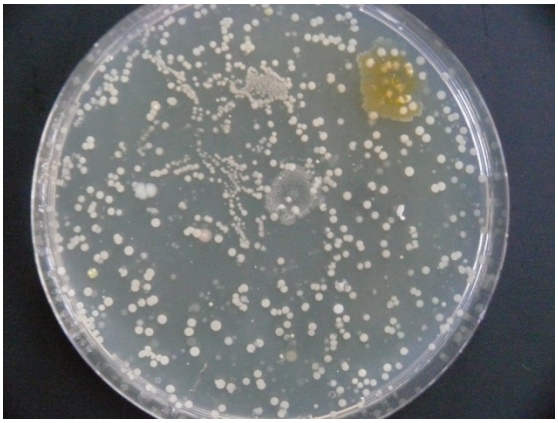

Abb.3 Abstrich Maskeninnenseite

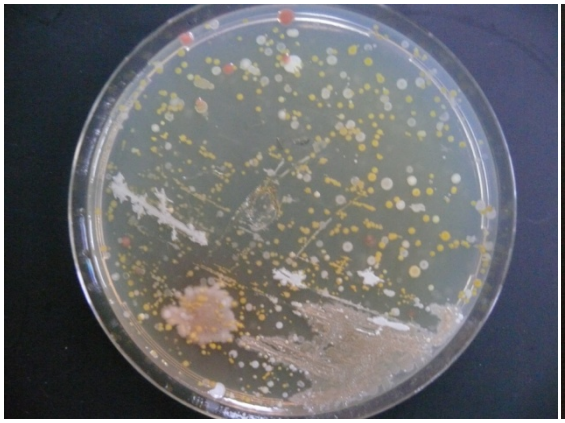

Abb. 4 Abstrich Maskeninnenseite

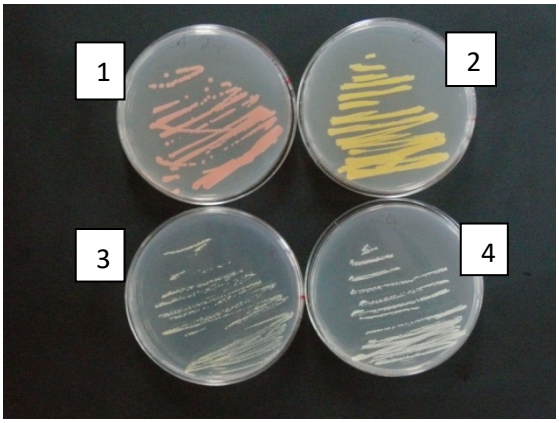

Abb.5 Keimvereinzelung zur Taxonomie

Zur groben Orientierung:
Für raumlufttechnische Anlagen (im Volksmund „Klimaanlage“), die den Menschen genügend gesundheitlich zuträgliche Atemluft zur Verfügung stellen sollen, gilt bereits ab einer Keimbelastung von 50 und 100KBE/25cm^2 auf Bauteiloberflächen Handlungsbedarf! (VDI 6022, Hygiene von Raumlufttechnischen Anlagen)
Diese ersten Ergebnisse haben dazu geführt weitere systematische Untersuchungen durchzuführen, die derzeit noch nicht abgeschlossen sind.

Signifikant auftretende Keime wurden von den Gesamtkeimzahlanalyseplatten isoliert und in Reinkultur angezogen (**Abb. 5**). Von diesen Platten wurde eine taxonomische Analyse in einem separaten Labor in Auftrag gegeben. Der Keim 1, **Abb. 5** ,(rosa gefärbt) ist nach mikroskopischer Analyse als Hefe einzuordnen. Die weiteren Keime (2-4) wurden als Bakterien einer 16S rDNA Analyse unterzogen. Das hierzu beauftragte Labor ist in OWL zugelassen und wird hier aus Datenschutzgründen nicht benannt, der Briefkopf wurde nicht mit eingescannt (**Abb.6**) kann aber jederzeit im Original eingesehen werden.

Die Isolate drei und vier **Abb. 5** konnten als Pathogen der Risikogruppe 2 (TRBA 466, Einstufung von Prokaryonten) identifiziert werden.

Abb. 6 16S rDNA Analyse zur Taxonomie, Isolat drei und vier

16S rDNA-Sequenzierung

Name: 3. Bakterium
Material: Isolat
Auftrags-Nr: 39614028
PCR-Nr: 20P-25325

Bakterienspezies: ***Staphylococcus pasteuri***
Homologie: ***99,58%***

Description	Max Score	Per. Ident	Accession
Staphylococcus pasteuri strain CT1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	MT072161.1
Staphylococcus pasteuri strain A63 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	MN368257.1
Staphylococcus pasteuri strain 3C chromosome, complete genome	863	99.58%	CP031280.1
Staphylococcus pasteuri strain PL557 16S ribosomal RNA gene, partial sequence; 16S-23S ribosomal RNA intergenic spacer, complete sequence; and 23S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	MK015858.1
Staphylococcus pasteuri strain PL556 16S ribosomal RNA gene, partial sequence; 16S-23S ribosomal RNA intergenic spacer, complete sequence; and 23S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	MK015856.1
Staphylococcus pasteuri strain 10-1A 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	MN121237.1
Staphylococcus pasteuri strain PCM 2445 16S ribosomal RNA gene, partial sequence; 16S-23S ribosomal RNA intergenic spacer, complete sequence; and 23S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	MF678895.1
Staphylococcus pasteuri strain CM2_AKZM_32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	MH174447.1
Staphylococcus pasteuri strain ATCC 51129 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	MG757632.1
Staphylococcus pasteuri strain JS7 chromosome, complete genome	863	99.58%	CP017463.1
Staphylococcus pasteuri strain SS-32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	KX946167.1
Staphylococcus pasteuri strain S-35 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	100.00%	KX946165.1
Staphylococcus pasteuri strain 42J 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	KR809418.1
Staphylococcus pasteuri partial 16S rRNA gene, strain mammoth-5	863	99.58%	LN998077.1
Staphylococcus pasteuri strain PD18A.5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	KP267845.1
Staphylococcus pasteuri strain IHB B 7069 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	KJ767309.1
Staphylococcus pasteuri partial 16S rRNA gene, isolate 5U	863	99.58%	LK391542.1
Staphylococcus pasteuri strain Zion 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	863	99.58%	KJ958910.1
Staphylococcus pasteuri partial 16S rRNA gene, isolate N43	863	99.58%	LK020727.1

16S rDNA-Sequenzierung

Name: 4. Bakterium
Material: Isolat
Auftrags-Nr: 39614032
PCR-Nr: 20P-25326

Bakterienspezies: ***Staphylococcus haemolyticus***
Homologie: ***99,16%***

Description	Max Score	Per. Ident	Accession
Staphylococcus haemolyticus strain OL21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	857	99.16%	MK875667.1
Staphylococcus haemolyticus strain 5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	857	99.16%	MH368118.1
Staphylococcus haemolyticus strain OZK25 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	857	99.16%	KT696497.1
Staphylococcus haemolyticus strain GL 3420 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	857	99.16%	KP033211.1
Staphylococcus haemolyticus partial 16S rRNA gene, isolate C4	857	99.16%	HG941660.1
Staphylococcus haemolyticus partial 16S rRNA gene, strain ES-13a2	857	99.16%	FN393797.1
Staphylococcus haemolyticus strain SW-1/RSH 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	857	99.16%	FJ394023.1
Staphylococcus haemolyticus partial 16S rRNA gene, strain dtb41	857	99.16%	AJ309920.1
Staphylococcus haemolyticus partial 16S rRNA gene, strain ES-263-1	854	98.95%	FN393802.1
Staphylococcus haemolyticus strain af-B11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	852	98.95%	MN512296.1
Staphylococcus haemolyticus strain af-B2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	852	98.95%	MN512280.1
Staphylococcus haemolyticus strain JZ R-86 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	852	98.95%	MH119701.1
Staphylococcus haemolyticus partial 16S rRNA gene, isolate M89	852	98.95%	LN997938.1
Staphylococcus haemolyticus strain GL 4440 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	852	98.95%	KP033217.1
Staphylococcus haemolyticus strain NZPCWH-19 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	850	98.74%	MN080865.1

Die taxonomische Analyse führte zu folgenden Ergebnissen (prozentuale Signifikanz in Klammern):
1. *Rhodoturula spec*. (Mikroskopisch, Andreas Bermpohl) rosa, links oben **Abb.4**

2.*Kocuriza rhizophila* (99,56%) gelb, rechts oben Abb. 4

3.*Staphylococcus pasteuri* (99,58%) Weiss, links unten Abb. 4

4.*Staphylococcus haemolyticus* (99,16%) Weiss, rechts unten Abb. 4

Mit diesen anfänglichen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass auf der Innenseite von Atemschutzmasken mit variabler Tragezeit pathogene Mikroorganismen der Risikogruppe 2 vorkommen können. (Anzucht auf PC Medium, 48h bei 30 Grad Celsius)
Staphylococcus haemolyticus und *Staphylococcus pasteuri* sind als Pathogen der Risikogruppe 2 einzuordnen!!

Das Vorkommen von Pathogenen auf der Innenseite einer Atemschutzmaske sollte zumindest dazu führen, das eine Risikoabschätzung in Betracht gezogen wird.
Bei einer Durchnässung der Masken (und Annähernd Körpertemperatur!) ist weiterhin davon auszugehen, das die in der Luft befindlichen Schimmelpilze exogener Natur das Maskenmaterial durchwachsen können und inspiriert werden.

2. Physiologischer Aspekt

In einer zweiten Fragestellung wurde untersucht, ob die freie Durchlässigkeit von Atemschutzmasken für die Atemgase gegeben ist.

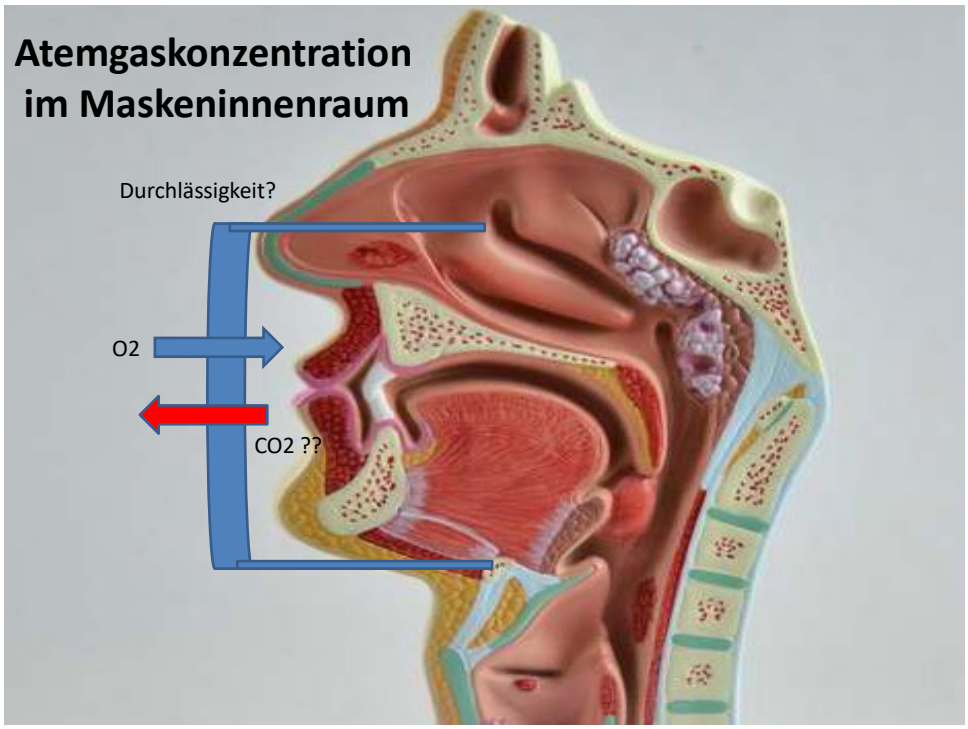

Abb.7 Physiologische Verschiebung der Atemgase?

Gemessen wurde hierzu der CO_2 Gehalt unter einer FFP2 Maske ohne Ausatemventil.
Eingesetzt wurde hierzu ein Testo-Infrarotsensor und zum Abgleich ein Dräger CO_2 Messröhrchen.

Abb. 7 Testo-Infrarotsensor Messung

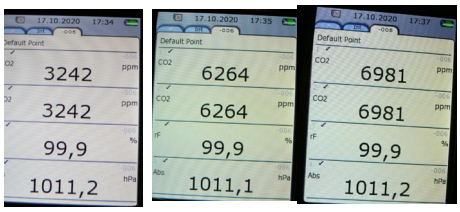

Abb.8 Messwerte über 4 Minuten;
CO2 Anreicherung und %relative Luftfeuchte

Abb. 9 Kontrolle Dräger Messröhrchen
Kontrolle: Dräger Messröhrchen mit Feuchtigkeitsadsorptionszone, bereits bei 100ml Probevolumen > 3000 ppm CO_2

Die Ergebnisse zeigen, das sich hinter einer Atemschutzmaske (FFP2) in kurzer Zeit (4 Minuten) eine CO_2 Konzentration von etwa 7000ppm einstellt.
Die gemessenen CO_2 Konzentrationen wiedersprechen z.T. den derzeitigen Angaben der Maskenherstellern, das die Atemgase frei passieren können. CO_2 Konzentrationen im Totvolumen vor der Maske von 7000ppm führen bei Inspiration von 500ml Luftvolumen pro Atemzug mit etwa 500ppm CO_2 unter Berücksichtigung des Verdünnungseffektes zu einer kontinuierlichen Inhalation von rund 1800ppm CO_2. Ab 100ppm beginnt der Mensch zu ermüden. In der Zeitschrift Medizin und Technik, 9.04.2020 wurde hierauf bereits unter Bezugnahme auf eine Doktorarbeit von Ulrike Butz für einfache chirugische Masken hingewiesen.

Zusammenfassung
Mit diesen anfänglichen Untersuchungen konnte demonstriert werden, dass auf MSN/Atemschutzmasken pathogene Mikroorganismen der Risikogruppe 2 vorkommen können. (*Anzucht auf PC Medium, 48h bei 30 Grad Celsius, 16S rDNA Analyse*).
Es ist dringend notwendig über den sachgerechten Umgang mit Atemschutzmasken zu informieren, da auch ein Großteil der zur Zeit getesteten Masken mit Tragezeiten <4h hohe und nicht akzeptable Gesamtkeimzahlen aufweisen.
Die Luftfeuchte von 99,9 % unter einer FFP2 Maske sorgt für eine schnelle Material-Durchfeuchtung. Es ist davon auszugehen das MNS/Atemschutzmasken in kurzer Zeit zu Keimschleudern werden können. Insbesondere zu der nun folgenden kalten Jahreszeit kann es bei Erkrankungen des oberen

Atemtraktes (z.B. Rhinitis mit bakterieller Superinfektion) notwendig sein, die Tragepflicht für MNS/ Atemmasken zu verifizieren.
Ein Risiko für Menschen mit geschwächtem Immunsystem(Diabetes, Krebstherapie) , Herz.-Kreislauferkrankungen und COPD (chronisch obstruktiven Lungenerkrankungen) ist damit nicht aus zu schließen.
Eine Gefährdungsbeurteilung ist einzufordern, die insbesondere neben den benannten Risikogruppen auch Kinder mit einbezieht. Eine differenzierte Gefährdungsbeurteilung zur Maskenpflicht auch unter Berücksichtigung einer möglichen Hyperkapnie ist bis heute nicht durchgeführt worden.

Diese ersten Untersuchungen erheben aufgrund begrenzter Mittel nicht den Anspruch wissenschaftlich zu sein, aber Sie geben einen Hinweis an alle zuständigen Behörden endlich im Sinne einer differenzierten Gefährdungsbeurteilung die Maskenpflicht zu bewerten.

Kontakt:
Dr. Andreas Bermpohl
Hülsbrockstr.121
33334 Gütersloh
ABermpohl@t-online.de