



Epidemiologisches Bulletin

3. August 2015 / Nr. 31

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2013/2014

Daten zur Häufigkeit von MRSA in Deutschland

In 2013/2014 ist die Häufigkeit der Methicillinresistenz bei *Staphylococcus aureus* (MRSA) weiter rückläufig. Diese Entwicklung zeichnet sich z. B. in den Daten verschiedener nationaler und internationaler Surveillance-Systeme ab. Die aktuellen Daten aus EARS-Net (*European Antimicrobial Resistance Surveillance Network*) zeigen für 2012 eine Methicillin-Resistenz-Rate bei *S. aureus* aus Blutkulturen von 15,4 % und für 2013 von 12,7%.¹ Das nationale Surveillance-System ARS (Antibiotika-Resistenz-Surveillance) ermittelte für Blutkulturen aus der stationären Versorgung MRSA-Prävalenzen von 17,0 % in 2012 und 13,9 % in 2013 (<https://ars.rki.de>).

Die Zahlen aus der Meldepflicht zu MRSA aus Blutkulturen und Liquor ergaben in 2012 4.498 und in 2013 4.372 übermittelte Fälle, was einer Inzidenz von 5,6 bzw. 5,3 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. In 2014 ist die Inzidenz auf 4,8 Fälle pro 100.000 Einwohner (3.841 gemeldete Fälle) gesunken. Die Inzidenzen der MRSA-Fälle zeigen regionale Unterschiede, die durch die erhobenen Surveillance-Daten nicht erklärt werden können.² Auch auf deutschen Intensivstationen ist über die letzten Jahre ein leichter, aber stetiger Rückgang der Inzidenzdichte nosokomialer MRSA-Fälle zu verzeichnen (Daten aus MRSA-KISS (Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System); www.nrz-hygiene.de/).

Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland

In den Jahren 2013/2014 erhielt das Nationale Referenzzentrum (NRZ) Staphylokokken-Einsendungen aus circa 250 diagnostischen Einrichtungen aller Bundesländer. Dabei sind, wie auch in den letzten Jahren, **Hospital-assoziierte(HA)-MRSA** bestimmter klonaler Linien in fast allen Krankenhäusern verbreitet (s. Tab. 1, S. 304). Es handelt sich überwiegend um MRSA der klonalen Linie ST22 („Barnim Epidemiestamm“) und ST225 („Rhein-Hessen-Epidemiestamm“). MRSA der klonalen Linien ST8 und ST45 („Berliner Epidemiestamm“) treten deutlich seltener als epidemische MRSA in Krankenhäusern auf. MRSA ST228 („Süddeutscher Epidemiestamm“) wurden in 2013/2014 nur noch vereinzelt nachgewiesen, hier ist ein deutlicher Rückgang dieser klonalen Linie in deutschen Krankenhäusern zu verzeichnen.

Der überwiegende Anteil von MRSA-Einsendungen mit Angabe klinischer Indikationen stammt aus Wundinfektionen, gefolgt von Septikämien, Abszessen, Pneumonien und Harnwegsinfektionen. Diese Isolate gehören überwiegend den klonalen Linien ST225 und ST22 an. Die Zahlen spiegeln somit ebenfalls das Vorherrschen dieser beiden MRSA-Epidemiestämme in deutschen Krankenhäusern wider, eine Assoziation bestimmter Linien mit bestimmten klinischen Manifestationen ist nicht ersichtlich. Eine Studie zur Typisierung von *S. aureus* aus Blutkulturen, an welcher Staphylokokken-Referenzlabore 25 europäischer Länder teilgenommen haben, zeigte, dass in

Diese Woche 31/2015

MRSA in Deutschland
Update 2013/2014

Aktuelle Statistik meldepflichtiger
Infektionskrankheiten
28. Woche 2015

[Hinweis auf Veranstaltungen](#)



Klonaler Komplex	Klonale Linie	2012	2013	2014	Häufige Resistenzphänotypen
CC5	ST228, t001, Süddeutscher Epidemiestamm	10,0%	2,0%	0%	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, CIP, MFL, (PHO), (MUP)
	ST5, t002, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	26,0%	28,6%	28,9%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, MFL
	ST225, t003, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	70,0%	67,3%	62,2%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL), (MUP), (FUS)
CC8	ST8, t008	24,0%	24,5%	28,9%	PEN, OXA, (ERY), (CLI), (CIP), (MFL)
	ST239, t037, t030 Wiener Epidemiestamm	16,0%	2,0%	6,7%	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, TET, CIP, SXT, (RAM), MFL
CC22	ST22, t005, t020, t022 Barnim Epidemiestamm	40,0%	42,9%	53,3%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL)
	ST22, t032 Barnim Epidemiestamm	88,0%	85,7%	84,4%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL), (MUP), (FUS)
CC45	ST45, u. a. t004, t038, t065 Berliner Epidemiestamm	28,0%	20,4%	17,8%	PEN, OXA, CIP, (MFL), (GEN), (ERY), (CLI)
Krankenhäuser gesamt (n)		n=50	n=49	n=45	

Tab. 1: Auftreten von epidemischen MRSA mit überregionaler Verbreitung in Krankenhäusern in Deutschland 2012 bis 2014 (Angaben in Klammern: Nachweis nur bei einem Teil der Isolate)

den verschiedenen Ländern unterschiedliche HA-MRSA vorherrschend sind. Allerdings existieren auch klonale Linien, die europaweit auftreten. Vergleicht man die Daten dieser Studie von 2006 und 2011, so ist in ganz Europa eine Expansion von MRSA-ST22 ersichtlich.³

Bei molekularen Typisierungen von HA-MRSA zur Aufklärung möglicher Infektketten wird zunehmend ein steigender Bedarf an analytischer Tiefe offensichtlich, da aufgrund der endemischen Verbreitung bestimmter Klone mittels *spa*-Typisierung keine ausreichende Differenzierung der Isolate mehr möglich ist.⁴ Aktuell hat das NRZ Pilotprojekte zur *Next Generation Sequencing*(NGS)-basierten Stammtypisierung initiiert; Schwerpunkte liegen dabei v. a. in der Analyse der Ganzgenom-Daten sowie deren Implementierung in Routine-Abläufe.

Trends in der Resistenzentwicklung

Resistenz gegen weitere Antibiotikaklassen bei HA-MRSA

Tabelle 2 fasst die Häufigkeiten des Auftretens von Resistenzen gegen Indikator-Substanzen verschiedener Antibiotikagruppen zusätzlich zur Resistenz gegen β -Laktamantibiotika zusammen. In 2014 waren 80% aller MRSA aus nosokomialen Infektionen resistent gegen Ciprofloxacin und Moxifloxacin, 58,2% gegen Erythromycin und 50,3% gegen Clindamycin. Für eine Reihe von Antibiotika lagen die Resistenzraten unter 10%.

Antibiotikum	2012 (%)	2013 (%)	2014 (%)
Ciprofloxacin	86,6	81,8	80,0
Moxifloxacin	86,1	80,8	79,3
Erythromycin	65,7	58,9	58,2
Clindamycin	58,8	50,6	50,3
Gentamicin	5,7	5,0	6,6
Tetracyclin	7,4	7,2	8,6
Rifampicin	1,4	0,8	1,5
Cotrimoxazol	0,5	0,4	0,8
Fusidinsäure-Natrium	3,5	4,0	4,7
Fosfomycin	0,4	0,2	0,5
Linezolid	0,0	0,1	0,03
Tigecyclin	0,13	0,04	0,23
Daptomycin	1,0	2,7	2,9
Mupirocin	6,7*	6,2*	I: 5,8/R: 1,2
Vancomycin	0,2	0,04	0,03
Teicoplanin	0,3	0,3	0,13

Tab. 2: Resistenz gegen weitere Antibiotika (zusätzlich zur Resistenz gegen β -Laktamantibiotika) bei HA-MRSA 2012 bis 2014; * I + R

Die Resistenz gegen Mupirocin lag in 2014 bei 1,2%; 5,8% der Isolate wurden nach EUCAST (*European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing*) in den intermediären Bereich eingeordnet. Dabei konnte in einem Großteil aller resistenten Isolate die horizontal erworbene Resistenzdeterminante *ileS-2* nachgewiesen werden, wohingegen intermediär resistente Isolate vorwiegend resistenzvermittelnde Polymorphismen im nativen *ileS* aufwiesen.

Inwieweit der Nachweis von *low-level* Mupirocin-resistenten *S. aureus*-Isolaten mit einem möglichen Versagen von Dekolonisierungsmaßnahmen einhergeht ist derzeit noch unklar.

In 2013/2014 wurden drei Linezolid-resistente HA-MRSA eingesandt, diese waren negativ für das *cfr*-Gen.

Die Rate von MRSA mit Daptomycin-Resistenz lag 2014 mit 2,9% auf einem ähnlich hohen Niveau wie 2013. Diese Isolate waren häufig mehrfachresistent und gehörten überwiegend den derzeit am weitesten verbreiteten klonalen Linien von HA-MRSA (ST22 und ST225) an. Auffallend ist allerdings, dass uns zunehmend Daptomycin-resistente MSSA (Methicillin-sensitive *S. aureus*) eingesandt werden, die teilweise auch erhöhte MHK-Werte (MHK = minimale Hemmkonzentration) für Glycopeptide aufweisen. Diese Isolate gehören meist klonalen Linien an, die wir als „typische“ nasale Kolonisierer kennen.

In acht Fällen konnten wir in 2013/2014 eine Resistenz gegen Tigecyclin nachweisen; hier handelte es sich bei drei Isolaten um den sog. „Wiener Epidemiestamm“ (ST239), welcher sich durch einen besonders breiten Resistenzphänotyp auszeichnet. Weiterhin erhielten wir in diesen zwei Jahren zwei MRSA mit Resistenz gegen Vancomycin und Teicoplanin (negativ für *vanA* und *vanB*). Diese Stämme waren ebenfalls Daptomycin-resistent; das weist auf Mutationen hin, die sowohl Resistenz gegen Glykopeptide als auch gegen Daptomycin verursachen können.

Im Rahmen eines Ressortforschungsprojekts vom Bundesministerium für Gesundheit (BMG) wurden von 2011 bis 2013 1.952 Bakteriämie-assoziierte MRSA aus Krankenhäusern in ganz Nordrhein-Westfalen *spa*-typisiert und deren Antibiotikaresistenzprofile erstellt.⁵ Insgesamt 96% dieser Stämme waren resistent gegen Fluoroquinolone, 78% gegen Erythromycin, 70% gegen Clindamycin, 4% gegen Gentamicin und 2% gegen Rifampicin.

Resistenzen gegen Reserveantibiotika waren selten. Auch hier dominierten MRSA der klonalen Linien ST225 und ST22, wobei allerdings regionale Unterschiede in der Verteilung der *spa*-Typen sichtbar wurden.

Untersuchungen zur Resistenz gegenüber Ceftarolin

Im Rahmen einer Untersuchung zur *in-vitro*-Empfindlichkeit von *S. aureus* gegenüber Ceftarolin vor dessen Zulassung im Oktober 2012 untersuchten wir eine für die deutsche *S. aureus*- und MRSA-Population repräsentative Stichprobe von 160 klinischen Isolaten mittels Agardiffusion, Bouillon-Mikrodilution und Etest®.⁶

Während sich alle untersuchten MSSA-Isolate, wie erwartet, als empfindlich gegenüber Ceftarolin erwiesen, waren die Ergebnisse innerhalb der MRSA-Population stark abhängig von der klonalen Linie der untersuchten Isolate. Insbesondere Isolate der klonalen Linien ST239 und ST228 fielen durch deutlich erhöhte MHK_{50/90}-Werte von 2,5/3,33 mg/l auf.

Die MHK_{50/90}-Werte der in Deutschland hochprävalenten MRSA-Linien (ST22, ST225) lagen mit 1,0/1,5 mg/l im noch sensiblen Bereich.

Allerdings wies ein Teil dieser Isolate MHK-Werte im Bereich des aktuellen EUCAST-Breakpoints für Ceftarolin auf (1,0 bis 2,0 mg/l), was eine endgültige Beurteilung als sensibel bzw. resistent erschwerte.

Obwohl die Ergebnisse der verschiedenen Methoden zur Empfindlichkeitsbestimmung im Wesentlichen konkordant waren, gab es v.a. für Ceftarolin-resistente Isolate deutliche Unterschiede, da diese durch den Etest® nur in wenigen Fällen angezeigt wurden.

Die molekulare Charakterisierung des *mecA*-Gens in resistenten im Vergleich zu sensiblen Isolaten derselben klonalen Linien zeigte, dass phänotypische *Low-level*-Resistenz möglicherweise durch Polymorphismen in zwei Regionen des nicht Penicillin-bindenden Anteils von PBP2a vermittelt wird.

Resistenzentwicklung bei Koagulase-negativen Staphylokokken

Verglichen mit den Vorjahren erhielt das NRZ in 2013/2014 eine relativ große Anzahl an Koagulase-negativen Staphylokokken (KNS) aus verschiedenen medizinischen Einrichtungen zur Überprüfung der Resistenz bezüglich Linezolid bzw. Daptomycin. Für 122 Isolate konnten wir eine Linezolid-Resistenz bestätigen, bei den meisten Stämmen handelte es sich um multiresistente *Staphylococcus epidermidis*.

Für 37 dieser *S. epidermidis* wurde weiterhin die Plasmid-gebundene Resistenzdeterminante *cfr* nachgewiesen.⁷ Eine Resistenz gegen Daptomycin bestätigte sich bei 35 KNS-Isolaten. Zu Ausbrüchen mit Linezolid-resistenten *S. epidermidis* siehe unten folgenden Abschnitt.

Auftreten und Verbreitung von Community-assoziierten (CA)-MRSA in Deutschland

Wie auch in den Vorjahren wurden in 2013/2014 die meisten CA-MRSA aus tiefgehenden Haut-Weichgewebeeinfektionen (Abszesse, Furunkel, Karbunkel, Wundinfektionen) eingesandt.

Klonale Linie	2013 (n)	2014 (n)	spa-Typen	lukPV-positiv (n)	Herkunft der Patienten bzw. Reiseanamnese (n = Fälle)
CC1	21	12	t127, t174, t321, t386, t5100	17/33	Libyen (2), Kroatien (1), Rumänien (1)
CC5	19	55	t002, t010, t045, t105, t315, t548, t653, t856, t954, t1062, t2069, t2646, t3235, t14207	46/74	Libyen (12), Syrien (2), Saudi-Arabien (1)
CC8	49	46	t008, t024, t121, t190, t304, t334, t363, t1617, t1578, t11985	87/95	Vereinigte Arabische Emirate (1), Kuwait (1), Venezuela (1), USA (3), Vereinigtes Königreich (1), Ungarn (1)
CC22	20	27	t005, t016, t223, t309, t449, t566, t852, t891, t2336, t4573, t5047, t13545	35/47	Libyen (1), Kuwait (1), Rumänien (1)
CC30	13	32	t017, t018, t019, t021, t138, t318, t665, t685, t5447, t6278, t12633	40/45	Türkei (1)
ST59	12	20	t216, t437, t2365	27/32	Polen (1), Thailand (1)
ST72	2	1	t324, t791	2/3	-
CC80	34	39	t044, t131, t376, t4955, t1200, t1247, t1759	72/73	Ägypten (2), Libyen (2), Kuwait (1)
ST88	9	15	t186, t690, t692, t786, t1814, t4015, t4045, t4158, t5041, t12154, t13831	22/24	Kenia (2), Somalia (2), Ägypten (1), China (1)
ST97	1	13	t267, t359, t426, t2112	0/14	Libyen (1), Kuwait (1)
ST121	1	4	t159, t272, t314, t4169	2/5	-
ST152	9	5	t355, t4272, t4690, t4741, NT	10/14	-
ST188	2	1	t189	0/3	Saudi Arabien (1)
ST239	-	4	t037	0/4	Libyen (4)
ST398	29	21	t011, t034, t899, t1451, t2011	2/50	-
ST772	5	10	t345, t657, t2085, t8882	15/15	Pakistan (1)

Tab. 3: Häufigkeit der im Rahmen von Infektionen aufgetretenen klonalen Linien von CA-MRSA in den Jahren 2013/2014

Am häufigsten waren CA-MRSA der klonalen Linien CC5, CC8, CC30 und CC80 (s. Tab. 3). Familiäre Cluster von CA-MRSA traten gelegentlich auf. Erstmals konnten in 2013 auch Transmissionsketten von CA-MRSA in Krankenhäusern detektiert werden (siehe folgender Abschnitt). In einigen Fällen konnte die Vermutung eines Importes des Stammes aus den Ländern, in denen diese CA-MRSA zuerst beschrieben wurden bzw. häufiger vorkommen, bestätigt werden. Zu beobachten war ein Eintrag von MRSA bei Patienten, die als Flüchtlinge nach Deutschland kamen und zum Teil direkt in deutschen Kliniken medizinisch versorgt wurden. Erstmals hat das NRZ CA-MRSA des klonalen Komplexes 121, von denen ein Stamm *eta*- und *etb*-positiv und zwei Stämme *lukPV*-positiv waren, erhalten. Ursprünglich waren weltweit in diesem klonalen Komplex nur Methicillin-sensible *S. aureus* bekannt. Erst kürzlich traten solche Stämme auch als MRSA in Erscheinung.⁸ Wo die von uns erhaltenen

Isolate erworben wurden, konnte nicht in Erfahrung gebracht werden.

CA-MRSA werden nach wie vor hauptsächlich im familiären Umfeld betroffener Patienten verbreitet und häufig bei Aufenthalten in Endemiegebieten erworben. In diesen Fällen empfehlen sich ein MRSA-Screening des häuslichen Umfeldes der Patienten und eine Sanierung aller CA-MRSA-positiven Kontaktpersonen, um einen nachhaltigen Sanierungserfolg zu gewährleisten.

Auch wenn wir aktuell in unseren Daten keine signifikante Zunahme bzw. Verbreitung bestimmter CA-MRSA-Klone in Deutschland sehen, so ist das Erfassen dieser Stämme und deren molekulare Typisierung essenziell, um frühzeitig Trends erkennen zu können.^{9,10} Wir bitten interessierte Kollegen sich bei entsprechender Datenlage und Stammmaterial mit uns in Verbindung zu setzen.

In den letzten Jahren erhielt das NRZ wiederholt *lukPV*-positive Methicillin-sensible *S. aureus* aus Häufungen von nekrotisierenden Haut-Weichgewebe-Infektionen in Familien. Auch hier empfiehlt sich ein familiäres Screening, eine umfassende mikrobiologische Diagnostik und sorgfältige Sanierung aller betroffenen Personen.

Untersuchungen im Rahmen von Ausbruchsgeschehen und der Überwachung von Ausbruchsgefahren

Nosokomiale Infektketten

Das NRZ unterstützt neben den einsendenden Laboren der Krankenhäuser und ambulanten Praxen auch direkt die Institutionen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) auf Landes- und Landkreisebene bei der Aufklärung nosokomialer Infektketten. In 2013/2014 handelte es sich dabei häufig um klassische HA-MRSA-Ausbrüche.

Neben Patienten-Isolaten wurden auch Umgebungs-isolate und Isolate des medizinischen Personals typisiert. Weiterhin traten Häufungen von Besiedlungen/Infektionen in Krankenhäusern im Zusammenhang mit CA-MRSA und KNS auf. Einige Beispiele dazu werden im Folgenden aufgeführt:

- ▶ Bei drei Patienten einer chirurgischen Station wurden Abszesse mit CA-MRSA ST22 (*spa* t016, *lukPV*-positiv) nachgewiesen; im Folgenden konnte der Stamm bei einem weiteren Patienten im Trachealsekret nachgewiesen werden. Im Personalscreening erwiesen sich zwei Personen als positiv für diesen Klon.
- ▶ Auf einer Neonatologie wurde bei drei Müttern und zwei Neugeborenen eine Besiedlung mit CA-MRSA ST8 (*spa* t008, *lukPV*-positiv) nachgewiesen. Ein räumlicher und zeitlicher Zusammenhang war bei allen fünf Fällen gegeben. Das Personalscreening ergab zwei Personen, die ebenfalls Träger dieses Klons waren.
- ▶ Auf zwei Intensivstationen von Hospitälern eines Klinikverbundes kam es zu einer Häufung von Linezolid-resistenten *S. epidermidis*. Bei einem Großteil der Isolate wurde neben ribosomalen Mutationen auch das *cfr*-Gen nachgewiesen. Einundzwanzig der 23 Patienten erhielten eine Therapie mit Linezolid während ihres Aufenthaltes. Die Analyse des Antibiotikaverbrauchs der betroffenen Stationen ergab einen verstärkten Einsatz von Linezolid, bedingt durch wiederholt auftretende MRSA-Ausbrüche in den vorherigen 12 Monaten.

Lebensmittelintoxikationen

Im Jahr 2013 erhielt das NRZ eine vergleichsweise große Anzahl von Staphylokokken-Einsendungen aus vermuteten Lebensmittelinfektionen. In drei Fällen war es möglich, durch Staphylokokken-Enterotoxin verursachte, lebensmittelbedingte Ausbrüche in enger Zusammenarbeit mit dem Nationalen Referenzlabor für Koagulase-positive Staphylokokken einschl. *S. aureus* am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) und/oder den beteiligten Institutionen vor

Ort zu untersuchen. Im Rahmen dieser Zusammenarbeit konnten die Ausbrüche unter Verwendung hochauflösender phänotypischer und genotypischer Methoden auf ein bestimmtes Lebensmittel (Milch, Speiseeis bzw. Kartoffelsalat) zurückgeführt werden. Die Quelle der Lebensmittelkontamination blieb allerdings in allen Fällen unentdeckt.

- ▶ Circa 40 Kinder einer Kindereinrichtung wurden mit Brechdurchfall ins Krankenhaus eingeliefert. Von zwei Kindern wurden sofort Stuhlproben an das NRZ geschickt aus denen ein Enterotoxin-A-produzierender *S. aureus spa* t012 isoliert wurde. Der identische Klon wurde in späteren Untersuchungen aus der Milch, die die Kinder getrunken hatten, isoliert.
- ▶ Dreizehn Personen erkrankten an Brechdurchfall nach dem Verzehr von Speiseeis. In vier Fällen konnte bei den Patienten ein Enterotoxin-A-produzierender *S. aureus spa* t127 nachgewiesen werden. Weitere fünf *S. aureus*-Stämme, alle identisch mit den Isolaten der Erkrankten, wurden aus verschiedenen Speiseeissorten isoliert.¹¹
- ▶ Im Rahmen einer Gruppenerkrankung mit Übelkeit und Erbrechen nach dem Verzehr von Maultaschen und Kartoffelsalat wurden 12 Patienten kurzzeitig klinisch behandelt. Bei drei Patienten wurde im Stuhl ein Enterotoxin-produzierender *S. aureus* nachgewiesen, wie im Anschluss auch aus den Speiseresten (Daten Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Stuttgart).

MRE bei libyschen Patienten

Das europäische Schnellwarnsystem des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) informierte bereits Ende 2011, dass ein hoher Anteil libyscher Verwundeter, die derzeit in Mitgliedsstaaten der Europäischen Union behandelt werden, mit multiresistenten Erregern (MRE) kolonisiert ist. In Zusammenarbeit mit der Charité wurden MRSA typisiert, die im Rahmen eines MRE-Aufnahmescreenings von libyschen Patienten isoliert wurden; die primäre Versorgung der Verletzungen erfolgte dabei oft schon in den Nachbarländern Libyens (z. B. Jordanien, Tunesien).¹²

Die erhaltenen MRSA waren dabei verschieden von den in Deutschland prävalenten HA-MRSA und wiesen zum Teil ein breites Resistenzspektrum auf (*spa* t037, ST239).

Bis Ende der 1990er Jahre waren MRSA-ST239 auch in Mitteleuropa verbreitet. Ihr Auftreten wird momentan verstärkt in Südosteuropa, den Ländern des Nahen und Mittleren Ostens, in Asien und Lateinamerika beschrieben. Weiterhin befanden sich unter den Stämmen auch CA-MRSA der klonalen Linien ST1 (*lukPV*-positiv), ST80 (*lukPV*-positiv) und ST97. CA-MRSA ST80 sind in Europa weit verbreitet und darüber hinaus auch prävalent in Nordafrika. Isolate des ST97 werden in den Ländern des Nahen und Mittleren Ostens und in Asien beschrieben, sowohl aus Infektionen des Menschen als auch bei Tieren (bovine Mastitis).

Auftreten und Verbreitung von *Livestock*-assoziierten (LA)-MRSA in Deutschland

An allen eingesandten MRSA aus dem gesamten Bundesgebiet betrug der Anteil von CC398 3,3% in 2013 (102/3.056) und 3,5% (105/3.010) in 2014. Unter den MRSA-Einsendungen an das NRZ mit Angaben klinischer Indikationen lag der Anteil von MRSA CC398 in 2013 bei 2,7% und in 2014 bei 2,4%. Hauptsächlich wurden diese Stämme aus Haut- und Weichgewebeeinfektionen erhalten, in vier Fällen aus Septikämien und in neun Fällen aus Pneumonien.

LA-MRSA CC398 treten verstärkt als nasale Besiedler und Infektionserreger bei Menschen in Regionen mit hoher Nutztierdichte auf,^{13,14} was wir auch im Rahmen der Einsendungen an das NRZ bestätigen können. Die molekulare Typisierung von Bakteriämie-assoziierten MRSA aus Krankenhäusern in ganz Nordrhein-Westfalen (2011–2013, 1.952 MRSA) ergab einen Anteil von MRSA CC398 von 1,7%. Regionale Cluster von LA-MRSA korrelierten dabei mit Gebieten, die durch eine hohe Dichte an Schweinemastanlagen charakterisiert waren.⁵ Allerdings können speziell in diesen ländlichen Regionen in ca. 20–38% der Fälle von MRSA CC398 beim Menschen keine Risikofaktoren nachgewiesen werden, die den Erwerb in der Landwirtschaft vermuten lassen, was auf andere Transmissionswege hinweist. Verglichen mit klassischen HA-MRSA zeigen MRSA CC398 geringere Transmissionsraten in Krankenhäusern. Ursächlich dafür könnte sein, dass Patienten, die mit MRSA CC398 besiedelt aufgenommen werden, jünger sind, eine kürzere Liegedauer haben und seltener intensivstationär versorgt werden müssen, als Patienten mit HA-MRSA.¹³ Aktuelle Publikationen zur Virulenz von MRSA CC398 zeigen deutlich ein human-pathogenes Potenzial und die Fähigkeit sich, z. B. durch den Erwerb oder Verlust bestimmter Gencluster und Prophagen, an den jeweiligen Wirt zu adaptieren.^{15,16}

Fazit/Zusammenfassung

Trotz leicht rückläufiger MRSA-Raten und -Häufigkeiten bewältigt das NRZ Staphylokokken eine steigende Anzahl an Einsendungen, bei gleichzeitig steigendem Bedarf an analytischer Tiefe (MLST, NGS-Typisierung) und angeforderten Spezialuntersuchungen (Bestätigung von Resistenzen gegen Reserveantibiotika, Toxinnachweise). Das verstärkte Einsenden von speziellen und eher ungewöhnlichen *S. aureus*- und KNS-Isolaten spricht am ehesten für eine verbesserte Qualität der Primärdiagnostik, eine *spa*-Typisierung und Resistenz-Bestätigungsdiagnostik eingeschlossen, wodurch z. B. „Standard-HA-MRSA“ weniger eingesandt werden.

Das Stammmaterial des NRZ ist trotz alledem aufgrund der Vielzahl der einsendenden Labore und der Diversität der Fragestellungen sehr gut geeignet, allgemeine Trends abzubilden (kongruent zu Ergebnissen von Studien (z. B. ³)). Darüber hinaus nimmt das NRZ eine wichtige Funktion in der frühzeitigen Erkennung von neuen Trends wahr (z. B., Resistenz-Entwicklungen gegen Reserveantibiotika), die in

klassischen Surveillance-Erhebungen (z. B. ARS <https://ars.rki.de/>, Resistenzstudien der PEG <http://www.p-e-g.de/econtext/resistenzdaten>) (ARS, PEG) nicht bzw. erst deutlich verspätet auffällig werden.

Literatur

1. Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2013: Annual Report of the European Antimicrobial resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm, ECDC 2014
2. Robert Koch-Institut: Infektionsepidemiologisches Jahrbuch für 2014. Berlin 2015
3. Grundmann H, Schouls LM, Aanensen DM et al.: The dynamic changes of dominant clones of *Staphylococcus aureus* causing bloodstream infections in the European region: results of a second structured survey. *Euro Surveill* 2014;19
4. Strommenger B, Bralke C, Heuck D et al.: *spa* Typing of *Staphylococcus aureus* as a frontline tool in epidemiological typing. *J Clin Microbiol* 2008;46:574–81
5. Cuny C, Layer F, Werner G et al.: State-wide surveillance of antibiotic resistance patterns and *spa* types of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from blood cultures in North Rhine-Westphalia, 2011–2013. *Clin Microbiol Infect* 2015
6. Strommenger B, Layer F, Klare I et al.: Pre-Use Susceptibility to Cefuroxime in Clinical *Staphylococcus aureus* Isolates from Germany: Is There a Non-Susceptible Pool to be Selected? *PLoS One* 2015;10:e0125864
7. Bender J, Strommenger B, Steglich M et al.: Linezolid resistance in clinical isolates of *Staphylococcus epidermidis* from German hospitals and characterization of two *cf*-carrying plasmids. *J Antimicrob Chemother* 2015;70:1630–8
8. Monecke S, Coombs G, Shore AC et al.: A field guide to pandemic, epidemic and sporadic clones of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *PLoS One* 2011;6:e17936
9. Glasner C, Pluister G, Westh H et al.: *Staphylococcus aureus spa* type t437: identification of the most dominant community-associated clone from Asia across Europe. *Clin Microbiol Infect* 2015;21:163 e1–8
10. Nurjadi D, Friedrich-Janicke B, Schafer J et al.: Skin and soft tissue infections in intercontinental travellers and the import of multi-resistant *Staphylococcus aureus* to Europe. *Clin Microbiol Infect* 2015
11. Fetsch A, Contzen M, Hartelt K et al.: *Staphylococcus aureus* food-poisoning outbreak associated with the consumption of ice-cream. *Int J Food Microbiol* 2014;187:1–6
12. Leistner R, Denkel L, Gastmeier P et al.: Prevalence of MRSA and Gram-negative bacteria with extended-spectrum beta-lactamases (ESBLs) and carbapenemases in patients from Northern Africa at a German hospital. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy* 2015
13. Kock R, Ballhausen B, Bischoff M et al.: The impact of zoonotic MRSA colonization and infection in Germany. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr* 2014;127: 384–98
14. Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Paul Ehrlich-Gesellschaft für Chemotherapie e.V., Infektiologie Freiburg: GERMAP 2012-Bericht über den Antibiotikaverbrauch und die Verbreitung von Antibiotikaresistenzen in der Human- und Veterinärmedizin in Deutschland. *Antiinfectives Intelligence*, Rheinbach 2014
15. Ballhausen B, Jung P, Kriegeskorte A et al.: LA-MRSA CC398 differ from classical community acquired-MRSA and hospital acquired-MRSA lineages: functional analysis of infection and colonization processes. *Int J Med Microbiol* 2014;304: 777–86
16. Cuny C, Abdelbary M, Layer F et al.: Prevalence of the immune evasion gene cluster in *Staphylococcus aureus* CC398. *Vet Microbiol* 2015; 177: 219–23

Bericht aus dem Nationalen Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken. **Ansprechpartner** sind Dr. Franziska Layer (E-Mail: LayerF@rki.de), Dr. Birgit Strommenger (E-Mail: StrommengerB@rki.de), Dr. Christiane Cuny (E-Mail: CunyC@rki.de). Wir danken allen kollaborierenden Laboren für die zumeist jahrelange und erfolgreiche Zusammenarbeit und die Übersendung des interessanten Stammmaterials.

Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken

Institution: Robert Koch-Institut (Bereich Wernigerode)
FG 13 Infektionserreger und
Antibiotikaresistenzen
Burgstraße 37
38855 Wernigerode

Ansprechpartner: PD Dr. G. Werner (Leitung)

Tel: +49 30 18754–4210 (Leitung)
+49 30 18754–4249 (Dr. Layer für Staphylokokken)
+49 30 18754–4247 (Dr. Klare für Enterokokken)

Fax: +49 30 18754–4317

E-Mail: WernerG@rki.de

Internet: www.rki.de/nrz-kl;
www.rki.de/nrz-kl > Staphylokokken

- ▶ Typisierung von koagulasenegativen Staphylokokken bei begründetem Verdacht auf Ausbrüche nosokomialer Infektionen sowie im Zusammenhang mit wichtigen infektiologischen Fragestellungen (mittels biochemischer Merkmalsprofile und Fragmentmuster der genomischen DNS);
- ▶ Resistenztestung mittels Mikrobuillon-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.

Leistungsübersicht

- ▶ 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, der die Bestimmung von Fragmentmustern der genomischen DNS (Pulsfeld-Gel-Elektrophorese) bzw. Multi-Locus-Sequenz-Typisierung (MLST) für ausgewählte Stämme folgen;
- ▶ Typisierung eingesandter *Enterococcus*-(*E.*)-*faecium*- und *E.-faecalis*-Isolate mittels *Sma*I-Makrorestriktionsanalyse (*Sma*I-Fragmentmusteranalyse der genomischen DNS mittels Pulsfeld-Gel-Elektrophorese) bei begründetem Verdacht einer nosokomialen Verbreitung. MLST für ausgewählte Stämme;
- ▶ 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*);

Zusätzliches Angebot

- ▶ Bestätigung der Speziesdiagnostik für Staphylokokken und Enterokokken in Fällen widersprüchlicher oder unklarer Ergebnisse im Laboratorium des Einsenders;
- ▶ Genotypische Nachweise bei begründeter klinischer Fragestellung für wichtige Pathogenitätsdeterminanten bei *S. aureus* mittels PCR, z. B. für exfoliative Toxine (*eta* und *etb*), Staphylokokken-Enterotoxine (*sea-see*, *seg-ser*), *Toxic-Shock-Syndrom-Toxin* (*tst*), *luk-PV* und andere Merkmale von CA-MRSA; Markergene von LA-MRSA;
- ▶ Genotypische Nachweise wichtiger Markergene von *E. faecium* (*Enterococcal surface protein*, Hyaluronidase);
- ▶ Nachweis von Resistenzphänotypen sowie -genen bei Staphylokokken und Enterokokken mittels PCR bei begründeter klinischer Fragestellung;
- ▶ Analysen zur Überprüfung des Verdachts auf Resistenzen gegen Reserveantibiotika (Linezolid, Daptomycin, Tigecyclin, Cefarolin) 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*.

Hinweise auf Veranstaltungen

15. Hannoverscher Krankenhaushygienetag

Termin 17. September 2015

Veranstalter Medizinische Hochschule Hannover

Veranstaltungsort Medizinische Hochschule Hannover, Institut für Med. Mikrobiologie und Krankenhaushygiene, OE 5214
Carl-Neuberg-Str. 1
30625 Hannover

Leitung Prof. Dr. Franz-Christoph Bange

Programm

Die Jahre 2014/2015 in *Infection Control*, Neue Therapie-Optionen bei MRE, *Antibiotic Stewardship* – Erfassung und Bewertung des Antibiotikaverbrauchs, Neue Konzepte im KISS, Rüstplätze in der OP-Abteilung, Raumlufttechnische Anlagen im OP – Niedersachsen geht seinen Weg, RLT-Laminar Air Flow oder turbulente Mischströmung – ein Review für die WHO, MRGN – sequenzieren oder isolieren?, Praktische Aspekte der Surveillance, und Infektionsmanagement bei Schwerverletzten.

Anmeldung und Informationen:

Claudia Fenske
Tel: +49 (0)511 532–5172
Fax: +49 (0)511 532–8174;
E-Mail: fenske.claudia@mh-hannover.de
Homepage: www.mh-hannover.de/hygiene.html

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

28. Woche 2015 (Datenstand: 29.7.2015)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014
	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.
Baden-Württemberg	188	3.087	3.156	4	43	51	34	500	547	1	16	28
Bayern	249	3.972	3.846	5	123	121	51	765	1.003	0	52	43
Berlin	88	1.607	1.387	1	43	46	8	216	349	1	27	45
Brandenburg	86	1.155	1.085	1	19	17	10	263	400	0	4	3
Bremen	13	261	254	0	1	0	1	31	26	0	0	3
Hamburg	45	894	980	0	9	20	6	115	131	0	18	21
Hessen	106	2.096	2.152	0	14	20	17	375	392	2	21	16
Mecklenburg-Vorpommern	47	866	953	2	31	49	7	194	268	0	0	2
Niedersachsen	154	2.474	2.673	1	84	77	18	548	642	0	3	3
Nordrhein-Westfalen	444	8.546	9.203	4	112	154	41	1.229	1.470	1	17	20
Rheinland-Pfalz	92	1.805	1.820	0	43	49	11	291	328	0	7	10
Saarland	30	536	569	0	5	1	1	60	62	0	0	1
Sachsen	158	2.605	2.390	1	91	97	28	502	759	1	14	11
Sachsen-Anhalt	50	796	886	3	32	45	12	299	524	0	4	8
Schleswig-Holstein	51	1.154	1.204	0	10	18	9	170	221	0	5	1
Thüringen	74	954	915	2	19	22	12	261	538	0	4	9
Deutschland	1.876	32.820	33.475	24	679	787	266	5.821	7.661	6	192	224

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung ⁺			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014
	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.
Baden-Württemberg	1	68	64	49	4.943	4.479	25	1.515	1.807	10	209	270	0	17	26
Bayern	10	185	158	56	7.271	4.943	38	2.060	3.462	11	348	430	1	54	58
Berlin	2	39	42	23	1.821	1.938	20	1.162	1.217	4	178	199	2	60	57
Brandenburg	2	46	60	32	2.541	2.236	81	1.545	1.416	1	58	47	1	21	33
Bremen	0	3	2	3	367	444	2	182	141	0	14	11	0	1	5
Hamburg	1	39	32	4	1.230	1.192	10	680	683	2	60	52	2	20	13
Hessen	5	103	79	33	3.876	2.604	20	1.337	1.615	5	108	145	2	38	35
Mecklenburg-Vorpommern	0	29	28	14	2.476	1.948	34	1.095	1.181	1	51	74	2	39	25
Niedersachsen	5	99	124	28	4.616	4.144	43	2.532	1.773	3	57	109	1	37	45
Nordrhein-Westfalen	13	279	224	111	14.642	8.717	70	3.973	4.795	7	221	454	2	69	151
Rheinland-Pfalz	1	76	86	34	4.183	2.491	27	934	1.041	2	66	71	1	13	21
Saarland	2	13	11	9	1.263	466	4	200	497	1	17	19	0	0	8
Sachsen	8	166	140	96	6.485	4.909	99	4.207	2.380	9	159	122	4	84	80
Sachsen-Anhalt	2	85	87	62	3.493	2.770	29	2.098	1.746	0	26	56	1	33	23
Schleswig-Holstein	0	26	53	17	1.521	1.597	19	558	614	0	32	38	0	13	6
Thüringen	7	123	129	47	3.142	2.523	31	2.468	1.884	5	72	86	1	17	16
Deutschland	59	1.379	1.319	618	63.888	47.414	552	26.555	26.255	61	1.678	2.183	20	516	602

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 und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. <http://www.rki.de> > Infektionsschutz > Infektionsschutzgesetz > Falldefinitionen sowie im *Epidemiologischen Bulletin* 6/2015), **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr**, **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

28. Woche 2015 (Datenstand: 29.7.2015)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺			Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Tuberkulose		
	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014
	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.
Baden-Württemberg	1	28	28	1	45	32	17	460	493	0	27	23	11	328	257
Bayern	1	63	52	8	154	70	21	484	606	0	28	21	27	513	363
Berlin	0	16	16	0	34	47	12	235	313	0	9	15	12	178	198
Brandenburg	0	12	12	0	12	11	1	34	36	0	10	4	0	69	58
Bremen	0	0	4	0	0	6	0	2	27	0	1	2	2	38	30
Hamburg	0	8	6	1	23	26	2	55	69	1	6	4	2	83	78
Hessen	3	26	25	2	112	45	14	259	322	1	9	7	15	297	277
Mecklenburg-Vorpommern	1	3	5	0	6	4	1	25	20	0	4	6	2	22	30
Niedersachsen	0	30	30	3	28	22	9	116	128	0	17	10	6	203	205
Nordrhein-Westfalen	2	83	67	8	110	85	17	448	458	2	34	33	27	635	572
Rheinland-Pfalz	0	17	14	0	25	15	4	121	144	2	19	13	7	143	85
Saarland	0	2	5	1	5	11	0	20	62	0	1	1	0	21	37
Sachsen	1	7	9	2	14	11	7	155	202	0	3	3	2	76	77
Sachsen-Anhalt	0	19	13	0	21	11	3	36	44	1	7	3	2	83	54
Schleswig-Holstein	0	13	8	0	9	10	5	174	76	0	3	9	0	44	41
Thüringen	1	15	13	0	11	2	3	39	75	0	9	4	4	46	40
Deutschland	10	342	307	26	609	408	116	2.664	3.075	7	187	158	119	2.780	2.403

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014	2015		2014
	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.	28.	1.–28.	1.–28.
Baden-Württemberg	0	109	7	1	36	38	0	1	1	15	390	863	63	1.774	2.464
Bayern	5	133	78	6	90	80	0	6	7	45	1.177	1.596	88	2.572	2.532
Berlin	13	1.220	9	2	30	34	1	5	3	9	387	374	50	920	1.023
Brandenburg	0	96	2	0	7	5	0	0	3	5	330	348	9	349	452
Bremen	0	0	4	0	5	1	0	0	0	1	22	9	7	170	313
Hamburg	3	81	10	2	38	9	0	0	1	2	85	99	14	299	215
Hessen	0	59	14	1	18	37	0	0	0	5	254	377	23	715	789
Mecklenburg-Vorpommern	0	16	1	0	7	7	0	0	0	5	115	101	3	175	119
Niedersachsen	0	42	4	0	25	26	0	1	1	6	338	499	42	950	911
Nordrhein-Westfalen	0	63	13	1	116	179	0	2	1	20	876	1.038	73	2.612	3.381
Rheinland-Pfalz	0	5	2	1	22	26	0	1	2	4	178	347	22	400	481
Saarland	0	0	1	0	6	3	0	0	1	0	26	57	0	65	76
Sachsen	1	269	3	0	9	18	0	0	1	3	171	377	34	1.197	1.304
Sachsen-Anhalt	0	71	4	1	10	3	0	0	2	5	126	241	9	230	336
Schleswig-Holstein	0	38	37	1	23	13	0	2	0	2	85	111	21	252	277
Thüringen	0	164	0	0	6	7	0	1	3	7	296	394	14	323	239
Deutschland	22	2.366	189	16	448	486	1	19	26	134	4.856	6.832	472	13.005	14.913

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

⁺⁺ Dargestellt werden Fälle, die vom Gesundheitsamt nicht als chronisch (Hepatitis B) bzw. nicht als bereits erfasst (Hepatitis C) eingestuft wurden (s. *Epid. Bull.* 46/05, S. 422).

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

28. Woche 2015 (Datenstand: 29.7.2015)

Krankheit	2015	2015	2014	2014
	28. Woche	1.–28. Woche	1.–28. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	12	240	799	1.148
Brucellose	0	16	23	47
Chikungunya-Fieber	0	73	50	162
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	11	56	91
Dengue-Fieber	5	368	322	626
FSME	13	100	113	265
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	1	28	33	85
Hantavirus-Erkrankung	37	512	200	571
Hepatitis D	0	9	12	17
Hepatitis E	24	595	339	671
Influenza	5	76.987	6.908	7.508
Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae	8	332	277	461
Legionellose	20	393	306	859
Leptospirose	1	36	37	160
Listeriose	15	380	307	608
Ornithose	0	3	7	9
Paratyphus	1	19	10	26
Q-Fieber	0	124	144	262
Trichinellose	0	8	1	1
Tularämie	0	11	3	21
Typhus abdominalis	1	34	25	58

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

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. med. Ulrich Marcus (Vertretung)
 E-Mail: MarcusU@rki.de

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

Vertrieb und Abonentenservice

E.M.D. GmbH
 European Magazine Distribution
 Birkenstraße 67, 10559 Berlin
 Tel.: 030.33099823, Fax: 030.33099825
 E-Mail: EpiBull@emd-germany.de

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). Es kann im Jahresabonnement für einen Unkostenbeitrag von € 55,- ab Beginn des Kalenderjahres bezogen werden; bei Bestellung nach Jahresbeginn errechnet sich der Beitrag mit € 5,- je Bezugsmonat. Ohne Kündigung bis Ende November verlängert sich das Abonnement um ein Jahr.

Die Ausgaben ab 1997 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de > Infektionsschutz > Epidemiologisches Bulletin.

Druck

Brandenburgische Universitätsdruckerei und Verlagsgesellschaft Potsdam mbH

Nachdruck

mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Belegexemplar erbeten. Die Weitergabe in elektronischer Form bedarf der Zustimmung der Redaktion.

ISSN 1430-0265 (Druck)
 PVKZ A-14273