ROBERT KOCH INSTITUT

Epidemiologisches Bulletin

17. Oktober 2019 / Nr. 42 AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2017/2018

Daten zur Häufigkeit von MRSA in Deutschland

Die nationale Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS) am Robert Koch-Institut (RKI) basiert auf Resistenzdaten aus der Routinediagnostik der stationären und ambulanten Versorgung. Der Anteil von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) an allen *S.-aureus*-Isolaten aus **allen Probenmaterialien** zeigt in diesem Surveillance-System seit Jahren rückläufige Tendenzen: In der stationären Versorgung sank der Anteil von 23,8 % im Jahr 2010 auf 13,3 % im Jahr 2018, in der ambulanten Versorgung von 13 % im Jahr 2010 auf 7,7 % im Jahr 2018 (Datenstand: 23.8.2019, Datum der Abfrage: 10.10.2019).[1]

Resistenzdaten aus ARS für **invasive Isolate** (Blutkulturen und Liquor) werden an das *European Antimicrobial Resistance Surveillance Network* (EARS-Net) übermittelt und ermöglichen so einen Vergleich im europäischen Kontext. Hier zeigt sich für Deutschland seit mehreren Jahren in Folge ein signifikanter Rückgang des Anteils von MRSA an allen *S.-aureus*-Isolaten von 12,8 % im Jahr 2013 auf 7,6 Prozent im Jahr 2018. Der europäische Durchschnitt sank ebenfalls von 18 % im Jahr 2013 auf 16,9 % im Jahr 2017. Dabei ist allerdings zu beachten, dass neben europäischen Ländern mit geringen MRSA-Raten (wie z. B. die Niederlande, Norwegen und Dänemark), diese in südeuropäischen Ländern (z. B. Griechenland und Portugal) 2017 weiterhin bei mehr als 35 % lagen.[2]

In der Surveillance der Antibiotika-Anwendung und bakteriellen Resistenzen (SARI) werden Daten zu Antibiotika-Verbrauch und Resistenzraten auf deutschen Intensivstationen erfasst. Dabei zeigt sich eine kontinuierliche Abnahme der MRSA-Rate von 27,2 % im Jahr 2011 auf 18,8 % im Jahr 2017 (https://eu-burden.info/sari/auswertung/down/RR_ZEIT.pdf).

Der direkte Nachweis von MRSA in Blutkulturen oder Liquor ist meldepflichtig gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG). Im Rahmen der MRSA-Meldepflicht wurden 2018 2.424 Fälle übermittelt, das waren 15 % weniger als 2017. Insgesamt 99 % der Nachweise stammten aus Blutkulturen. Seit Einführung der Meldepflicht im Juli 2009 ist eine Abnahme der Fallzahlen zu beobachten. Allerdings sind regional große Unterschiede zu verzeichnen, so lagen die Inzidenzen 2018 zwischen 1,0 Fällen pro 100.000 Einwohner in Baden-Württemberg und 5,3 Fällen pro 100.000 Einwohner in Mecklenburg-Vorpommern. Die verfügbaren Surveillance-Daten lassen allerdings aktuell keine Ursache für diese Unterschiede erkennen.[3-5]

Eigenschaften von MRSA in Deutschland – Einsendungen an das Nationale Referenzzentrum

Das Netzwerk einsendender Labore, von denen das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Staphylokokken und Enterokokken 2017/2018 Staphylokokken-Isolate erhielt, umfasste ca. 250 diagnostische Einrichtungen aus allen Bundesländern. Im NRZ erfolgte die Bearbeitung von 6.526 Staphylokokken-Isolaten

Diese Woche 42/2019

Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2017/2018

Berufung des NRZ für Mykobakterien

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 39. Woche 2019

Zur aktuellen Situation bei ARE/ Influenza in der 41. KW 2019

	2017	2018
Anzahl aller bearbeiteten Isolate	3.615	3.376
davon Routineeinsendungen (außerhalb gezielter Studien)	3.497	3.029
davon Einsendungen im Rahmen von Studien/Projekten	118	347
Anzahl der durchgeführten Untersuchungen		
spa-Typisierung	3.328	3.108
Multilocus-Sequenztypisierung (klassisch)*	34	7
Resistenzbestimmung mittels Mikrobouillonverdünnung	3.615	3.276
Toxinbildung (Latexagglutionationstests TSST bzw. EntA,B,C,D)	400	432
Multiplex-PCR für CA-MRSA-Marker	867	902
PCR für Virulenz-/Toxin-Gene	147	226
PCR für *mecA* und weitere Resistenzgene	4.069	3.758
SCC*mec*-Typisierung	10	11
NGS-Sequenzierung	65	100

Tab. 1: Übersicht zur Struktur der Einsendungen und durchgeführten Untersuchungen 2017/2018

*Bestimmung des MLST-Typs mittels Sanger-Sequenzierung, der MLST-Typ wird bei vorliegenden NGS-Daten aus diesen Daten abgeleitet (letzte Zeile u. ff.)

aus Routineeinsendungen. Weitere 465 Stämme wurden im Zusammenhang mit verschiedenen gezielten Projekten charakterisiert. In der Regel erhält das NRZ Einsendungen mit konkreten Fragestellungen im Sinne der Referenzdiagnostik, z. B. Bestätigung der Spezies, eines bestimmten Resistenzphänotyps, spezieller Virulenzfaktoren, etc. Weiterhin werden Isolate zur Typisierung eingesandt, um (vermutete) epidemiologische Zusammenhänge aufzuklären. Tabelle 1 fasst die durchgeführten Typisierungen sowie die phänotypischen und genotypischen Nachweise von Antibiotikaresistenz- und Virulenzdeterminanten für Staphylokokken zusammen.

Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland

Mittels molekularer Typisierung werden in der *S.-aureus*-Population bestimmte klonale Linien und davon abgeleitet „Subklone" definiert, die es ermöglichen, epidemiologische und evolutionäre Zusammenhänge zu erkennen. Im NRZ wird die *spa*-Typisierung als Basismethode angewendet; die Multilocus-Sequenztypisierung (MLST) wird als „Goldstandard" für die Definition von klonalen Linien ergänzend durchgeführt. Die Zuordnung von Isolaten zu klonalen Linien (ST) und klonalen Komplexen (CC) nur aufgrund des *spa*-Typs ist bei epidemiologischen Analysen über begrenzte Zeiträume oder für definierte geografische Regionen meist ausreichend; bestimmte Fragestellungen erfordern jedoch detailliertere Analysen mit hochauflösenden, auf *Next Generation Sequencing* (NGS) Daten basierenden Typisierungsverfahren.

Die vorherrschenden epidemischen MRSA in deutschen Krankenhäusern (Healthcare-assoziierte MRSA; HA-MRSA) sind Isolate der **klonalen Linien ST22 („Barnim-Epidemiestamm") und ST225 („Rhein-Hessen-Epidemiestamm")**. Benannt wurden diese **Epidemiestämme** ursprünglich nach der geografischen Region ihres ersten Auftretens. Sie sind mittlerweile in Krankenhäusern im ganzen Bundesgebiet

Art der Infektion	Häufige klonale Linie (2017/2018 [n])							
	Gesamt	CC5	CC8	CC22	CC45	CC398	CC130	Andere
Abszess (allgemein)	121/121	12/9	29/25	22/21	1/2	3/4	1/-	53/60
Bakteriämie, Sepsis	89/161	14/26	4/9	52/96	3/3	4/5	1/-	11/22
Dekubitus	15/10	4/2	-/-	10/6	-/-	-/-	1/-	-/2
Ekzem/Empyem	4/2	1/-	-/-	-/-	-/-	-/-	-/1	3/1
Endokarditis	1/1	-/-	-/-	1/-	-/-	-/-	-/-	-/1
Exfoliative Dermatitis	4/2	-/2	-/-	3/-	-/-	-/-	-/-	1/-
Gelenkersatz/Osteosynthese	2/3	-/2	-/-	1/-	-/-	-/1	-/-	1/-
Harnwegsinfektion	58/26	8/3	1/2	41/17	4/-	3/-	-/2	1/2
Osteomyelitis	2/6	1/-	1/2	-/-	-/-	-/-	-/-	-/4
Otitis	5/1	1/-	-/1	3/-	1/-	-/-	-/-	-/-
Pneumonie (Beatmung)	40/29	5/7	-/-	23/16	2/-	-/1	-/-	10/5
Ulkus	10/24	1/7	1/2	4/8	-/-	-/3	-/1	4/3
Wundinfektion	240/211	66/33	7/21	94/99	2/4	12/9	4/5	55/40
Sonstige	31/31	7/7	4/5	10/9	1/-	1/1	1/1	7/8
Summe (n)	622/628	120/98	47/67	264/272	14/9	23/24	9/10	145/148

Tab. 2: Spektren der klonalen MRSA-Linien bei klinischen Manifestationen bei Krankenhaus-Patienten 2017 und 2018 (soweit vom Einsender übermittelt)

verbreitet und können in vielen Regionen als endemisch eingestuft werden. Das gehäufte Auftreten eines endemisch verbreiteten MRSA dieser Typen muss somit nicht zwangsläufig auf ein Cluster („Ausbruch") hinweisen; hier können, neben einer gründlichen epidemiologischen Anamnese, bei Bedarf und in Rücksprache mit dem NRZ hochauflösende NGS-basierte Typisierungsverfahren (kein Routineverfahren im NRZ) eingesetzt werden.

Die meisten MRSA-Einsendungen mit Angabe klinischer Indikationen 2017/2018 stammten aus **Wundinfektionen** (36 %) gefolgt von **Septikämien** (20 %) und **Abszessen** (19 %); 7 % der MRSA von Krankenhaus-Patienten erhielten wir aus **Harnwegsinfektionen** und 6 % aus **Pneumonien** (s. Tab. 2, S. 438).

Die Isolate werden in 43 % der Fälle dem klonalen Komplex CC22 (fast ausschließlich ST22) zugeordnet, 17 % der MRSA gehören dem klonalen Komplex CC5 (vor allem ST225) an. Diese Zahlen spiegeln das Vorherrschen dieser beiden MRSA-Epidemiestämme in deutschen Krankenhäusern wider.

Trends in der Resistenzentwicklung

1. *Resistenzen in MRSA gegen weitere Antibiotika bei stationär aufgenommenen Patienten*

Tabelle 3 fasst die Häufigkeiten des Auftretens von Resistenzen gegen Indikator-Substanzen verschiedener Antibiotikagruppen zusätzlich zur Resistenz gegen β-Laktamantibiotika bei MRSA zusammen. In den Jahren 2017/2018 setzt sich der **Trend sinkender Resistenzraten für Ciprofloxacin/Moxifloxacin, Erythromycin und Clindamycin** fort. Die Rate **Gentamicin-resistenter MRSA** bei stationär aufgenommenen Patienten lag 2018 auf einem höheren Niveau als in den vorherigen Jahren. Diese Stämme gehörten verschiedenen klonalen Linien an. Der Trend eines erhöhten Anteils **Tetracyclin-resistenter MRSA** 2016, wurde 2017/2018 mit Resistenzraten von 15,07 % bzw. 13,90 % bestätigt. Nur die Hälfte dieser Stämme ist dem Livestock-assoziierten MRSA (LA-MRSA) klonalen Komplex 398 zuzuordnen. Auch 2017/2018 detektierten wir Tetracyclin-resistente Stämme anderer klonaler Linien (verstärkt MRSA CC1 [*luk*PV-negativ]), die den ansteigenden Trend der Tetracyclin-Resistenz bei MRSA teilweise erklären. Tetracyclin-Resistenz ist somit als „diagnostischer Marker" für LA-MRSA nur eingeschränkt zu verwenden.

Für die meisten anderen in Tabelle 3 aufgeführten Antibiotika lagen die Resistenzraten unter 10 %. Es wiesen 1,04 % (2017) bzw. 2,16 % (2018) der Isolate eine **Resistenz gegenüber Mupirocin** auf, weitere 3,79 % (2017) bzw. 3,15 % (2018) wurden nach dem *European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing* (EUCAST) als intermediär bewertet. Im Jahr 2017 erhielten wir zwei Linezolid-resistente MRSA, die im Rahmen von Infektionen im Krankenhaus isoliert wurden. Beide Stämme waren *cfr*-negativ. Ursächlich für die Linezolid-Resistenz war bei einem der Isolate die G2576T-Mutation in der 23S rRNA. Die Resistenzrate gegenüber Daptomycin lag 2017 mit 3,84 % auf einem höheren Niveau als 2016 und 2018. Allerdings ist dabei zu beachten, dass dem NRZ Stämme mit Resistenzen gegen Reservesubstanzen oft zur Resistenzbestätigung eingesandt werden und daher in dem von uns untersuchten Material überrepräsentiert sind. Zwei MRSA (CC1 und CC22) erwiesen sich 2017/2018 resistent gegenüber **Vancomycin** und **Teicoplanin** (negativ für *van*A und *van*B). In fünf Fällen konnten wir eine Resistenz gegenüber **Tigecyclin** bestätigen.

Antibiotikum	2013 (%)	2014 (%)	2015 (%)	2016 (%)	2017 (%)	2018 (%)
Ciprofloxacin	81,8	80,0	79,7	75,5	72,80	68,81
Moxifloxacin	80,8	79,3	79,2	74,5	68,01	67,82
Erythromycin	58,9	58,2	56,3	56,6	49,34	46,76
Clindamycin	50,6	50,3	48,4	47,0	37,58	33,72
Gentamicin	5,0	6,6	5,4	5,1	5,78	9,88
Tetracyclin	7,2	8,6	10,9	13,5	15,07	13,90
Rifampicin	0,8	1,5	0,79	0,88	0,81	0,86
Cotrimoxazol	0,4	0,8	0,95	0,48	0,38	0,43
Fusidinsäure-Natrium	4,0	4,7	4,6	5,0	5,55	7,66
Fosfomycin	0,2	0,5	0,45	0,24	1,42	2,22
Linezolid	0,1	0,03	0,11	0,16	0,09	0,00
Tigecyclin	0,04	0,23	0,23	0	0,09	0,19
Daptomycin	2,7	2,9	3,2	2,4	3,84	2,47
Mupirocin	6,2*	I: 5,8/ R: 1,2	I: 4,1/ R: 1,2	I: 4,6/ R: 0,96	I: 3,79/ R: 1,04	I: 3,15/ R: 2,16
Vancomycin	0,04	0,03	0,04	0,04	0,05	0,19
Teicoplanin	0,3	0,13	0,04	0,16	0,05	0,12

Tab. 3: Resistenz gegen weitere Antibiotika (zusätzlich zur Resistenz gegen ß-Laktamantibiotika) bei MRSA von stationär aufgenommenen Patienten 2013–2018 (außer Aufnahmescreening [soweit vom Einsender übermittelt])

* I + R, erst ab 2014 differenziert erfasst

In neun Fällen handelte es sich im Rahmen von Infektionen bei stationär aufgenommen Patienten um multiresistente MRSA ST239 (CC8), welche bisher in Deutschland nur sporadisch nachgewiesen werden konnten. Vier der MRSA wurden dabei von Patienten erhalten, die sich vorher in Libyen bzw. im Kosovo in stationärer Behandlung befunden hatten. MRSA ST239 gehören weltweit (u. a. auch in Nordafrika und Südosteuropa) zu den am häufigsten nachgewiesenen HA-MRSA, somit war ein Erwerb dieses Klons im Rahmen der Erstversorgung wahrscheinlich.

2. *Ausgewählte Beispiele der Resistenzentwicklung bei Staphylococcus aureus*

Untersuchungen zur Resistenz gegenüber Linezolid: Zwischen 2007 und 2017 stiegen die Einsendungszahlen an das NRZ zur Verifizierung der Linezolid-Resistenz von humanen Staphylokokken-Isolaten kontinuierlich an. Während wir das *cfr*-Gen gehäuft in *Staphylococcus-epidermidis*-Isolaten nachweisen konnten, scheint die *cfr*-vermittelte Linezolid-Resistenz in *S. aureus* (noch) selten zu sein (3 Fälle 2017/2018). In 103 Linezolid-resistenten *Staphylococcus-hominis*-Isolaten konnten wir *cfr* nicht nachweisen. Der Grund für die Spezies-spezifisch unterschiedliche Verbreitung des *cfr*-Gens ist bislang nicht geklärt; wir vermuten, dass Unterschiede in der Replikationsfähigkeit und Spezies-spezifität der entsprechenden Plasmide in den jeweiligen Staphylokokken-Spezies eine Rolle spielen. Dementsprechend charakterisierten wir acht *cfr*-tragende Stämme aus den an das NRZ eingesandten Linezolid-resistenten *S. aureus*. Die Isolate wurden den klonalen Komplexen CC398 (LA-MRSA, n = 4) und CC30 (Methicillin-sensible *S. aureus*; MSSA, n = 4) zugeordnet und waren nicht miteinander verwandt. Das Resistenzgen ***cfr* kam meist Plasmid-gebunden vor**, nur in einem Fall wiesen wir das Gen chromosomal nach. Die in MSSA-Isolaten des CC30 nachgewiesenen *cfr*-tragenden Plasmide waren identisch mit solchen, die wir zuvor bereits aus *S. epidermidis* isolieren konnten, was auf die Möglichkeit des *cfr*-Plasmid-Transfers zwischen beiden Spezies hinweist.

***mecC*-positive MRSA:** Wir konnten in den Jahren 2017/2018 bei 107 Stämmen die genetische Determinante für das *mecC*-Gen nachweisen. Die meisten Isolate mit diesem alternativen *mec*-Gen wurden dem klonalen Komplex CC130 zugeordnet.

3. *Ausgewählte Beispiele der Resistenzentwicklung bei Koagulase-negativen Staphylokokken*

Der Trend des verstärkten Einsendens von Koagulase-negativen Staphylokokken (KNS) aus verschiedenen medizinischen Einrichtungen zur Überprüfung der Resistenz gegen Linezolid bzw. Daptomycin hielt auch 2017/2018 an. Für 287 Stämme (254 *S. epidermidis*, 33 *S. hominis*) konnten wir eine Resistenz gegenüber Linezolid bestätigen. In 60 % der Fälle handelte es sich dabei um Blutkulturisolate. Die Plasmid-gebundene Resistenzdeterminante *cfr* wurde bei 33 *S. epidermidis* nachgewiesen. Neben der übertragbaren, *cfr*-kodierten Linezolid-Resistenz können auch Mutationen in den ribosomalen Genen der Bakterien diesen Resistenzphänotyp bedingen. Gegenüber Daptomycin wiesen 22 KNS eine Resistenz auf (6 *S. epidermidis*, 3 *Staphylococcus pettenkoferi*, 9 *Staphylococcus capitis*, 3 *Staphylococcus sciuri*, 1 *Staphylococcus lugdunensis*).

In diesem Zusammenhang beteiligten wir uns mit der Analyse Rifampicin-resistenter *S.-epidermidis*-Isolate an einer Studie zur weltweiten Verbreitung dreier Krankenhaus-adaptierter multiresistenter *S.-epidermidis*-Linien.[6] Hierbei konnte gezeigt werden, dass sich in den letzten Jahrzehnten multiresistente Isolate der Linien ST2 und ST23 global verbreiten konnten. Isolate dieser Linien sind resistent gegenüber Rifampicin durch den Erwerb einer Kombination spezifischer *rpoB*-Mutationen, die auch die Empfindlichkeit gegenüber den Glykopeptiden reduzieren. So entstanden nahezu panresistente Isolate, deren Therapie zunehmend herausfordernd wird. Insbesondere bei den deutschen Isolaten innerhalb des untersuchten Stammkollektivs wurde das Problem der Panresistenz durch den Erwerb von *cfr* (Linezolid-Resistenz) noch verschärft.

Auftreten und Verbreitung von Community-assoziierten MRSA in Deutschland

In den Jahren 2017/2018 wurden die meisten Community-assoziierten MRSA (CA-MRSA) aus **tiefgehenden Haut-Weichgewebeinfektionen** (Abszesse, Furunkel, Karbunkel, Wundinfektionen) eingesandt. Am häufigsten waren dabei CA-MRSA der **klonalen Linie CC8** vertreten (s. Tab. 4, S. 441). In einigen Fällen konnte die Vermutung eines Imports des Stammes aus den Ländern, in denen diese CA-MRSA gehäuft vorkommen, bestätigt werden. Unter allen eingesandten CA-MRSA aus Infektionen wurden 6 % aus Sepsis/Bakteriämie und 3 % aus Pneumonien erhalten. In einem Fall verstarb ein Kind an einer rezidivierenden Pneumonie mit einem Panton-Valentine-Leukozidin-(*luk*PV-)positiven CA-MRSA ST772 nach Influenza-B-Infektion.

In früheren Berichten haben wir bereits vereinzelt auf MRSA-Klone hingewiesen, die bis dahin in Deutschland nur sporadisch aufgetreten waren. So hatten wir z. B. MRSA mit dem *spa*-Typ t223 (ST22) im Rahmen unserer NRZ-Arbeit bis 2014 nur sehr selten nachgewiesen. Seit 2015 erhalten wir regelmäßig Einsendungen mit MRSA dieses *spa*-Typs. Diese Stämme werden größtenteils im Rahmen von Aufnahmescreenings gewonnen, also nicht im Zusammenhang mit „klassischen" CA-MRSA-Infektionen. Allerdings traten im Berichtszeitraum erstmalig mehrere **Hospital-assoziierte Häufungen mit MRSA t223** auf. Dabei handelte es sich in einem Krankenhaus um MRSA t223, für die wir zusätzlich die genetischen Determinanten *luk*PV nachweisen konnten. In der Literatur sind *luk*PV-positive MRSA t223 noch nicht beschrieben.

Auftreten und Verbreitung von Livestock-assoziierten MRSA in Deutschland

Livestock-assoziierte MRSA (LA-MRSA) CC398 treten bevorzugt als nasale Besiedler und Infektionserreger bei Menschen in Regionen mit hoher Nutztierdichte auf, was

klonale Linie	Isolate/*luk*PV+ (n)	Infektion					Herkunft bzw. Reiseanamnese
		Abszess, Furunkel	Bakteriämie, Sepsis	Wund-infektion	Pneumonie	Andere	
CC1	31/25	19	2	8	–	2	Nordafrika, Eritrea, Sri Lanka, Syrien, Kuba
CC121	10/7	3	–	4	–	3	Ägypten, Afghanistan
CC22	44/31	24	1	15	–	4	Malaysia, Indien, Syrien
CC30	45/43	25	–	16	–	4	Philippinen, USA, Mexiko
CC398	6/6	3	–	3	–	–	Thailand
CC5	35/19	17	–	11	1	6	Philippinen
CC8	104/86	61	9	23	–	11	Kuba, Costa Rica, Kolumbien
CC80	35/34	25	–	5	1	4	Irak
CC88	17/13	7	4	3	1	2	Dom. Republik, Eritrea
ST15	4/–	1	1	2	–	–	
ST152	11/9	5	–	5	1	–	Ägypten
ST59	21/18	11	2	5	3	–	Thailand
ST7	3/–	1	–	1	–	1	
ST72	5/–	1	1	2	–	1	
ST772	14/13	8	1	3	1	1	Pakistan, Afghanistan
ST97	10/–	1	3	1	4	1	
*n. z.	13/8	7	1	3	–	2	Philippinen
Summe (n)	408/312	219	25	110	12	42	

Tab. 4: Häufigkeit der im Rahmen von Infektionen nachgewiesenen klonalen Linien von CA-MRSA im Jahr 2017/2018 (soweit vom Einsender übermittelt)

Die Einschätzung CA-MRSA resultiert aus verfügbaren, klinisch-epidemiologischen Informationen (ambulante Infektionen, kein zurückliegender Krankenhauskontakt in Deutschland, etc.) interpretiert unter Berücksichtigung ermittelter, mikrobiologischer Daten der eingesandten Isolate (klonale Linien, *luk*PV-Nachweis). Dabei lässt sich, auch aufgrund des Mangels einer international verlässlichen Definition für CA-MRSA, eine gewisse Unsicherheit in der Interpretation auch unter Berücksichtigung aller verfügbaren Daten nicht völlig ausschließen. Legende: *nicht zuzuordnen, ein ST kann nicht abgeleitet werden.

wir im Rahmen der Einsendungen an das NRZ bestätigen können. Diese Stämme können Haut- und Weichgewebeinfektionen verursachen; ausgehend von einer nasalen Besiedlung können auch nosokomiale Infektionen auftreten.

Unter allen eingesandten MRSA aus dem gesamten Bundesgebiet betrug der Anteil von CC398 2017 7,8 % und 2018 5 %. Der Anteil von MRSA CC398 an verschiedenen Infektionen bei Krankenhaus-Patienten lag 2017/2018 bei 3,7 % (s. Tab. 2, S. 438); Cluster mit LA-MRSA haben wir im Rahmen unserer Arbeit nicht detektiert.

Untersuchungen im Rahmen von Ausbruchsgeschehen und der Überwachung von Ausbruchsgefahren

Das NRZ unterstützt neben den einsendenden Laboren der Krankenhäuser und ambulanten Praxen auch direkt die Institutionen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) auf Landes- und Landkreisebene, sowie die diagnostischen Einrichtungen der Bundeswehr, bei der Aufklärung von (nosokomialen) Infektketten. Dabei handelte es sich im Berichtszeitraum sowohl um klassische HA-MRSA als auch um MRSA die bisher nur sporadisch aufgetreten sind sowie um familiäre Häufungen von CA-MRSA.

Im Folgenden sind ausgewählte Beispiele aufgeführt:

MRSA t003/t032: Wir unterstützten ein Gesundheitsamt (GA) im Rahmen einer Ausbruchsuntersuchung in einem Krankenhaus. Das NRZ erhielt 55 MRSA-Isolate, die von Januar 2017 bis Februar 2018 nosokomial von Patienten der Urologie und Intensivstation (ITS) erworben wurden, und zwei MRSA vom Personal. Die Ergebnisse der *spa*-Typisierungen zeigten, dass der größte Teil der vermuteten Ausbruchsstämme zu den in Deutschland weitverbreiteten HA-MRSA der ***spa*-Typen t032/ST22** (n = 24) **und t003/ST225** (n = 24) gehörten. Um eine bessere Auflösung zu erhalten, wurden die Isolate Genom-sequenziert und mittels cgMLST analysiert. Die Ergebnisse ließen auf eine enge Verwandtschaft der Isolate mit *spa*-Typ t003 schließen; in diesem Cluster waren auch die zwei Personalisolate zu finden. Die t032-Isolate waren deutlich diverser, was auf einen mehrfachen Eintrag in das Krankenhaus hinwies. Basierend auf den cgMLST-Daten ergaben sich hier vier verschiedene Cluster, von denen die Isolate des größten Clusters in Verbindung mit der ITS des Hauses standen.

MRSA t223: Im Rahmen eines MRSA-Aufnahmescreenings gewonnene Isolate von sieben Kindern, wurden mittels *spa*-Typisierung als MRSA t223/ST22 identifiziert. Dieser Stamm tritt in Deutschland selten auf und das NRZ wurde um weiterführende NGS-Analysen gebeten. Alle Stämme besaßen nach cgMLST einen identischen Complex Typ (CT10578) und waren somit eng verwandt. Der zuständige Krankenhaushygieniker ermittelte daraufhin, dass alle sieben Kinder in einem Krankenhaus zur Welt gekommen waren, womit ein Erwerb des MRSA auf der Geburtsstation des betroffenen Krankenhauses wahrscheinlich erschien. Im Rahmen des im Folgenden veranlassten regelmäßigen MRSA-Screenings aller Neugeborenen auf der Station wurden weitere

11 MRSA t223/ST22 gesammelt und von uns mittels NGS analysiert. Die cgMLST Analysen zeigten die Existenz eines Clusters mit 15 Isolaten, welche sich in 0 bis 3 der untersuchten cgMLST-Loci unterschieden; somit war ein gemeinsamer Ursprung dieser Stämme wahrscheinlich. Das zweite Cluster mit zwei Stämmen unterschied sich in 15 Loci zum nächsten verwandten Isolat in Cluster 1. Ein epidemiologischer Zusammenhang der Stämme aus beiden Clustern ist durchaus möglich. Das ebenfalls durchgeführte MRSA-Screening des Personals ergab keine positiven MRSA-Nachweise.

MRSA t223, *luk*PV-positiv: Wir erhielten insgesamt neun Staphylokokken-Isolate zur molekularen Typisierung im Zusammenhang mit einem Ausbruchsverdacht auf einer chirurgischen Station. Neben den Stämmen aus Infektionen der jeweiligen Patienten, wurden zwei MRSA vom Personal eingesandt. Initiale Untersuchungen mittels *spa*-Typisierung wiesen auf das Vorliegen von Isolaten der **klonalen Linie t223/CC22** hin. Zusätzlich wurden in allen Fällen die genetischen Determinanten ***luk*PV** nachgewiesen. MRSA t223 werden in der Literatur als *tst*-positiv beschrieben, *luk*PV-positive Isolate sehen wir erstmals im Rahmen dieser Analysen. Die mittels *spa*-Typisierung erhobenen Befunde wurden im Folgenden mit Hilfe von Ganzgenom-Analysen verifiziert. Die cgMLST-Analysen bestätigen ein „Ausbruchscluster", welches alle eingesandten Isolate enthielt. Diese unterschieden sich maximal in drei der untersuchten cgMLST-Loci voneinander, was auf einen gemeinsamen Ursprung der Isolate und damit auf Übertragungsereignisse schließen ließ.

Staphylococcus aureus mit speziellen Virulenzeigenschaften

Einsendungen im Zusammenhang mit der klinischen Diagnose Toxic-Shock-Syndrom (TSS): Im Berichtszeitraum erhielt das NRZ 47 Einsendungen im Zusammenhang mit der klinischen Diagnose TSS, oft im Zusammenhang mit dem Gebrauch von Tampons. In 33 Fällen konnte die Bildung des **Toxic-Shock-Syndrom-Toxins (TSST)** nachgewiesen werden, häufig in Kombination mit dem **Staphylokokken-Enterotoxin A (SEA)**. Sechs Stämme, die im Rahmen eines TSS nachgewiesen wurden, bildeten kein TSST sondern das **Staphylokokken-Enterotoxin B (SEB) und/oder C (SEC)**. SEB- bzw. SEC-positive Isolate können ebenfalls TSS-ähnliche Erkrankungsverläufe auslösen.

Einsendungen im Zusammenhang mit Exfoliatin-positiven Isolaten: Oberflächliche Haut-/Weichgewebe-Infektionen, wie exfoliative Dermatitis oder das *Staphylococcal Scalded Skin Syndrom* (SSSS), sind oft ursächlich mit Exfoliativ-Toxin-positiven *S. aureus* assoziiert. In den Jahren 2017/2018 wurden in 67 Fällen *S. aureus* nachgewiesen, in denen die genetischen Determinanten für die Bildung der exfoliativen Toxine A und/oder B (*eta, etb*) detektiert wurden. Bei fünf Stämmen handelte es sich dabei um MRSA. Die Stämme gehörten zum großen Teil CC121 bzw. CC15 an. Erkrankungen traten vor allem bei Säuglingen und Kleinkindern auf, Erwachsene waren seltener betroffen.

Auftreten bakterieller Superinfektionen mit PVL-bildenden S. aureus nach Influenza-B-Infektion: Wir erhielten 2018 zwei PVL-bildendende *S. aureus* aus nekrotisierenden Pneumonien nach Influenza-B-Infektion, in beiden Fällen mit letalem Ausgang. In zurückliegenden Jahren wurden uns solche Isolate nur sporadisch zur molekularbiologischen Typisierung eingesandt.

Fazit und Ausblick

Trotz rückläufiger MRSA-Prävalenzen und -Inzidenzen ergibt sich im Vergleich mit den Vorjahren eine unverändert hohe Anzahl an *S.-aureus*-/MRSA-Einsendungen an das NRZ. Bei MRSA überwiegen weiterhin Einsendungen von Isolaten der Linien t003/ST225/„Rhein-Hessen-MRSA" und t032/ST22/„Barnim-MRSA"; entsprechende Nachweise treten deutschlandweit auf. Bestimmte Ko-Resistenzen (Fluorchinolone, Makrolide) sind bei MRSA in den Jahren 2017/2018 weiterhin rückläufig. Alleinig die Resistenzentwicklung gegenüber Tetracyclin zeigte einen leicht ansteigenden Trend. Eine Analyse der Tetracyclin-resistenten MRSA-Isolate zeigte, dass nur bei ca. der Hälfte dieser Einsendungen LA-MRSA gefunden wurden und der prozentuale Anstieg mit dem Nachweis bestimmter HA-MRSA-Linien (z. B., MRSA CC1) assoziiert ist. Die Zahl der eingesandten LA-MRSA blieb stabil. Die Einsendungen an CA-MRSA betrugen ca. 10 % aller MRSA-Einsendungen an das NRZ. Auffällig ist der häufigere Nachweis bisher eher seltener klonaler Linien von CA-MRSA.

Literatur

1. Walter J et al.: Decline in the proportion of methicillin resistance among Staphylococcus aureus isolates from non-invasive samples and in outpatient settings, and changes in the co-resistance profiles: an analysis of data collected within the Antimicrobial Resistance Surveillance Network, Germany 2010 to 2015. BMC Infect Dis 2017;17(1):169
2. ECDC: Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2017: Annual report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm 2018
3. Robert Koch-Institut: Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018, Berlin 2019
4. Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J et al.: Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016–2017. BMC Public Health. 2018 Aug 24;18(1):1063
5. Holfeld M, Helmeke C: MRSA in Sachsen-Anhalt. Epid Bull 2019; 13:107–114. DOI 10.25646/5958
6. Lee JYH et al.: Global spread of three multidrug-resistant lineages of Staphylococcus epidermidis. Nat Microbiol 2018 Oct;3(10):1175–1185

Bericht aus dem Nationalen Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken. Wir danken allen kooperierenden Laboren für die zumeist jahrelange und konstruktive Zusammenarbeit und die Übersendung des interessanten Stammmaterials.

■ *Dr. Franziska Layer | *Dr. Birgit Strommenger | *Dr. Christiane Cuny | **Ines Noll | **Anja Klingeberg | *Prof. Guido Werner

Robert Koch-Institut | *Abteilung für Infektionskrankheiten | FG 13 Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotikaresistenzen | **Abteilung für Infektionsepidemiologie | FG 37 Nosomiale Infektionen, Surveillance v. Antiobiotikaresistenz u. -verbrauch

Korrespondenz: LayerF@rki.de

■ Vorgeschlagene Zitierweise:
Layer F, Strommenger B, Cuny C, Noll I, Klingeberg A, Werner G: Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2017/2018.

Epid Bull 2019;42:437–442 | DOI 10.25646/6320.2

Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken

Institution:	Robert Koch-Institut (Bereich Wernigerode) FG 13 – Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotikaresistenzen Burgstraße 37 | 38855 Wernigerode
Ansprechpartner:	Prof. Dr. Guido Werner (Leitung)
Telefon:	030 18754–4210 (Dr. Werner) 030 18754–4249 (Frau Dr. Layer für Staphylokokken) 030 18754–4373 (Herr Dr. Weber für Enterokokken)
Fax:	030 18754–4317
E-Mail:	WernerG@rki.de
Homepage:	www.rki.de/nrz-staph

Leistungsangebot

- Beratung zu Fragen der Diagnostik, der epidemiologischen Analyse, der pathogenetischen Relevanz eingesandter Isolate sowie zur Interpretation der Ergebnisse der Resistenzbestimmung;
- Typisierung eingesandter *S.-aureus*-Isolate mittels *spa*-Sequenztypisierung;
- Aufklärung von Infektketten (insbesondere bei nosokomialen Infektionen sowie Verbreitung von MRSA außerhalb der Krankenhäuser), Zuordnung klinisch-epidemiologisch wichtiger Stämme zu bekannten Epidemiestämmen und zu klonalen Gruppen von *S. aureus* mit besonderer ätiologischer Bedeutung (z. B. im Zusammenhang mit dem Toxic-Shock-Syndrom, mit tiefgehenden Haut-Weichgewebeinfektionen bzw. Dermatitis exfoliativa);
- Typisierung von koagulasenegativen Staphylokokken bei begründetem Verdacht auf Ausbrüche nosokomialer Infektionen sowie im Zusammenhang mit wichtigen infektiologischen Fragestellungen (mittels NGS und cgMLST Analysen bzw. vergleichbaren Methoden);
- Typisierung eingesandter *Enterococcus-E.-faecium-* und *E.-faecalis-*Isolate mittels NGS und cgMLST Analyse bei begründetem Verdacht einer nosokomialen Verbreitung;
- Resistenztestung mittels Mikrobouillon-MHK für ein breites Spektrum relevanter Antibiotika;
- Führen einer Stammsammlung von Staphylokokken- und Enterokokken-Stämmen mit wichtigen Resistenz- und Virulenzeigenschaften; Abgabe von Referenzstämmen auf Anfrage.

Zusätzliches Angebot

- Bestätigung der Speziesdiagnostik für Staphylokokken und Enterokokken in Fällen widersprüchlicher oder unklarer Ergebnisse im Labor des Einsenders;
- Genotypische Nachweise bei begründeter klinischer Fragestellung für wichtige Pathogenitätsdeterminanten bei *S. aureus* mittels PCR, z. B. für exfoliative Toxine (*eta* und *etb*), Toxic-Shock-Syndrom-Toxin (*tst*), *luk*-PV und andere Merkmale von CA-MRSA; Markergene von LA-MRSA;
- Nachweis von Resistenzphänotypen sowie -genen bei Staphylokokken und Enterokokken mittels PCR bei begründeter klinischer Fragestellung oder durch Ableitung aus NGS-Daten;
- Analysen zur Überprüfung des Verdachts auf Resistenzen gegen Reserveantibiotika (Linezolid, Daptomycin, Tigecyclin) mittels phänotypischer und genotypischer Verfahren bei Staphylokokken und/oder Enterokokken;
- Phänotypische Nachweise aus dem Kulturüberstand mittels Latex-Agglutinationstests für die Staphylokokken-Enterotoxine A bis D und das Toxic-Shock-Syndrom-Toxin, als Verursacher von *S.-aureus*-bedingten Lebensmittelintoxikationen bzw. dem Toxic-Shock-Syndrom.

Berufung des Nationalen Referenzzentrums für Mykobakterien

Das Nationale Referenzzentrum für Mykobakterien wurde im November 2018 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde PD Dr. Florian Maurer zum 1. Oktober 2019 als Leiter des Nationalen Referenzzentrums für Mykobakterien am Forschungszentrum Borstel berufen.

Angaben zum Leistungsangebot finden sich in der Liste aller Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore unter www.rki.de/nrz-kl.

Kontaktdaten

Institution:	Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum Parkallee 18 | 23845 Borstel
Leiter:	Priv.-Doz. Dr. Florian Maurer
Stellvertreter:	Prof. Dr. Stefan Niemann
Telefon:	04537–188 2110
Telefax:	04537–188 3110
E-Mail:	nrz@fz-borstel.de
Homepage:	www.fz-borstel.de

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

39. Woche 2019 (Datenstand: 16. Oktober 2019)

	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018
Land	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**
Baden-Württemberg	107	3.926	5.119	7	182	199	52	1.035	1.232	1	44	50
Bayern	208	5.763	6.526	6	181	253	69	1.305	1.441	4	66	58
Berlin	65	2.101	2.101	2	77	77	14	399	369	3	99	117
Brandenburg	35	1.576	1.679	4	40	73	10	347	332	2	13	12
Bremen	11	337	375	0	1	9	2	38	64	0	1	2
Hamburg	30	1.342	1.317	0	32	42	8	242	241	0	48	42
Hessen	88	3.172	3.649	1	44	45	22	726	614	1	38	51
Mecklenburg-Vorpommern	37	1.349	1.475	1	35	27	8	309	253	0	2	2
Niedersachsen	110	4.065	4.548	3	171	207	37	1.004	901	0	12	12
Nordrhein-Westfalen	317	11.181	12.837	14	250	272	92	2.051	1.949	0	50	38
Rheinland-Pfalz	81	2.813	3.277	3	116	109	20	575	655	1	25	23
Saarland	21	814	1.020	0	8	10	5	91	122	0	1	1
Sachsen	142	3.766	4.110	1	97	168	17	629	637	1	35	53
Sachsen-Anhalt	34	1.295	1.335	3	66	94	4	412	378	0	10	2
Schleswig-Holstein	36	1.735	1.896	3	53	63	6	272	248	3	11	6
Thüringen	46	1.610	1.679	0	44	60	35	566	456	1	13	7
Deutschland	**1.368**	**46.851**	**52.948**	**48**	**1.398**	**1.708**	**401**	**10.003**	**9.892**	**17**	**468**	**476**

	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Gastroenteritis +			Rotavirus-Gastroenteritis			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018
Land	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**
Baden-Württemberg	1	60	78	59	4.689	3.593	11	1.407	799	7	266	247	7	81	80
Bayern	7	199	217	84	7.253	6.508	24	3.424	1.556	6	397	450	9	94	123
Berlin	0	39	70	47	2.673	2.710	19	2.980	1.018	5	368	345	3	81	81
Brandenburg	2	59	87	58	2.412	2.488	4	3.739	1.207	1	88	57	0	74	51
Bremen	0	5	2	10	254	368	0	161	92	0	8	18	0	6	11
Hamburg	1	20	26	16	966	1.260	2	1.170	660	2	148	132	0	37	58
Hessen	2	135	137	44	3.352	2.577	10	1.391	715	7	183	152	1	90	68
Mecklenburg-Vorpommern	5	26	56	47	2.048	2.544	5	1.525	1.000	2	78	68	11	141	91
Niedersachsen	2	94	132	69	4.680	4.233	32	3.321	1.145	3	117	128	2	85	95
Nordrhein-Westfalen	7	297	290	170	11.661	10.235	39	4.114	2.520	12	407	396	20	331	367
Rheinland-Pfalz	1	89	84	41	3.461	2.959	10	1.064	515	3	97	102	2	36	53
Saarland	0	2	14	7	649	699	0	285	130	2	35	17	0	2	6
Sachsen	4	210	292	110	5.662	5.373	25	4.358	4.610	10	198	199	7	108	141
Sachsen-Anhalt	3	92	91	89	3.170	3.192	13	1.905	1.553	1	60	65	2	68	78
Schleswig-Holstein	0	38	22	15	1.292	1.646	5	1.045	677	0	46	53	2	22	20
Thüringen	5	171	140	57	2.797	3.050	17	2.475	2.547	0	50	50	3	34	52
Deutschland	**40**	**1.537**	**1.738**	**923**	**57.029**	**53.443**	**216**	**34.366**	**20.746**	**61**	**2.546**	**2.479**	**69**	**1.290**	**1.375**

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die die Referenzdefinition erfüllen, in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen sind und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. www.rki.de/falldefinitionen), **2. Kumulativwerte im laufenden Meldejahr, 3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen, jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland 39. Woche 2019 (Datenstand: 16. Oktober 2019)

	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Meningokokken, invasive Infektion			Tuberkulose		
	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018
Land	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**
Baden-Württemberg	4	56	53	24	677	571	23	842	733	0	31	31	12	447	531
Bayern	2	70	71	30	1.002	1.008	14	784	815	1	36	32	11	542	651
Berlin	1	70	42	4	256	154	12	259	225	0	16	13	3	276	320
Brandenburg	0	32	20	2	67	62	2	56	69	0	5	8	1	72	132
Bremen	0	7	6	4	57	24	2	44	31	0	1	0	0	43	40
Hamburg	0	31	17	1	41	50	2	104	109	2	11	12	5	160	142
Hessen	3	54	79	26	466	331	20	425	400	0	10	15	4	411	491
Mecklenburg-Vorpommern	3	18	11	0	34	19	1	34	32	1	3	4	0	36	67
Niedersachsen	2	54	54	9	279	110	14	458	339	1	21	15	5	281	320
Nordrhein-Westfalen	10	176	215	23	748	436	32	1.124	1.002	2	32	56	23	835	962
Rheinland-Pfalz	1	37	27	7	258	272	6	203	191	0	8	14	2	154	183
Saarland	0	13	10	1	38	16	0	48	21	0	1	3	0	35	41
Sachsen	1	23	13	1	105	186	2	150	157	0	9	12	0	114	141
Sachsen-Anhalt	1	7	18	1	51	46	0	86	55	0	3	6	1	105	133
Schleswig-Holstein	1	18	15	6	192	97	3	207	170	0	13	10	3	87	105
Thüringen	2	31	13	2	54	15	1	52	54	0	3	5	3	51	70
Deutschland	**31**	**697**	**664**	**142**	**4.326**	**3.398**	**134**	**4.878**	**4.403**	**7**	**203**	**236**	**73**	**3.651**	**4.330**

	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018	2019		2018
Land	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**	**39.**	**1.–39.**	**1.–39.**
Baden-Württemberg	0	72	85	1	33	36	0	0	0	19	635	793	34	2.785	2.663
Bayern	1	73	98	1	74	116	0	2	2	43	1.780	2.130	60	4.069	3.114
Berlin	0	22	28	0	26	9	0	2	0	10	293	400	15	1.238	938
Brandenburg	0	2	12	1	10	4	0	0	0	4	292	452	25	445	300
Bremen	0	1	2	0	6	3	0	0	0	0	49	68	4	203	196
Hamburg	0	17	14	0	9	8	0	0	0	9	242	270	1	400	324
Hessen	0	27	23	1	39	32	0	1	0	8	435	618	20	919	779
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	3	5	0	0	0	1	303	219	1	164	109
Niedersachsen	4	89	13	0	31	38	0	2	0	6	332	561	19	1.137	1.028
Nordrhein-Westfalen	0	128	206	3	77	80	0	6	5	25	1.311	1.784	73	3.273	2.660
Rheinland-Pfalz	0	36	9	1	31	25	0	0	0	8	295	430	8	562	499
Saarland	0	0	0	0	3	6	0	1	0	2	37	104	3	96	81
Sachsen	0	16	6	1	8	7	0	0	1	14	636	640	13	1.379	1.308
Sachsen-Anhalt	0	4	8	1	7	5	0	0	0	7	387	733	8	194	250
Schleswig-Holstein	0	5	5	1	26	19	0	1	2	4	150	324	14	440	502
Thüringen	0	5	1	0	3	5	0	0	0	7	375	657	2	277	307
Deutschland	**5**	**497**	**511**	**11**	**386**	**398**	**0**	**15**	**10**	**167**	**7.553**	**10.185**	**301**	**17.586**	**15.061**

+ Es werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Gastroenteritis in der Statistik ausgewiesen.

Allgemeiner Hinweis: LK Teltow-Fläming und das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

39. Woche 2019 (Datenstand: 16. Oktober 2019)

Krankheit	2019 39. Woche	2019 1.–39. Woche	2018 1.–39. Woche	2018 1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	0	495	509	676
Brucellose	2	28	27	37
Chikungunyavirus-Erkrankung	2	57	18	26
Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform	52	1.737	2.197	2.825
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	27	62	81
Denguefieber	9	810	405	613
FSME	9	366	509	584
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	3	59	58	67
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	11	698	645	851
Hantavirus-Erkrankung	24	1.334	146	235
Hepatitis D	0	43	44	59
Hepatitis E	69	2.889	2.647	3.400
Influenza	38	140.118	272.530	274.293
Legionellose	51	1.113	1.080	1.447
Leptospirose	1	95	94	117
Listeriose	13	426	520	698
Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion	25	1.399	1.934	2.433
Ornithose	0	5	7	9
Paratyphus	0	32	22	29
Q-Fieber	2	123	76	93
Trichinellose	0	4	0	0
Tularämie	1	36	31	54
Typhus abdominalis	2	66	46	58

* Übermittelte Fälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 41. Kalenderwoche (KW) 2019

Die Aktivität der ARE ist in der 41. KW 2019 bundesweit gestiegen. Die Werte des Praxisindex lagen in der 41. KW insgesamt im Bereich der ARE-Hintergrundaktivität. (Datenstand: 15.10.2019).

Weitere Informationen zur Influenzasaison 2019/20

- In den ersten beiden Wochen der Saison 2019/20 wurden Influenza-A(H3N2)-Viren im Rahmen des Sentinels nachgewiesen. Im Vergleich mit den Vorsaisons deutet dies bereits auf eine sporadische Zirkulation von Influenza-A(H3N2)-Viren in der Bevölkerung hin.
- Informationen zu zugelassenen Grippe-Impfstoffen und die Zahl der für die aktuelle Saison bereits freigegebenen Impfstoffdosen sind abrufbar auf den Internetseiten des Paul-Ehrlich-Instituts (PEI): www.pei.de/DE/infos/fachkreise/impfungen-impfstoffe/influenza-grippeimpfstoffe-saisonal/influenza-grippeimpfstoffe-node.html.
- FAQ zu Influenza auf den RKI-Internetseiten:
  – Saisonale Influenza (Stand: 25.9.2019): www.rki.de/faq-influenza
  – Saisonale Influenzaimpfung (Stand: 17.9.2019): www.rki.de/faq-influenza-impfung
  – Zoonotische Influenza (Stand: 24.5.2018): www.rki.de/zoonotische-influenza
- Ergebnisse der Influenzaüberwachung sind im Bericht der Epidemiologie der Influenza in Deutschland für die Saison 2018/19 umfassend analysiert und bewertet worden. https://edoc.rki.de/handle/176904/6253

Internationale Situation

Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance

38 Länder, die für die 40. KW 2019 Daten an TESSy sandten, berichteten über eine niedrige Influenza-Aktivität oder – wie Deutschland – dass die Influenza-Aktivität unterhalb der nationalen Schwellenwerte lag (www.flunewseurope.org).

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) des RKI für die 10. KW 2019; https://influenza.rki.de

Impressum

Herausgeber
Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18754–0
E-Mail: EpiBull@rki.de

Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit.

Redaktion
► Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)
Tel.: 030.18754–2324
E-Mail: SeedatJ@rki.de
Dr. rer. nat. Astrid Milde-Busch (Vertretung)

► Redaktionsassistenz: Francesca Smolinski
Tel.: 030.18754–2455
E-Mail: SmolinskiF@rki.de
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Das Epidemiologische Bulletin
gewährleistet im Rahmen des infektionsepidemiologischen Netzwerks einen raschen Informationsaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – den Ärzten in Praxen, Kliniken, Laboratorien, Beratungsstellen und Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie den medizinischen Fachgesellschaften, Nationalen Referenzzentren und den Stätten der Forschung und Lehre – und dient damit der Optimierung der Prävention. Herausgeber und Redaktion erbitten eine aktive Unterstützung durch die Übermittlung allgemein interessierender Mitteilungen, Analysen und Fallberichte. Das Einverständnis mit einer redaktionellen Überarbeitung wird vorausgesetzt.

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Die Printversion wurde zum Jahresende 2016 eingestellt. Wir bieten einen E-Mail-Verteiler an, der wöchentlich auf unsere neuen Ausgaben hinweist. Gerne können Sie diesen kostenlosen Verteiler in Anspruch nehmen. Die Anmeldung findet über unsere Internetseite (s. u.) statt.

Die Ausgaben ab 1996 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de/epidbull

Hinweis: Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Dieses Werk ist lizenziert unter einer Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz.

ISSN (Online) 2569-5266