

Internationaler Ausbruch von *Enterobacter-hormaechei*-Infektionen mit NDM-5-Carbapenemase seit März 2025

Epidemiologische Charakterisierung der Fälle in Deutschland und Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche

Einleitung

Enterobacter hormaechei ist ein gramnegatives Bakterium, das verschiedene opportunistische Infektionen wie Sepsis oder Harnwegsinfektionen verursachen kann und auch bei nosokomialen Infektionen nachgewiesen wird.¹ Der Erreger kommt sowohl in der Umwelt als auch als Kommensale im menschlichen Magen-Darm-Trakt vor.² *E. hormaechei* neigt aufgrund seiner chromosomalen Klasse-C- β -Laktamase zu Multiresistenz, weshalb Carbapeneme oft als Therapieoption bei schweren Infektionen eingesetzt werden. Eine zusätzliche Carbapenem-Resistenz, die durch Carbapenemasen vermittelt wird, schränkt die Behandlungsmöglichkeiten drastisch ein. Klinisch besonders bedenklich sind dabei Metallo- β -Laktamasen (MBL) wie Neu-Delhi-Metallo- β -Laktamase (NDM)-5: Sie inaktivieren nicht nur nahezu alle β -Laktam-Antibiotika, sondern verleihen auch Resistenzen gegenüber neuen Reserveantibiotika, was ein Risiko für die öffentliche Gesundheit darstellt.^{3,4}

Der Nachweis von Carbapenemase-produzierenden Enterobacterales (CPE), und damit auch von Carbapenemase-produzierenden *E. hormaechei*, unterliegt in Deutschland der gesetzlichen Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG). Ebenso ist das Auftreten nosokomialer Ausbrüche meldepflichtig. Primärlaboratorien können Isolate auf freiwilliger Basis an das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger einsenden, wo eine Spezifizierung der Carbapenemasen sowie eine feintypisierende Differenzierung des Erregers durchgeführt werden kann.

Ausbrüche durch Erreger des übergeordneten *Enterobacter-cloacae*-Komplexes und insbesondere *E. hormaechei* werden in der Literatur häufig mit kontaminierten Medikamenten oder Medizinprodukten in Verbindung gebracht. Ein prägnantes Bei-

spiel hierfür ist ein Ausbruch in Dänemark und Island in den Jahren 2022 und 2023, welcher auf kontaminierte Dicloxacillin-Kapseln als Quelle für NDM-5- und Oxacillinase (OXA)-48-produzierende *E. hormaechei* (Sequenztyp [ST] 79) zurückgeführt werden konnte. Auch andere kontaminierte Produkte, wie z. B. Kochsalzlösungen oder Ultraschallgele wurden in der Vergangenheit als Ursache von Ausbrüchen identifiziert.^{5–7}

Am 12. September 2025 informierte das niederländische Nationale Institut für Public Health und Umwelt (RIVM) über EpiPulse (eine Informationsplattform für die Nationalen Public-Health-Institute der EU) über ein gehäuftes Auftreten von Infektionen und Kolonisierungen mit *E. hormaechei* ST 1344, die das Carbapenemase-Gen *bla*_{NDM-5} trugen. Ein Abgleich genomischer Daten zwischen den EU-Mitgliedsstaaten bzw. des Europäischen Wirtschaftsraums (EWR) offenbarte ein länderübergreifendes genomisches Cluster. Auch in Deutschland zeigte sich, dass die Zahl der IfSG-Meldefälle, der Nachweise in der Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS)⁸ und der ans NRZ eingesandten Isolate die erwartete Anzahl (orientiert an den Werten der Vorjahre) deutlich überstieg. Darüber hinaus konnten zwei Erregersequenzen am Niedersächsischen Landesgesundheitsamt (NLGA) als zugehörig zum genomischen Cluster identifiziert werden. Offensichtliche epidemiologische Zusammenhänge zwischen den Fällen (z. B. Alter, Nachweisorte, Auslandsexposition) aus Deutschland und denen anderer Länder waren nicht erkennbar. Daher leiteten das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) und das Europäische Referenzlabor für den Bereich Öffentliche Gesundheit und Antibiotikaresistenzen (EURL-PH-AMR) gemeinsam mit den nationalen Partnerinstituten eine länderübergreifende Ausbruchsuntersuchung ein, die zuletzt auch in einer *Rapid Communication* in Eurosurveillance mündete.⁹

Ziel dieses Berichts ist, (1) die epidemiologischen, klinischen und mikrobiologischen Charakteristika der Fälle in Deutschland zu beschreiben, (2) geografische Verteilungsmuster und mögliche Expositionen detailliert zu analysieren und (3) für die weitere Suche nach Fällen mit dem Ziel der Identifikation der Infektionsquelle zu sensibilisieren. Dieser Bericht beschreibt außerdem die Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche.

Methoden

Zur systematischen Erfassung des Ausbruchs und zugehöriger Fälle in Deutschland wurde eine Falldefinition erstellt. Als mögliche Fälle galten Personen mit Nachweis von *E. hormaechei* (oder *E. cloacae*-Komplex) mit einer nicht weiter spezifizierten NDM-Carbapenemase. Als wahrscheinliche Fälle galten jene mit Spezifikation einer NDM-5-Carbapenemase. Bestätigt waren Fälle, deren Isolat mittels Core-Genome-Multilocus-Sequenztypisierung (cgMLST) und mit einem Schwellenwert von ≤ 12 Alleldifferenzen dem Ausbruchscluster zugeordnet werden konnte.¹⁰

Nach Bekanntwerden des internationalen Ausbruchsignals wurde die Abklärung der Ausbruchszugehörigkeit wahrscheinlicher Fälle unter IfSG-Meldefällen und NRZ-Isolaten mittels Ganzgenomsequenzierung für alle seit dem 1.1.2024 eingegangenen Isolate von *E. hormaechei*/*E. cloacae*-Komplex mit NDM-5 am NRZ implementiert. Ergänzend wurden die mikrobiologischen Laboratorien bundesweit um Einsendung entsprechender Isolate oder das Teilen von Sequenzdaten gebeten.

Zur differenzierten Fallabklärung wurden an das NRZ eingesandte Isolate möglicher Fälle zunächst einer phänotypischen und molekularen Routine-Carbapenemase-Spezifizierung unterzogen. Isolate mit NDM-5-Nachweis wurden sequenziert und mittels cgMLST analysiert. Für bestätigte Fälle wurde die Isolat-Erregersequenz mit epidemiologischen und klinischen Daten der Meldefälle gemäß IfSG verknüpft.¹¹

Die epidemiologische Datenerhebung zu Expositionen fokussierte sich auf die Ergänzung der Melde-

fall- und Probenbegleitinformationen (Routinedaten) hinsichtlich stationärer und ambulanter Behandlungen, medizinischer Prozeduren und Expositionen zu Arzneimitteln und Medizinprodukten in den 12 Monaten vor Erstnachweis. Diese tiefergehende, detaillierte Erhebung stützte sich insbesondere auf telefonische Interviews, die durch das Ausbruchsteam mit den Behandelnden unter Verwendung eines international standardisierten Fragebogens durchgeführt wurden. Dabei lagen je nach Vollständigkeit verschiedene Stufen der Detailtiefe der Expositionserhebung vor: 1) Vollständig erhobene Expositionsdaten (alle medizinischen Behandlungszeitpunkte erfasst sowie Prozeduren und Produktexpositionen pro Behandlung), 2) teilweise erhobene Expositionsdaten, 3) nur Routinedaten.

Die Fälle wurden nach Zeit, Ort und Person beschrieben, um wissenschaftliche Hypothesen hinsichtlich einer Mensch-zu-Mensch-Übertragung oder einer produktassoziierten Ausbruchsquelle zu überprüfen. Die geografische Zuordnung der Fälle erfolgte nach Region der erfassenden Gesundheitseinrichtung (ergänzt durch Wohnort oder einsendendem Labor, falls die Information fehlte) (Ebene 2 der Systematik der Gebietseinheiten für die Statistik [NUTS-2]).

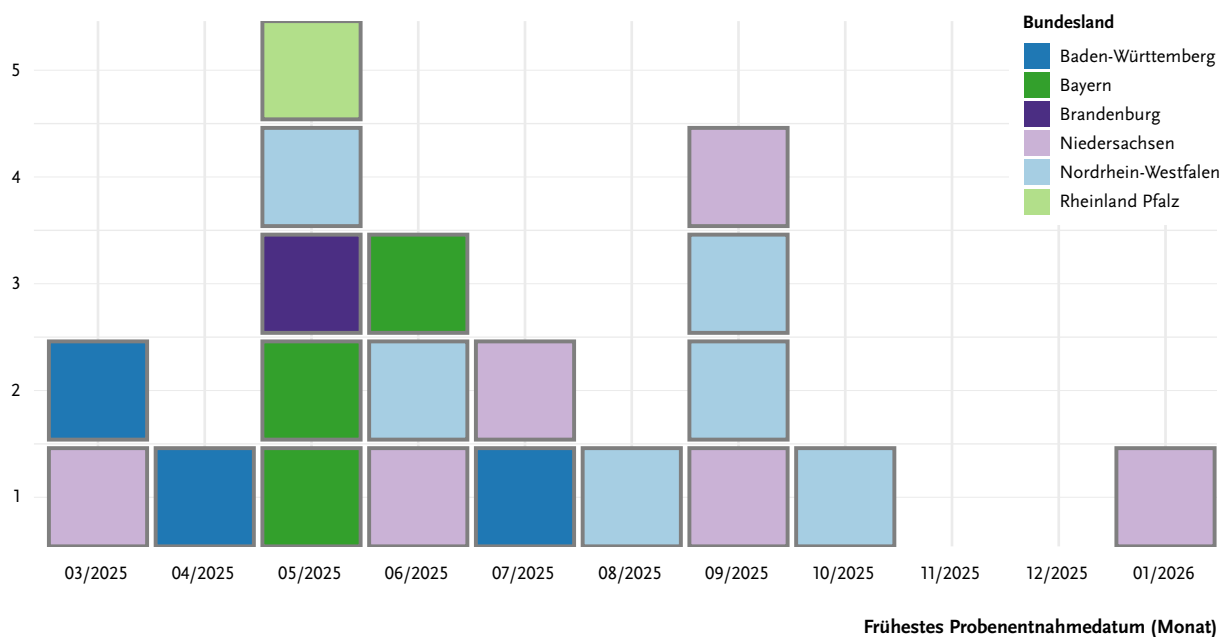
Fälle wurden bezüglich ihrer medizinischen Versorgungshistorie in vier Gruppen eingeteilt: (1) ausschließlich ambulante Besuche, (2) ausschließlich stationäre Krankenhausaufenthalte, (3) sowohl ambulante als auch stationäre Aufenthalte sowie (4) keine Informationen zu Aufenthalten in den 12 Monaten vor der frühesten Probenentnahme, die zum Erregernachweis führte.

Ergebnisse

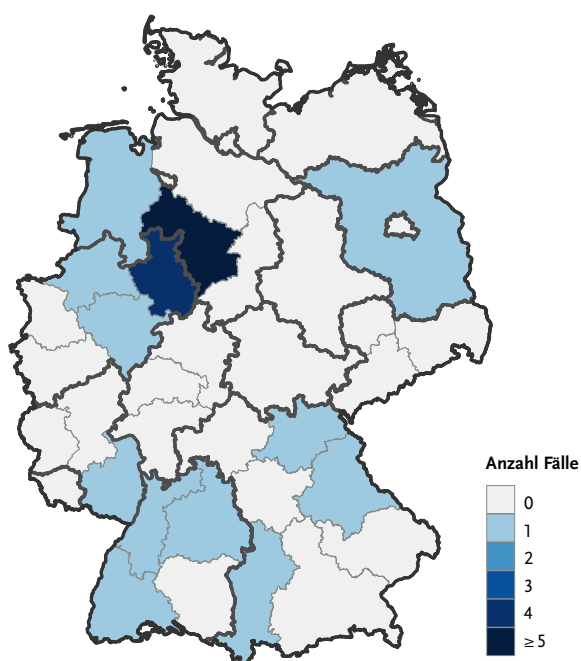
Insgesamt konnten dem Ausbruchscluster in Deutschland mit Datenstand vom 1.8.2026 20 bestätigte Fälle zugeordnet werden. Der zeitlich früheste Nachweis eines bestätigten Falls in diesem internationalen Ausbruch war im März 2025 in Deutschland. Der letzte bestätigte Fall in Deutschland wurde mit Erstnachweis im Januar 2026 identifiziert (s. Abb. 1A). Im länderübergreifenden Geschehen wurde der letzte bestätigte Fall im Mai 2026 in Österreich verzeichnet. Die in Deutschland bestätigten Fälle verteilten sich auf sechs Bundesländer (Baden-

A

Anzahl Fälle pro Monat



B



C

Altersgruppe (Jahre)

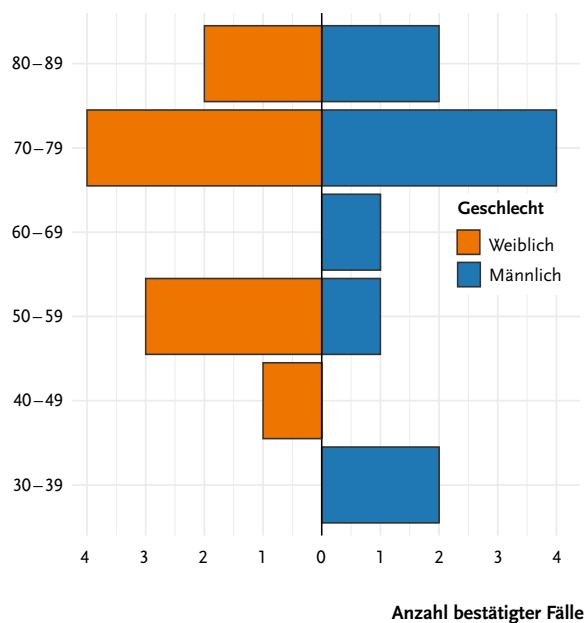


Abb. 1 | (A) Grafik zur Verteilung der bestätigten Fälle mit NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 in Deutschland nach frühestem Probenentnahmedatum und Bundesland; (B) Geografische Verteilung der bestätigten Fälle nach NUTS-2-Region; (C) Verteilung bestätigter Fälle nach Altersgruppe und Geschlecht, März 2025–Januar 2026 (n=20)

NDM = Neu-Delhi-Metallo- β -Laktamase; ST = Sequenztyp; NUTS = Systematik der Gebietseinheiten für die Statistik

Württemberg, Bayern, Brandenburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz) sowie 13 NUTS-2-Regionen. Abseits von regionalen Häufungen in Hannover (n=5) und Detmold (n=4), zeigte sich das Infektionsgeschehen geografisch breit gestreut (s. Abb. 1B). Unter den Fällen in Deutschland waren 50 % Frauen (s. Abb. 1C). Das Medianalter lag bei 72 Jahren mit einer Spanne von 37 bis 89 Jahren.

Bei 14 Fällen lag eine Infektion vor, während sechs Personen als kolonisierte Fälle eingestuft wurden. Das Spektrum der klinischen Manifestationen war vielfältig und umfasste unter anderem Harnwegsinfektionen, Wundinfektionen, Abszesse sowie eine Gallenblaseninfektion. Dementsprechend unterschiedlich war das Probenmaterial: Sieben Nachweise stammten aus Urinproben, sechs aus Rektalabstrichen im Rahmen von Screening-Untersuchungen. Vier Nachweise stammten aus Wundabstrichen, zwei aus Blutkulturen und ein Nachweis aus Gallensekret (s. Tab. 1).

Über alle 20 bestätigten Fälle in Deutschland hinweg waren für drei Fälle nur ambulante Behandlungen bekannt, für sechs Fälle nur stationäre Aufenthalte, für acht Fälle beide Arten und für drei Fälle gab es keine Informationen dazu (s. Tab. 1). Für 12

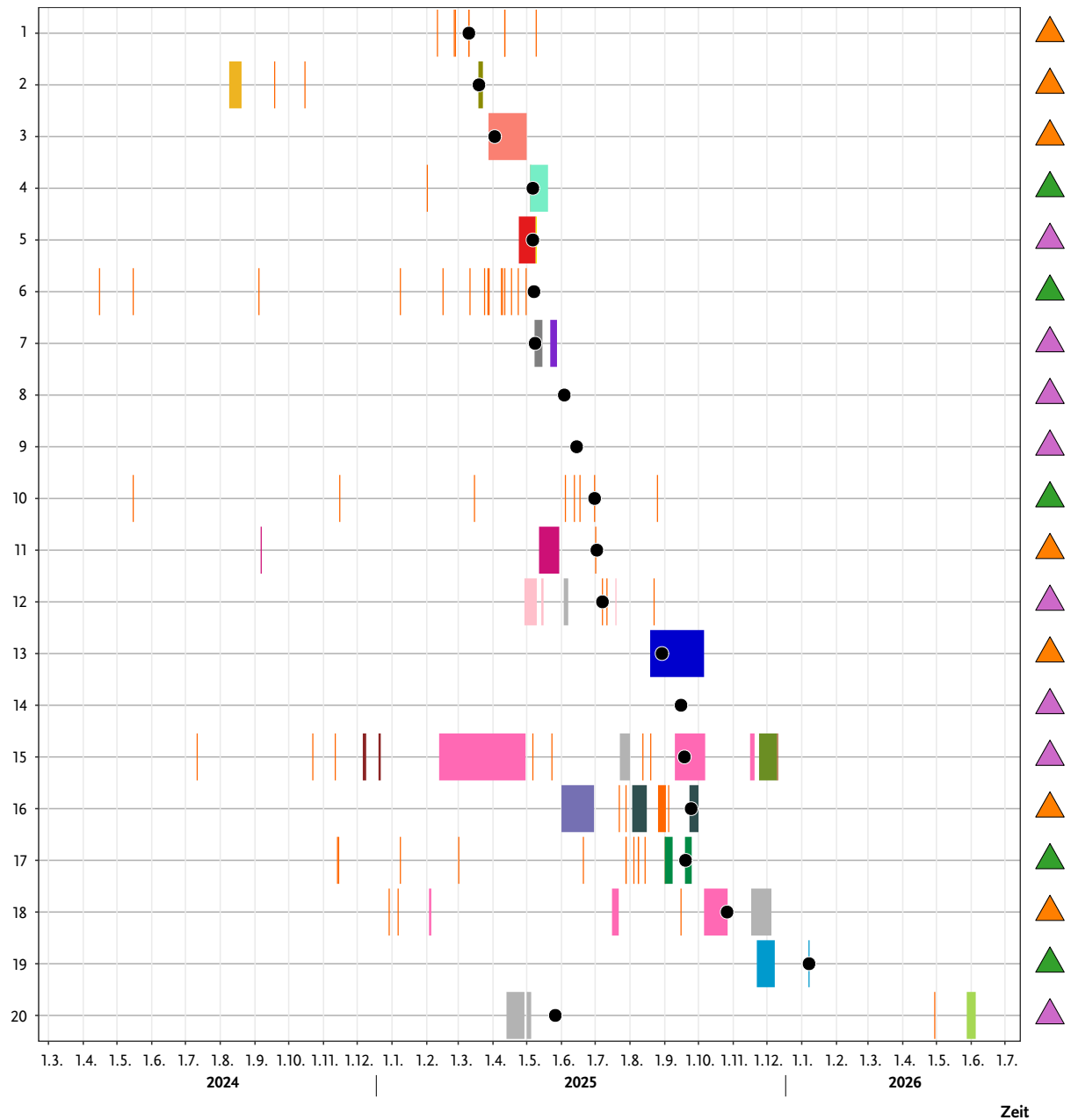
der 20 Fälle konnten tiefergehend detaillierte Expositionsdaten erhoben werden. Diese umfassten medizinische Behandlungsorte sowie die dort bei den Patientinnen und Patienten verwendeten Produkte. Bei fünf Fällen konnten Expositionsinformationen vollständig für alle Behandlungszeitpunkte und bei sieben Fällen teilweise ermittelt werden. Für acht Fälle lagen lediglich Routinedaten vor. Hinsichtlich der medizinischen Versorgungshistorie bei den insgesamt 12 Fällen mit tiefergehend erhobenen Expositionsangaben waren für drei Fälle ausschließlich ambulante Behandlungen, bei drei Fällen ausschließlich stationäre Aufenthalte und für sechs Personen sowohl ambulante als auch stationäre Behandlungen bekannt. Bei zwei dieser Fälle zeigte sich eine Überschneidung von Aufenthalten in derselben Klinik, allerdings einmalig mit nur einem Tag Überschneidung an verschiedenen Klinikstandorten oder zu unterschiedlichen Zeitpunkten am selben Standort. Für alle anderen Fälle ließen sich keine Überlappungen bei Aufenthalten in derselben medizinischen Einrichtung/Einrichtungsgruppe identifizieren (s. Abb. 2).

Aufgrund des Fehlens direkter räumlicher oder zeitlicher Überschneidungen zwischen den Fällen schien eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung nicht wahrscheinlich. Somit rückte die Hypothese einer produktassoziierten Ausbruchsquelle in den Fokus der Untersuchungen. Alle 12 Personen (100 %) mit detailliert erhobenen Angaben zur Versorgungshistorie wiesen in den 12 Monaten vor Probenentnahme eine Antibiotikaexposition auf. Zudem waren 11 der 12 Personen (92 %) gegenüber medizinischen Gelen wie Ultraschall- oder Endoskopiegelen exponiert, nur ein Fall explizit nicht. Bei den spezifischen Wirkstoffen und Produkten wurden Aminopenicillin-Antibiotika sowohl oral als auch intravenös (Amoxicillin, Amoxicillin-Clavulansäure, Ampicillin) bei neun der 12 Fälle dokumentiert. Auch ein nicht-alkoholisches Desinfektionsmittel wurde mit sechs Nennungen häufiger angegeben (s. Tab. 2), ebenso Pantoprazol als einziges mit sechs Nennungen unter anderen Arzneimitteln (nicht gezeigt). Bislang konnte jedoch kein einheitliches Überschneidungsmuster oder ein einzelnes Produkt von einem spezifischen Hersteller oder einer Gesundheitseinrichtung als Ausbruchsquelle identifiziert werden.

Tab. 1 | Charakteristika der bestätigten Fälle mit *E. hormaechei* ST1344 und *bla*_{NDM-5} in Deutschland, März 2025 – Januar 2026 (n = 20)

Charakteristika	Anzahl	Anteil
Geschlecht		
Weiblich	10	50 %
Männlich	10	50 %
Infektionsstatus		
Infiziert	14	70 %
Kolonisiert	6	30 %
Bekannte Aufenthalte in Gesundheitseinrichtungen innerhalb von 12 Monaten vor frühester Probenentnahme		
NUR ambulante Aufenthalte bekannt	3	15 %
NUR stationäre Aufenthalte bekannt	6	30 %
Ambulante UND stationäre Aufenthalte bekannt	8	40 %
Keine Informationen vorhanden	3	15 %
Probenmaterial		
Blut/Liquor	2	10 %
Urin	7	35 %
Wunde	4	20 %
Screening/Stuhl	6	30 %
Gallensekret	1	5 %

Fall-Identifikationsnummer



● Früheste positive Probenentnahme

Einrichtung (pseudonymisiert)

A G M S
 B H N T
 C I O U
 D J P Ambulant (verschiedene)
 E K Q Einrichtung unbekannt
 F L R

Detailtiefe Expositionserhebung

▲ vollständig erhoben
 ▲ teilweise erhoben
 ▲ nur Routedaten

Abb. 2 | Zeitstrahl pro bestätigtem Fall mit *E. hormaechei* ST1344 und bla_{NDM-5} in Deutschland mit frühester positiver Probenentnahme im Vergleich zu dokumentierten Krankenhausaufenthalten und ambulanten Besuchen, März 2024 – Juli 2026.

Tab. 2 | Zusammenfassung der Expositionen der bestätigten *E. hormaechei*-Fälle gegenüber Antibiotika, Ultraschallgelen sowie alkoholischen (alk.) und nicht-alkoholischen Desinfektionsmitteln, die für mindestens zwei Fälle dokumentiert sind.

Produktexposition	Expositionserhebung			
	Teilweise & vollständig (N = 12)		Nur vollständig (N = 5)	
	n	%	n	%
Grobe Kategorien				
Antibiotikum (allgemein)	12	100 %	5	100 %
Gel (allgemein)	11	92 %	4	80 %
Antibiotikum (gruppiert)				
Amoxicillin (-Clavulansäure)	4	33 %	4	80 %
Amoxicillin/Ampicillin	9	75 %	5	100 %
Antibiotikum (aufgeschlüsselt)				
Cefpodoxim	2	17 %	1	20 %
Ampicillin/Sulbactam	6	50 %	2	40 %
Piperacillin/Tazobactam	3	25 %	1	20 %
Amoxicillin	2	17 %	2	40 %
Amoxicillin-Clavulansäure	3	25 %	3	60 %
Co-Trimoxazol	2	17 %	0	0 %
Gel (aufgeschlüsselt)				
Ultraschallgel 1	3	25 %	2	40 %
Ultraschallgel 2	3	25 %	3	60 %
Desinfektionsmittel				
Desinfektionsmittel 1 (alk.)	3	25 %	3	60 %
Desinfektionsmittel 2	6	50 %	5	100 %
Desinfektionsmittel 3 (alk.)	3	25 %	2	40 %
Desinfektionsmittel 4 (alk.)	2	17 %	2	40 %
Desinfektionsmittel 5 (alk.)	2	17 %	2	40 %
Desinfektionstücher	2	17 %	2	40 %

Diskussion

Mit 20 nachgewiesenen Fällen in sechs Bundesländern entfällt der Hauptanteil des länderübergreifenden Ausbruchs mit NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 auf Deutschland.

Auf internationaler Ebene zeigte die genomische Vergleichsanalyse mittels cgMLST ein Ausbruchscluster, das in der EU/EWR-Region insgesamt 59 Isolate in sieben Ländern umfasste, darunter Deutschland (20 Fälle), die Niederlande (16 Fälle), Dänemark (15 Fälle), Irland (3 Fälle), Österreich (3 Fälle), Luxemburg (1 Fall) und Norwegen (1 Fall). Ergänzende Recherchen in öffentlichen Genomdatenbanken ergaben vier weitere menschliche Isolate aus Nicht-EU/EWR-Ländern, von denen drei aus den USA und eines aus dem Vereinigten Königreich stammten und dem Ausbruchscluster zugeordnet werden konnten. Somit stieg die globale Gesamtzahl der bestätigten Fälle bei Menschen im

Cluster auf 63 an. Zudem wurden drei Isolate aus Abwasser aus den USA identifiziert, die im September 2025 isoliert wurden und ebenfalls genetisch Teil des Ausbruchsclusters sind. Die 63 Ausbruchs- isolate zeichneten sich durch eine hohe genetische Homogenität mit lediglich 0 bis 4 Alleldifferenzen in der cgMLST aus. Zu anderen in öffentlichen Datenbanken enthaltenen Genomen aus China, den USA und einem Verdachtsfall in Schweden konnten deutliche genetische Unterschiede festgestellt werden. Eine Beschreibung des internationalen Ausbruchsgeschehens wurde im Rahmen einer *Rapid Communication* veröffentlicht.⁹

Ebenfalls konnte in den übrigen vom Ausbruch betroffenen Ländern ein analoges Bild aus gemischten stationären und ambulanten Aufenthalten der Fälle beobachtet werden. Mit Ausnahme einer lokalen nosokomialen Häufung in Dänemark, die neun Fälle in zwei Krankenhäusern im Süden des Landes

umfasste, zeigten sich auch länderübergreifend keine weiteren parallelen Aufenthalte im selben Krankenhaus oder auf derselben Station.⁹

Der internationale Ausbruch von NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 unterscheidet sich durch seine geografische Verbreitung und das Fehlen übereinstimmender Expositionsmerkmale zwischen den Fällen von anderen klassischen nosokomialen Ausbrüchen. Diese Bedingungen erschweren die Identifikation der Infektionsquelle. Die geringe genetische Distanz von maximal vier Alledifferenzen sowie das fast zeitgleiche Auftreten von geografisch sporadischen Fällen innerhalb mehrerer Länder stützen die Annahme einer anhaltenden, unbelebten Übertragungsquelle als Ursache. Dabei wäre eine Prozesskontamination bei einem Hersteller eines international vertriebenen Produktes plausibel, die verschiedene Produkte oder mehrere Chargen betrifft.

Die hohe Frequenz von Expositionen gegenüber medizinischen Gelen, (nicht-)alkoholischen Desinfektionsmitteln und Pantoprazol ist mutmaßlich auf deren breite Anwendung in der Routineversorgung zurückzuführen. Die Mehrfachnennungen repräsentieren daher nicht zwangsläufig das eigentliche Vehikel der Transmission. Auch im Abgleich mit Fällen aus anderen Ländern zeigen sich diese Arzneimittel und Medizinprodukte häufig, allerdings ebenfalls ohne ein eindeutiges Signal für ein einzelnes Produkt oder einen spezifischen Hersteller.

Eine ergänzende Kontrollbefragung wurde in Deutschland nicht durchgeführt. Ausschlaggebend hierfür war zum einen, dass eine Fall-Kontroll-Studie für die Fälle in Dänemark zu den bislang auffälligen Arzneimitteln/Medizinprodukten keine eindeutigen Risikofaktoren identifizieren konnte. Zum anderen lässt sich aus den bisher vorliegenden Informationen keine hinreichend spezifische Hypothese bezüglich einer Infektionsquelle ableiten, die mittels eines solchen Studiendesigns sinnvoll überprüft werden könnte.

Die epidemiologische Ausbruchsuntersuchung ist durch spezifische methodische und logistische Hürden geprägt:

- 1) Das Erscheinungsbild des Ausbruchs ist sowohl demografisch als auch klinisch und geografisch hochgradig divers. Das Auftreten von Fällen im ambulanten Bereich ohne vorherige Krankenhausaufenthalte legt nahe, dass die Exposition nicht allein auf typische medizinische Maßnahmen im stationären Setting beschränkt ist. Außerdem muss von einem Erfassungsbias ausgegangen werden: Da das Screening auf Carba-penemase-produzierende Enterobacterales (CPE) primär im stationären Kontext risikobasiert durchgeführt wird und mikrobiologische Routine-laboratorien Speziesbestimmungen häufig nur bis zum Niveau des *Enterobacter-cloacae*-Komplexes vornehmen, ist von einer Untererfassung und einer Fallselektion auszugehen. Besonders Fälle und Expositionen außerhalb des stationären Sektors werden vermutlich untererfasst.
- 2) Darüber hinaus erweist sich die präzise zeitliche und räumliche Rekonstruktion sektorenübergreifender Expositionen als äußerst aufwendig, da Daten nur lokal, wenig standardisiert und nur zum Teil digitalisiert vorliegen.
- 3) Da klassische nosokomiale Übertragungswege, Arzneimittel oder Medizinprodukte bisher keine eindeutige Quelle offenbarten, wäre eine Erweiterung der Befragungen auf Alltagsprodukte (wie Pflege- und Drogerieartikel oder Lebensmittel) ein zusätzlich denkbarer Schritt in der Untersuchung. Aufgrund des immensen Ermittlungsaufwands sowie der stark eingeschränkten Erinnerungsgenauigkeit der Betroffenen bei rückwirkenden Befragungen (*Recall Bias*) wird von einer solchen Ausweitung jedoch bislang abgesehen.

Da auf lokaler Ebene sporadisch erscheinende Einzelfälle auftraten, war das überregionale Infektionsgeschehen innerhalb einzelner Arztpraxen, Kliniken und Gesundheitsämter nicht als Ausbruch identifizierbar. Die Aufdeckung des Clusters gelang erst durch die flächendeckende Routine-Sequenzierung von CPE-Isolaten in den Niederlanden. Im Rahmen der Integrierten Genomischen Surveillance (IGS) in Deutschland werden molekularbiologische Isolatinformationen, Erregersequenzdaten und epidemiologische Daten aus IfSG-Meldefällen für priorisierte Erreger routinemäßig zusammengeführt. Zuletzt musste der Fokus wegen steigender CPE-Fallzahlen, aber verringerter Finanzierung, auf *Klebsiella*

pneumoniae und *Escherichia coli* verengt werden, so dass für *E. hormaechei* und andere mögliche Erreger solcher Ausbrüche eine Routine-IGS bislang nicht implementiert werden kann. Eine frühzeitige Erkennung räumlich verteilter Ausbrüche von allen CPE in Deutschland ist ohne eine breiter aufgestellte IGS kaum möglich. Dafür wären ausreichende personelle Ressourcen für die mikrobiologische Probenverarbeitung sowie für die epidemiologische und genomische Ausbruchsuntersuchung essenziell.

Der zeitnahe internationale Datenaustausch über Systeme wie EpiPulse sowie die gute Zusammenarbeit zwischen verschiedenen Ebenen des öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) hat die Ermittlung wichtiger Informationen aus verschiedenen Quellen beschleunigt. Daher gilt es, diese Vernetzungen weiterhin zu stärken.

Da international weiterhin neue Fälle erfasst werden, ist ein Fortbestehen einer persistenten Infektionsquelle möglich. Dies erfordert eine anhaltende Wachsamkeit im klinischen und mikrobiologischen Bereich. Zur schnellen Identifizierung möglicher weiterer Ausbruchsfälle werden am NRZ eingehende Isolate, die möglichen Fällen entsprechen, weiterhin gezielt auf das Vorliegen einer NDM-5 geprüft und bei relevantem Befund sequenziert. Für die Praxis des ÖGD, klinischer Labore, Ärztinnen und Ärzten und der Krankenhaushygiene wird empfohlen, bei möglichen Fällen eine zeitnahe Carapenemase-Spezifikation und bei wahrscheinlichen Fällen eine Ausbruchsabklärung mittels Ganzgenomsequenzierung zu ermöglichen, insbesondere durch zeitnahe Einsendung an das NRZ. Bei bestätigter Clusterzugehörigkeit sollte frühzeitig eine strukturierte Expositionserhebung erfolgen, um mögliche Infektionsquellen rasch einzugrenzen und gezielte Schutzmaßnahmen zu veranlassen.

Seit den hier beschriebenen Auswertungen und dem Datenstand 1.8.2026 wurde für drei weitere in Deutschland bekannt gewordene Verdachtsfälle die Abklärung der Ausbruchszugehörigkeit mittels cgMLST initiiert. Für einen der Verdachtsfälle wurde die Isolatsequenzierung abgeschlossen und die Ausbruchszugehörigkeit bestätigt. Vorläufige Daten sprechen somit für einen weiteren, 21. bestätigten Fall (Nachweisdatum im Juli 2026 im Urin einer

Patientin aus Hessen). Die Ermittlung weiterer Falldaten zur Verifizierung und der Expositionsinformationen wurde begonnen. Neu bestätigte Fälle unterstreichen, dass das Fortbestehen der Übertragungsquelle nicht ausgeschlossen werden kann und weitere Aufmerksamkeit für die Suche nach Fällen und der Quelle wichtig ist.

Schlussfolgerung

Von März 2025 bis mindestens Mai 2026 wurde ein multinationaler Ausbruch von NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* mit 63 bestätigten Fällen in neun Ländern registriert (davon 20 Fälle in Deutschland). Im Juli 2026 erfolgte ein Nachweis bei einem weiteren Fall, womit international 64 Fälle bestätigt sind, davon 21 in Deutschland. Die epidemiologische Verteilung nach Person, Ort und Zeit weist stark auf eine produktassoziierte Übertragung hin, deren konkrete Quelle trotz arbeitsintensiver, enger Zusammenarbeit mit dem ÖGD, Kliniken, Praxen sowie Patientinnen und Patienten bislang nicht identifiziert werden konnte.

Um ähnliche Ausbrüche künftig frühzeitig aufzudecken, ist die Ausweitung der IGS in Deutschland essenziell. Eine fortschreitende Digitalisierung medizinischer Behandlungsdokumentationen würde die Ausbruchsauflklärung stark beschleunigen. Bei entsprechenden Transmissionsmustern sollte die Suche nach der möglichen Infektionsquelle frühzeitig auch Expositionen jenseits klassischer nosokomialer Mensch-zu-Mensch-Übertragung, Arzneimittel oder Medizinprodukte einbeziehen. Die rasche genomische Bestätigung der Clusterzugehörigkeit und die Minimierung der Zeitverzögerung bei der Expositionserhebung bieten bei neu auftretenden Fällen die beste Chance, die Infektionsquelle zu identifizieren und zu eliminieren.

Literatur

- 1 Townsend SM, Hurrell E, Caubilla-Barron J, *et al.*: Characterization of an extended-spectrum beta-lactamase *Enterobacter hormaechei* nosocomial outbreak, and other *Enterobacter hormaechei* misidentified as *Cronobacter* (*Enterobacter*) *sakazakii*. *Microbiology (Reading)* 2008;154;Pt 12:3659–3667. DOI 10.1099/mic.0.2008/021980-0
- 2 Davin-Regli A, Lavigne JP, Pagès JM: *Enterobacter* spp.: Update on Taxonomy, Clinical Aspects, and Emerging Antimicrobial Resistance. *Clin Microbiol Rev* 2019;32;4. DOI 10.1128/cmr.00002-19
- 3 Tzouveleakis LS, Markogiannakis A, Psychogiou M, *et al.*: Carbapenemases in *Klebsiella pneumoniae* and other *Enterobacteriaceae*: an evolving crisis of global dimensions. *Clin Microbiol Rev* 2012;25;4:682–707. DOI 10.1128/cmr.05035-11
- 4 Nordmann P, Poirel L: Epidemiology and Diagnostics of Carbapenem Resistance in Gram-negative Bacteria. *Clin Infect Dis* 2019;69;Suppl 7:S521–s528. DOI 10.1093/cid/ciz824
- 5 Agergaard CN, Porsbo LJ, Sydenham TV, *et al.*: Contaminated dicloxacillin capsules as the source of an NDM-5/OXA-48-producing *Enterobacter hormaechei* ST79 outbreak, Denmark and Iceland, 2022 and 2023. *Euro Surveill* 2023;28;9. DOI 10.2807/1560-7917.Es.2023.28.9.2300108
- 6 Hutchinson J, Runge W, Mulvey M, *et al.*: *Burkholderia cepacia* infections associated with intrinsically contaminated ultrasound gel: the role of microbial degradation of parabens. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2004;25;4:291–6. DOI 10.1086/502394
- 7 Yu WL, Cheng HS, Lin HC, *et al.*: Outbreak investigation of nosocomial *enterobacter cloacae* bacteraemia in a neonatal intensive care unit. *Scand J Infect Dis* 2000;32;3:293–8. DOI 10.1080/00365540050165947
- 8 Robert Koch-Institut. Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS). <https://amr.rki.de/Content/ARS/Methods.aspx> [Abrufdatum: 24.08.2026]
- 9 Roer L, Sandfort M, Haller S, *et al.*: Ongoing multi-country outbreak of carbapenem-resistant *Enterobacter hormaechei* ST1344 carrying bla (NDM-5) in the European Union/European Economic Area, March 2025 to April 2026. *Euro Surveill* 2026;31;25. DOI 10.2807/1560-7917.Es.2026.31.25.2600460
- 10 Germany: Ridom. *Enterobacter hormaechei* cgMLST. <https://www.cgmlst.org/ncs/schema/Ehormaechei/>
- 11 Robert Koch-Institut. Integrierte genomische Surveillance (IGS). <https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Sentinel-Surveillance-Panel/IGS/IGS.html#doc16818260bodyText1> [Abrufdatum: 07.08.2026]

Autorinnen und Autoren

^{a,b,c} Amelie Friedsam | ^a PhD Mirco Sandfort |

^a Dr. Hannes Öhler | ^a Dr. Tim Eckmanns |

^d Dr. Silver A. Wolf | ^d Dr. Stephan Fuchs |

^e PhD Sarah A. Roth | ^f Dr. Lisa-Marie Höfken |

^f Dr. Soheila Javadi | ^f Prof. Dr. Sören G. Gatermann |

^f Dr. Niels Pfennigwerth | ^a Dr. Sebastian Haller

^a Abteilung für Infektionsepidemiologie, Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^b Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE), Abteilung für Infektions-epidemiologie, Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^c ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology path (EPIET), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), Stockholm, Schweden

^d Genom-Kompetenzzentrum (MF 1), Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^e Niedersächsisches Landesgesundheitsamt (NLGA), Hannover, Deutschland

^f Nationales Referenzzentrum (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger, Abteilung für Medizinische Mikrobiologie, Ruhr-Universität Bochum, Bochum, Deutschland

Korrespondenz: nosokomiale-ausbrueche@rki.de

Interessenkonflikt

Amelie Friedsam ist Fellow der deutschen Postgraduiertenausbildung in angewandter Epidemiologie (PAE), die mit dem ECDC-Fellowship-Programm verbunden ist. Die hier geäußerten Ansichten und Meinungen geben nicht die des ECDC wieder. Das ECDC ist nicht für die Zusammenstellung und Analyse von Daten und Informationen verantwortlich und kann nicht für Schlussfolgerungen oder Meinungen haftbar gemacht werden.

Prof. Dr. Sören G. Gatermann erhielt Vortrags-honorare von der Firma BioMérieux, er ist Vorsitzender des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) und dem zugehörigen nationalen Antibiotika-Sensitivitätstest-Komitee (NAK) in Deutschland.

Alle anderen Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Vorgeschlagene Zitierweise

Friedsam A, Sandfort M, Öhler H, Eckmanns T, Wolf SA, Fuchs S, Roth SA, Höfken LM, Javadi S, Gattermann SG, Pfennigwerth N, Haller S: Internationaler Ausbruch von *Enterobacter-hormaechei*-Infektionen mit NDM-5-Carbapenemase seit März 2025 – Epidemiologische Charakterisierung der Fälle in Deutschland und Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche
Epid Bull 2026;36:4-13 | DOI 10.25646/14389

Danksagung

Wir danken den involvierten Landesgesundheitsbehörden und Gesundheitsämtern, Laboren, Gesundheitseinrichtungen, Apotheken und Fällen für ihre Unterstützung in der Ausbruchsuntersuchung.

Open access



Creative Commons Namensnennung.
4.0 International