



Epidemiologisches Bulletin

9. März 2017 / Nr. 10

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Auftreten von *Clostridium difficile* Ribotyp 176 in Deutschland

Einleitung

Clostridium difficile (seit 2013 neuer taxonomischer Name: *Peptoclostridium difficile*)¹ ist ein grampositives Stäbchenbakterium mit der Fähigkeit zur Sporulation, das vor allem Durchfallerkrankungen, mit teils schwerwiegenden Krankheitsbildern, wie dem toxischen Megakolon, verursacht. Die Erkrankung tritt meist nach stattgehabter Antibiotikagabe (v. a. Fluorochinolone, Amoxicillin/Clavulansäure, Cephalosporine und Clindamycin) auf, bei dem *Clostridium difficile* (*C. difficile*) durch die gestörte Darmflora in seinem Wachstum nicht mehr ausreichend gehemmt wird.

Clostridium-difficile-Isolate weisen eine sehr große genetische Heterogenität auf. Dies kann sowohl mit einer erhöhten Virulenz einhergehen, als auch mit der Fähigkeit Ausbrüche zu verursachen. Klassischerweise ist der Ribotyp 027 (RT027) für viele der schweren Verläufe und Ausbruchsgeschehen in Europa und Nordamerika, aber auch anderen Teilen der Welt, verantwortlich. Weitere epidemiologisch bedeutsame und/oder mit erhöhter Pathogenität in Verbindung stehende RTs sind RT001,² RT015,³ RT017,² RT018,⁴ RT046,⁵ RT078,⁶ RT106,⁷ RT176⁸ sowie RT244.⁹

Die Epidemiologie von *C. difficile* ist weltweit und auch in Deutschland in stetigem Wandel. Ausbruchsstämme können hier neu entstehen oder nach Deutschland importiert werden und sich dann möglicherweise verbreiten. Ein Stamm, dem in Zukunft auch hierzulande eine größere Relevanz zukommen könnte, ist der RT176. Dieser Ribotyp bildet wie die Mehrheit der klinischen *C. difficile*-Stämme Toxin A (*tcdA*, Enterotoxin) und B (*tcdB*, Zytotoxin). Zusätzlich zeichnen sich RT176-Stämme durch das Vorhandensein der Gene zur binären Toxinbildung (*cdtA*, *cdtB*) aus. Binäres Toxin führt über Aktindepolymerisation zum Zelltod und einer verstärkten bakteriellen Adhärenz.¹⁰ Eine binäre Toxinbildung ist auch bei „hypervirulenten“ Stämmen wie dem RT027 und RT078 zu finden. Beobachtungen aus den Nachbarländern Polen und der Tschechischen Republik, in denen RT176-Isolate bereits weit verbreitet sind,^{11,12} weisen zudem darauf hin, dass sich Isolate dieses RTs auch durch eine hohe Transmissions-tendenz mit der Fähigkeit einer schnellen Verbreitung innerhalb eines Krankenhauses,¹¹ einer erhöhten Pathogenität sowie einem weitreichenden Resistenzmuster gegenüber Flourochinolonen, Makroliden und Rifampicin ähnlich zu dem der RT027-Isolate, auszeichnen.¹² Durch seine enge genetische Verwandtschaft mit dem RT027 sind RT176-Isolate mit etablierten und weitreichend genutzten molekulargenetischen Methoden wie dem *Multi Locus Sequence Typing* (MLST) oder anderen Verfahren, die z. B. neben *tcdB* und *cdtB* die Deletion in Position 117 des Regulator-Gens *tcdC* eines klassischen RT027 nachweisen,¹³ nicht zu unterscheiden. Mit der europäischen Standardmethode, der Ribotypisierung ist das erzeugte Bandenmuster einem RT027 ebenfalls sehr ähnlich,¹⁴ aber in der Regel ausreichend unterscheidbar. Seit November 2013 konnten von uns erstmals in Deutschland RT176-Stämme isoliert werden. Insgesamt konnten wir diesen Ribotyp bereits bei 30 Patientenproben (29 Isolate von externen Einsendern und ein Isolat unseres Klinikums) detektieren.

Diese Woche 10/2017

[Auftreten von *Clostridium difficile* Ribotyp 176 in Deutschland](#)

[Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 7. Woche 2017](#)

[Zur Situation von Influenza-Erkrankungen für die 9. Kalenderwoche 2017](#)



Ergebnisse

Nach erfolgter Anzucht unter anaeroben Bedingungen wurde bei allen 30 *C. difficile*-Isolaten eine Ribotypisierung und bei 19 (63,3%) Stämmen zusätzlich eine Resistenztestung, wie an anderer Stelle beschrieben,^{15,16} durchgeführt (s. Tab. 1).

Antibiotikum	Anteil resistenter Isolate	Bereich minimale Hemmkonzentration (MHK)
Metronidazol	0/19 (0%)	0,38–2,0 mg/l
Vancomycin	0/19 (0%)	0,125–1,0 mg/l
Moxifloxacin	18/19 (94,7%)	2,0–32,0 mg/l
Rifampicin*	3/19 (15,8%)	–
Clarithromycin*	16/19 (84,2%)	–

Tab. 1: Resistenzverhalten getesteter RT176-Isolate, n = 19 (11/2013–9/2016)

* für Rifampicin und Clarithromycin erfolgte eine Messung mittels Agar-diffusion, sodass keine Konzentrationen angegeben werden können

Die Mehrzahl der RT176-Stämme stammt aus den Bundesländern Nordrhein-Westfalen und Bayern (s. Abb. 1). Das Verbreitungsmuster zeigt aber bisher keine spezifische regionale Verteilung.

Zur Darstellung der Verwandtschaftsbeziehungen wurden die Isolate einer „Multiple locus-variant tandem-repeat analysis“ (MLVA) unterzogen.¹⁷ Mittels dieses Verfahrens können Stämme auf ihre Verwandtschaftsverhältnisse hin untersucht werden. Bei *C. difficile*-Isolaten werden mit dieser Methode an sieben unterschiedlichen Regionen des Genoms die Anzahl an bestimmten DNA-Wiederholungen (*Repeats*) gemessen. Ein klonaler Stamm ist definiert als ein Unterschied in bis zu zwei genetischen *Repeats*, während bei einer Verwandtschaft dieser bis zu zehn betragen kann.

Nach MLVA-Untersuchung der 30 Isolate zeigten sich vier Cluster von insgesamt 15 miteinander verwandten Stämmen (s. Abb. 2, S. 93). Das größte Cluster besteht aus

sechs Isolaten, die in der Region Franken, in Würzburg (BY-1-WÜ, BY-2-WÜ), Schweinfurt (BY-3-SW bis BY-5-SW) und Heilbronn (BW-1-HN) isoliert wurden. Darüber hinaus zeigt sich ein klonaler Komplex zwischen dem Isolat aus Heilbronn (BW-1-HN) und Schweinfurt (BY-3-SW; Entfernung > 150 km). Das zweite Cluster besteht aus vier Isolaten aus Nordrhein-Westfalen (NRW) und einem Isolat aus Berlin (BE-1-B, NRW-1-BO, NRW-2-MG, NRW-3-MI, NRW-4-D).

Weitere Cluster bestehen aus zwei Isolaten aus Kempten (BY-6-KE und BY-7-KE) und zwei Isolaten aus Berlin (BE-1-B) und Sachsen-Anhalt (ST-1-MD). Klinische Daten zu den externen Einsendungen sind leider nicht verfügbar. Es sind aber in aller Regel stationäre Patienten.

Diskussion

Der RT176 wurde von unserem Labor im Jahr 2013 in Deutschland erstmals isoliert. Bisher ist das Auftreten noch von sporadischer Natur, allerdings könnten die regionalen Cluster verwandter Stämme darauf hindeuten, dass sich dieser RT bereits in einzelnen Regionen Deutschlands etabliert haben könnte.

Durch den Umstand, dass sich RT176 sehr schwer von einem RT027 unterscheiden lässt, könnte er von vielen Laboren falsch klassifiziert worden sein. Dies könnte eine Erklärung dafür sein, warum er bisher in Deutschland noch nicht verstärkt detektiert werden konnte und womöglich bereits vor dem Jahr 2013 nach Deutschland eingebracht wurde.

Daher sollte besonders bei Ausbruchsuntersuchungen darauf geachtet werden, dass die genutzten Typisierungsverfahren (Ribotypisierung) in der Lage sind, RT176 von RT027 korrekt zu unterscheiden. In anderen, an Deutschland angrenzenden Staaten mit Ausnahme von Polen und Tschechien, liegen derzeit keine gehäuften Berichte über das Auftreten von RT176 vor.

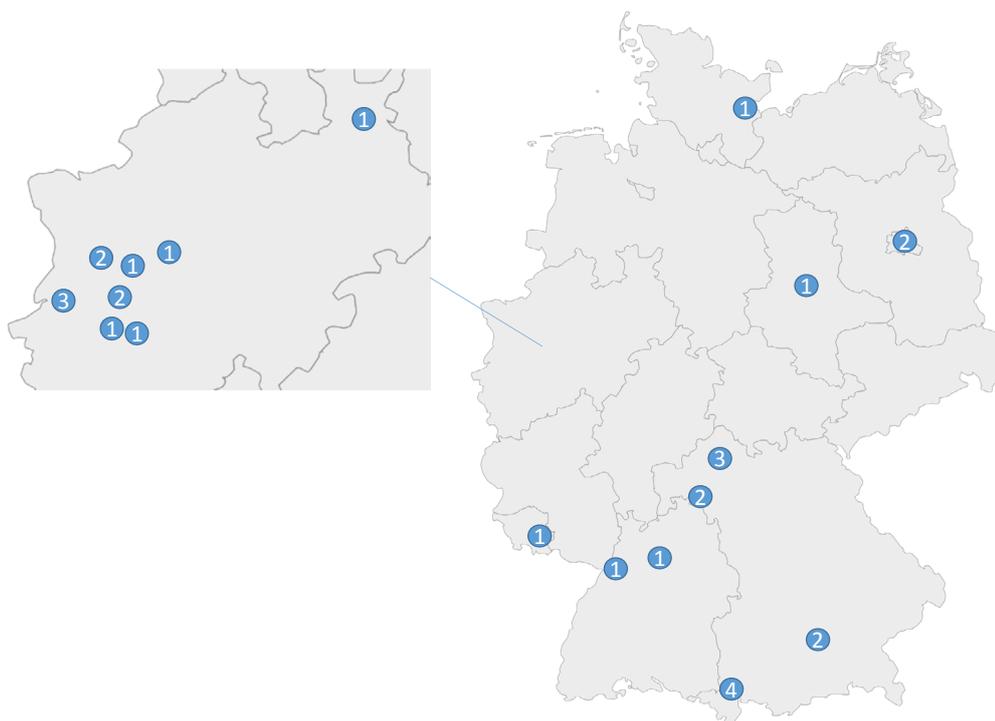


Abb. 1: Geografische Verteilung von RT176-Isolaten; Zahlen in den Kreisen entsprechen Anzahl an Patienten, n = 30 (11/2013–9/2016)

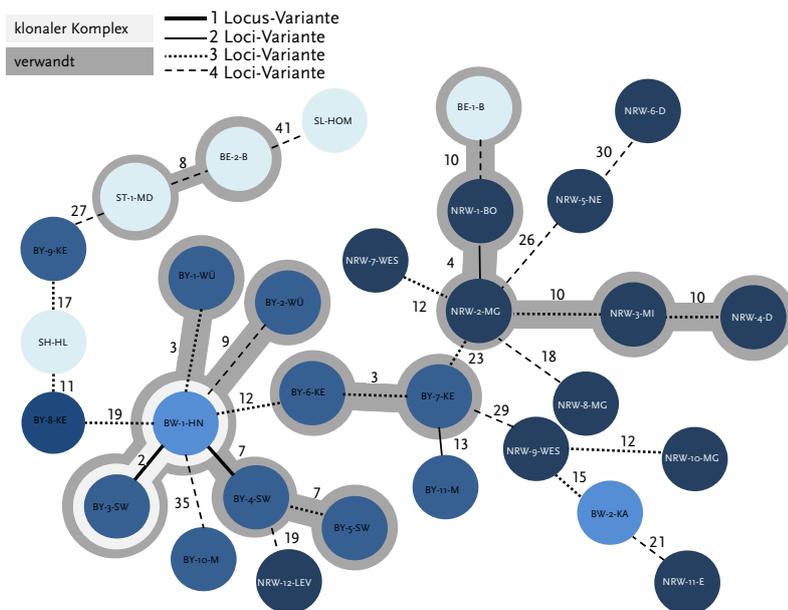


Abb. 2: Verwandtschaftsbeziehungen von RT176-Isolaten; Isolate entsprechend der Herkunft in verschiedenen Blautönen; Bayern (BY), Baden-Württemberg (BW), Nordrhein-Westfalen (NRW), Saarland (SL), Schleswig-Holstein (SH), Berlin (BE), Sachsen-Anhalt (ST), weitere Bezeichnung entsprechend Autokennzeichen der Landkreise; Verbindungsstriche entsprechend sich unterscheidender Gen-Loci; arabische Zahlen, unterschiedliche DNA-Repeats; verwandte Isolate in Dunkelgrau, klonale Komplexe in Hellgrau

Die hier untersuchten RT176-Isolate weisen eine hohe Resistenz gegenüber Fluorochinolonen (Moxifloxacin) und Makroliden (Clarithromycin) auf, wie sie auch bei RT027-Isolaten zu finden sind. Dies unterstreicht die Wichtigkeit eines restriktiven Antibiotikaverbrauchs, da dies für *C. difficile* sowohl einen Selektionsfaktor als auch den Hauptauslöser der Erkrankung darstellt. Überraschenderweise konnte jedoch nur bei 15,8% der hier untersuchten RT176-Stämme phänotypisch eine Resistenz gegenüber Rifampicin beobachtet werden, während in Tschechien (mit etwa 65% und 90%) wesentlich mehr RT176-Stämme als resistent gegen Rifampicin beschrieben wurden.^{11,12} Resistenzen gegenüber zur Therapie eingesetzten Antibiotika wie Metronidazol und Vancomycin fanden sich nicht.

Durch den Umstand, dass RT176 bereits in Deutschland nachgewiesen werden kann, könnte es in Zukunft zu Ausbrüchen, einer erhöhten Inzidenz an *Clostridium difficile*-Infektionen oder sogar einem *Replacement* von bereits etablierten RTs kommen.

Literatur

- Yutin N, Galperin MY: A genomic update on clostridial phylogeny: Gram-negative spore formers and other misplaced clostridia. *Environ Microbiol* 2013;15(10):2631–2641
- Arvand M, Hauri AM, Zaiss NH, et al.: *Clostridium difficile* ribotypes 001, 017, and 027 are associated with lethal *C. difficile* infection in Hesse, Germany. *Euro Surveill* 2009, 14(45).
- Bauer MP, Notermans DW, van Benthem BH, et al.: *Clostridium difficile* infection in Europe: a hospital-based survey. *Lancet* 2011;377(9759):63–73
- Baldan R, Trovato A, Bianchini V, et al.: *Clostridium difficile* PCR ribotype 018, a successful epidemic genotype. *J Clin Microbiol* 2015;53(8):2575–2580
- Obuch-Woszczatynski P, Dubiel G, Harmanus C, et al.: Emergence of *Clostridium difficile* infection in tuberculosis patients due to a highly rifampicin-resistant PCR ribotype 046 clone in Poland. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2013;32(8):1027–1030
- Goorhuis A, Bakker D, Corver J, et al.: Emergence of *Clostridium difficile* infection due to a new hypervirulent strain, polymerase chain reaction ribotype 078. *Clin Infect Dis* 2008;47(9):1162–1170
- Ratnayake L, McEwen J, Henderson N, et al.: Control of an outbreak of diarrhoea in a vascular surgery unit caused by a high-level clindamycin-resistant *Clostridium difficile* PCR ribotype 106. *J Hosp Infect* 2011;79(3):242–247
- Nyc O, Pituch H, Matejkova J, et al.: *Clostridium difficile* PCR ribotype 176 in the Czech Republic and Poland. *Lancet* 2011;377(9775):1407
- Lim SK, Stuart RL, Mackin KE, et al.: Emergence of a ribotype 244 strain of *Clostridium difficile* associated with severe disease and related to the epidemic ribotype 027 strain. *Clin Infect Dis* 2014;58(12):1723–1730
- Gerding DN, Johnson S, Rupnik M, et al.: *Clostridium difficile* binary toxin CDT: mechanism, epidemiology, and potential clinical importance. *Gut Microbes* 2014;5(1):15–27
- Polivkova S, Krutova M, Petrlova K, et al.: *Clostridium difficile* ribotype 176 – A predictor for high mortality and risk of nosocomial spread? *Anaerobe* 2016;40:35–40
- Krutova M, Matejkova J, Tkadlec J, et al.: Antibiotic profiling of *Clostridium difficile* ribotype 176 – A multidrug resistant relative to *C. difficile* ribotype 027. *Anaerobe* 2015;36:88–90
- Krutova M, Matejkova J, Nyc O: *C. difficile* ribotype 027 or 176? *Folia Microbiol (Praha)* 2014;59(6):523–526
- Valiente E, Dawson LF, Cairns MD, et al.: Emergence of new PCR ribotypes from the hypervirulent *Clostridium difficile* 027 lineage. *J Med Microbiol* 2012;61(Pt 1):49–56
- Indra A, Schmid D, Huhulescu S, et al.: Characterization of clinical *Clostridium difficile* isolates by PCR ribotyping and detection of toxin genes in Austria, 2006–2007. *J Med Microbiol* 2008;57(Pt 6):702–708
- von Müller L, Halfmann A, Herrmann M: Aktuelle Daten und Trends zur Antibiotikaresistenzentwicklung von *Clostridium difficile*. *Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz* 2012;55(11–12):1410–1417
- van den Berg RJ, Schaap I, Templeton KE, et al.: Typing and subtyping of *Clostridium difficile* isolates by using multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis. *J Clin Microbiol* 2007;45(3):1024–1028

■ Dr. Fabian Berger, Prof. Markus Bischoff, Christian Strauß, Prof. Lutz von Müller und Prof. Barbara Gärtner
Universitätsklinikum des Saarlandes und Medizinische Fakultät der Universität des Saarlandes
Korrespondenz: Fabian.Berger@uks.eu

■ Vorgeschlagene Zitierweise:
Berger F, Bischoff M, Strauß C, von Müller L, Gärtner B: Auftreten von *Clostridium difficile* Ribotyp 176 in Deutschland
Epid Bull 2017;10:93–95

DOI 10.17886/EpiBull-2017-010.3

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

7. Woche 2017 (Datenstand: 8. März 2017)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.
Baden-Württemberg	57	574	687	4	18	16	11	86	134	1	4	7
Bayern	97	778	930	4	28	18	18	147	158	0	4	8
Berlin	29	208	384	3	13	12	4	25	57	0	1	19
Brandenburg	22	146	197	1	7	8	5	26	49	0	0	0
Bremen	5	40	42	0	0	0	2	6	5	0	1	2
Hamburg	11	161	214	3	6	3	7	31	41	0	5	3
Hessen	51	369	563	1	6	7	8	48	94	1	5	10
Mecklenburg-Vorpommern	16	156	146	0	5	8	6	36	30	0	0	1
Niedersachsen	45	441	726	1	23	25	15	100	91	0	0	5
Nordrhein-Westfalen	224	2.077	2.550	3	37	33	25	211	295	0	5	7
Rheinland-Pfalz	43	187	429	1	11	16	7	32	104	1	2	8
Saarland	12	141	140	0	0	1	3	14	12	0	0	2
Sachsen	39	428	593	4	15	11	7	60	80	0	3	0
Sachsen-Anhalt	22	156	222	1	10	12	8	45	64	0	0	1
Schleswig-Holstein	23	206	252	0	11	5	5	38	33	0	0	0
Thüringen	28	211	257	0	6	2	3	61	47	0	0	0
Deutschland	729	6.309	8.332	26	196	177	134	967	1.294	3	31	73

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung ⁺			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.	7.	1.-7.	1.-7.
Baden-Württemberg	2	15	17	253	2.371	730	55	289	155	6	49	43	0	4	7
Bayern	10	45	53	305	2.940	1.440	142	705	313	8	64	95	0	15	10
Berlin	0	9	18	98	870	617	29	130	212	6	30	53	2	15	10
Brandenburg	2	13	14	76	671	872	63	238	317	3	14	13	0	4	6
Bremen	1	3	2	4	62	62	3	23	18	0	5	8	0	0	0
Hamburg	0	4	7	61	377	303	34	143	111	3	16	17	0	6	7
Hessen	2	16	25	124	1.030	511	100	240	194	1	17	33	1	14	20
Mecklenburg-Vorpommern	0	7	8	97	827	597	22	98	330	1	12	11	0	12	17
Niedersachsen	2	26	42	158	1.486	1.008	74	293	213	2	21	19	1	8	14
Nordrhein-Westfalen	9	65	94	679	5.866	1.948	131	568	499	7	59	84	3	14	27
Rheinland-Pfalz	1	6	32	160	1.083	554	23	79	113	1	7	12	1	2	5
Saarland	0	0	4	47	585	207	33	121	29	1	2	5	0	1	7
Sachsen	6	66	51	216	1.917	1.524	86	496	500	3	22	31	0	8	14
Sachsen-Anhalt	0	29	21	136	948	672	53	186	221	3	25	14	2	6	16
Schleswig-Holstein	0	5	9	70	601	282	35	103	86	0	5	7	1	2	8
Thüringen	1	30	31	114	1.246	872	52	247	234	1	6	13	1	5	2
Deutschland	36	341	428	2.605	22.947	12.200	937	3.967	3.545	46	355	458	12	116	170

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

7. Woche 2017 (Datenstand: 8. März 2017)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺			Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Tuberkulose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.
Baden-Württemberg	1	10	21	6	63	35	9	65	80	1	7	8	12	108	109
Bayern	2	16	29	21	138	133	22	118	126	2	9	8	12	101	169
Berlin	1	31	18	1	16	14	4	25	49	1	2	6	0	0	64
Brandenburg	0	2	6	0	11	3	0	3	6	1	1	2	3	14	29
Bremen	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	2	0	5	10
Hamburg	0	4	8	0	7	28	3	11	16	0	0	1	3	26	28
Hessen	2	18	13	6	44	54	6	45	53	1	6	4	7	64	80
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	2	0	4	6	0	5	7	1	2	0	2	13	7
Niedersachsen	1	12	14	1	11	17	6	37	50	0	4	6	5	32	51
Nordrhein-Westfalen	5	41	34	11	41	50	18	116	92	2	6	11	24	135	177
Rheinland-Pfalz	0	5	8	5	9	6	0	9	34	0	3	7	3	14	56
Saarland	1	3	2	2	3	0	0	2	9	0	1	0	0	5	4
Sachsen	1	8	4	1	35	54	1	13	28	2	3	2	6	23	31
Sachsen-Anhalt	0	3	6	1	3	6	3	11	11	1	1	2	0	15	24
Schleswig-Holstein	0	2	11	1	13	8	6	33	26	0	1	1	3	22	21
Thüringen	0	2	4	0	1	1	1	7	8	0	0	1	2	15	13
Deutschland	14	162	181	58	403	416	79	501	596	12	47	61	82	594	875

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.	7.	1.–7.	1.–7.
Baden-Württemberg	2	14	0	0	11	14	0	0	0	34	216	134	86	596	773
Bayern	0	3	1	4	31	9	0	0	0	103	539	372	136	873	979
Berlin	7	21	4	0	6	6	0	0	2	19	119	165	28	229	497
Brandenburg	1	1	0	0	1	2	0	0	0	21	117	96	14	99	144
Bremen	0	0	0	0	1	1	0	0	0	5	17	20	11	127	76
Hamburg	0	0	0	1	2	5	0	0	0	15	110	31	10	69	91
Hessen	7	25	0	0	9	10	0	0	0	44	179	116	27	151	262
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	2	2	0	0	0	12	76	40	3	27	37
Niedersachsen	0	0	1	1	8	7	0	0	0	25	127	123	25	213	243
Nordrhein-Westfalen	17	30	3	3	33	17	0	2	1	78	442	295	88	717	887
Rheinland-Pfalz	0	0	0	0	3	8	0	1	0	17	76	76	12	61	163
Saarland	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	13	11	2	14	23
Sachsen	7	34	0	0	2	2	0	1	0	13	97	65	19	210	322
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	1	4	0	0	0	12	61	58	14	69	57
Schleswig-Holstein	0	4	1	1	4	4	0	0	0	9	44	31	10	113	113
Thüringen	0	4	0	0	3	3	0	0	0	28	109	158	11	78	42
Deutschland	41	137	10	10	117	94	0	4	3	437	2.348	1.791	499	3.654	4.710

⁺ 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).

Allgemeiner Hinweis: Wegen Verwendung veralteter Softwareversionen werden die übermittelten Fälle der folgenden Gesundheitsämter (GA) seit der 1. Meldewoche 2017 nicht ausgewiesen: GA Wildeshausen, GA Berlin-Treptow/Köpenick, GA Beeskow, GA Perleberg, GA Luckenwalde und Zentrum für Tuberkulosekranke- und gefährdete Menschen Berlin.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

7. Woche 2017 (Datenstand: 8. März 2017)

Krankheit	2017	2017	2016	2016
	7. Woche	1.–7. Woche	1.–7. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	12	76	80	732
Brucellose	0	3	5	36
Chikungunya-Fieber	0	2	9	74
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	6	15	98
Dengue-Fieber	3	30	128	956
FSME	0	2	4	347
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	2	16	4	69
Hantavirus-Erkrankung	11	88	26	282
Hepatitis D	0	0	6	33
Hepatitis E	36	250	195	1.992
Influenza	13.392	63.091	11.411	64.396
Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae	22	133	101	622
Legionellose	7	95	86	992
Leptospirose	1	8	8	93
Listeriose	6	96	97	707
Ornithose	0	1	1	9
Paratyphus	0	4	2	36
Q-Fieber	0	8	53	275
Trichinellose	0	0	1	4
Tularämie	1	1	6	41
Typhus abdominalis	1	7	5	60

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 9. Kalenderwoche (KW) 2017

Die Aktivität der ARE ist in der 9. KW im Vergleich zur Vorwoche bundesweit gesunken. Die Werte des Praxisindex lagen im Bereich geringfügig erhöhter ARE-Aktivität. Die Grippewelle in Deutschland hält weiter an. Der Höhepunkt der diesjährigen Grippewelle ist überschritten.

Internationale Situation

Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance (Flu News Europe)

siehe: www.flunewseurope.org/

Zusammensetzung des Influenzaimpfstoffs der nördlichen Hemisphäre für die Saison 2017/18

Die WHO hat am 2.3.2017 die Empfehlung zur Zusammensetzung des Influenzaimpfstoffs in der nördlichen Hemisphäre 2017/18 veröffentlicht. Gegenüber der Empfehlung für die Saison 2016/17 wurde nur die Komponente gegen Influenza A(H1N1)pdm09 aktualisiert: www.who.int/influenza/vaccines/virus/recommendations/2017_18_north/en/.

Humane Erkrankungen mit aviären Influenza A(H7N9)-Viren (WHO, ECDC, RKI)

Seit der Identifizierung humaner Fälle mit A(H7N9) in China im Frühjahr 2013 ist es auch in den Winterhalbjahren 2013/14, 2014/15, 2015/16 und 2016/17 zur Häufung von humanen Fällen gekommen, die als Erkrankungswellen bezeichnet werden. In der aktuell 5. Erkrankungswelle wurden mit bisher mindestens 460 Fällen mehr humane Erkrankungen registriert als in einer der 4 vorangegangenen Erkrankungswellen (135, 320, 226, 119 Fälle). Trotz der deutlichen Zunahme der Fallzahlen haben sich nach Einschätzung der WHO die epidemiologischen Charakteristika in der 5. Erkrankungswelle nicht verändert. Das größte Risiko einer Infektion besteht weiterhin bei Kontakt zu Geflügel oder zu einer mit Geflügelkot kontaminierten Umgebung in China. Es konnten zwar kleinere Häufungen identifiziert werden, bei denen eine begrenzte Übertragung nicht ausgeschlossen werden kann, zu einer fortgesetzten Mensch-zu-Mensch-Übertragung kam es aber bisher nicht (www.who.int/influenza/human_animal_interface/influenza_h7n9/en/).

Das ECDC empfiehlt Reisenden in die betroffenen Gebiete, auf den Besuch von Geflügelmärkten und -farmen zu verzichten, Kontakt zu Geflügel zu vermeiden und nur ausreichend durchgare Lebensmittel zu sich zu nehmen. Durch den derzeitigen Anstieg an A(H7N9)-Infektionen in China könnten möglicherweise auch einzelne Fälle nach Europa importiert werden; allerdings wird das Risiko einer Weiterverbreitung in Europa als gering eingeschätzt. Die Risikoeinschätzung des ECDC vom 27.1.2017 ist gleich geblieben (http://ecdc.europa.eu/en/activities/sciadvices/_layouts/forms/Review_DispForm.aspx?List=a3216f4c-f040-4f51-9f77-a96046dbfd72&ID=808). Einzelne importierte Fälle können auch in Deutschland nicht grundsätzlich ausgeschlossen werden. Deshalb sollten Ärzte ihre Patienten, die sich mit einer akuten respiratorischen Symptomatik vorstellen, nach einer Chinareise in den letzten 10 Tagen vor Erkrankungsbeginn fragen. Informationen des RKI zu aviärer Influenza: www.rki.de/vogelgrippe.

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 9. KW 2017
<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)

► Redaktionsassistentin: 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.

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