



# Epidemiologisches Bulletin

27. Mai 2013 / Nr. 21

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

## Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2011/2012

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) waren viele Jahrzehnte ausschließlich für Patienten, die in Krankenhäusern behandelt wurden, ein Problem. Das Bild, welches wir heutzutage vom MRSA zeichnen, hat sich allerdings in den letzten Jahren verändert und es sind neue Risikopopulationen hinzugekommen.

Die nach wie vor häufigen, mit dem Kontakt zu Einrichtungen des Gesundheitswesens assoziierten MRSA treten bei Patienten mit klassischen MRSA-Risikofaktoren wie Antibiotikabehandlung, invasive medizinische Eingriffe, multiple Grunderkrankungen usw. auf und werden folgerichtig als **Hospital-assoziierte MRSA (HA-MRSA)** bezeichnet. Molekularbiologisch lassen sich die im Zusammenhang mit medizinischen Einrichtungen erworbenen und durch Verlegung der Patienten weiterverbreiteten *S. aureus*/MRSA bestimmten klonalen Linien zuordnen (s. ff.).

Infektionen mit sogenannten **Community-assoziierten MRSA (CA-MRSA)** treten dagegen bei Personen ohne die o. g. Risikofaktoren und unabhängig von einem vorausgehenden Kontakt zu Gesundheitseinrichtungen auf. Die Betroffenen sind immunkompetent, haben in der Regel keine chronischen Grunderkrankungen und sind oft wesentlich jünger. Die entsprechenden MRSA-Stämme sind molekularbiologisch von HA-MRSA verschieden und besitzen meist bestimmte Virulenzfaktoren (Gen *luk-PV* für die Bildung eines Panton-Valentin Leukoziidins). CA-MRSA werden in Deutschland nach wie vor hauptsächlich im unmittelbaren familiären Umfeld betroffener Patienten verbreitet bzw. im Zusammenhang mit Aufhalten in Endemiegebieten erworben (s. ff.).

Im Zusammenhang mit der kommerziellen Nutztierhaltung hat sich seit einigen Jahren ein drittes Reservoir von MRSA herausgebildet. Die entsprechenden Stämme werden als **Livestock-assoziierte MRSA (LA-MRSA)** bezeichnet. Besiedlungen und ambulant erworbene Infektionen mit LA-MRSA treten bei Personen mit unmittelbarem Kontakt zur kommerziellen Massentierhaltung/Tiermast auf. Die Stämme lassen sich molekularbiologisch von HA-MRSA und CA-MRSA differenzieren (CC398). Die genaue Bezifferung des Risikos von LA-MRSA bedingten Infektionen des Menschen ist u. a. Gegenstand von interdisziplinären Forschungsprojekten (s. ff.).

### Daten zur Häufigkeit von Hospital-assoziierten MRSA in Deutschland

In Deutschland ist in den letzten Jahren ein leichter Rückgang des Anteils von HA-MRSA an *S. aureus* zu verzeichnen. Dieser Trend ist aus den erhobenen Daten verschiedener nationaler und internationaler Surveillance-Systeme (ARS, KISS, Resistenzstudie der PEG, EARS-Net<sup>1</sup>) zu erkennen. Die zum Beispiel im Rahmen von EARS-Net erfassten Daten für Blutkulturisolat zeigen für 2010 eine Methicillin-Resistenzrate bei *S. aureus* aus Blutkulturen von 20,8 %, im Jahr 2011 von 16,1 % <sup>2</sup>. Bezogen auf den Denominator „MRSA pro 1.000 Patienten-

Diese Woche

21/2013

### MRSA

Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung in Deutschland in den Jahren 2011 und 2012

### Nationale Referenzzentren/ Konsiliarlaboratorien

Ausschreibung eines Konsiliarlaboratoriums für Coronaviren

### Meldepflichtige Infektionskrankheiten

Aktuelle Statistik  
18. Woche 2013



tage“ nehmen Infektionen mit MRSA bei Patienten auf deutschen Intensivstationen seit einigen Jahren leicht ab (Daten aus KISS; NRZ für die Surveillance Nosokomialer Infektionen, Charité, Berlin, <http://www.nrz-hygiene.de><sup>3</sup>). Seit Juli 2009 sind in Deutschland MRSA aus Blutkulturen und Liquor meldepflichtig. Im Jahr 2011 gingen 4.216 Meldungen am RKI ein, was einer Inzidenz von 5,2 pro 100.000 Einwohner/Jahr entspricht. Es bestehen regionale Unterschiede, die zwischen 2,3 (Baden-Württemberg) und 8,8 Fällen pro 100.000 Einwohner (Berlin) liegen.<sup>4</sup>

**Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland**

Das Netzwerk an das NRZ einsendender Labore, von denen Staphylokokken-Isolate erhalten wurden, umfasste in den Jahren 2011/2012 219 bzw. 238 diagnostische Einrichtungen in allen Bundesländern (s. Abb. 1). Basierend auf diesen Einsendungen setzt sich bei HA-MRSA der Trend der letzten Jahre in der Verbreitung bestimmter Epidemiestämme fort (s. Tab. 1). Dementsprechend sind in den meisten Krankenhäusern überwiegend MRSA der klonalen Linie ST22 („Barnimer Epidemiestamm“) und ST225 („Rhein-Hessen-Epidemiestamm“) verbreitet. Sowohl ST22 als auch ST225 kommen dabei im gesamten Bundesgebiet vor. MRSA der klonalen Linien ST8, ST45 („Berliner Epidemiestamm“), ST228 („Süddeutscher Epidemiestamm“) und ST239 („Wiener Epidemiestamm“) wurden seltener nachgewiesen. Charakteristisch für den weltweit verbreiteten MRSA ST239 ist ein breiter Resistenzphänotyp,<sup>5</sup> während das Resistenzspektrum der anderen beobachteten Stämme vergleichsweise schmal ist. Bei den im NRZ nachgewiesenen MRSA ST239 handelte es sich zum Teil um schwer verletzte Patienten aus dem Ausland.

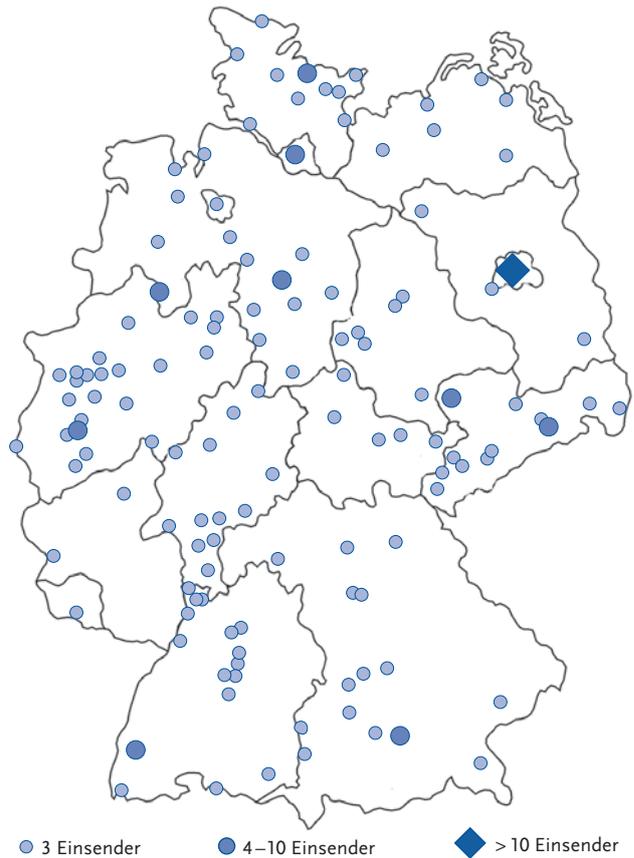


Abb. 1: Netzwerk der an das NRZ für Staphylokokken und Enterokokken einsendenden Labore in den Jahren 2011 und 2012

HA-MRSA, die in anderen europäischen Ländern endemisch sind, z.B. t067-ST125 (Spanien), t024-ST8 (Dänemark) und t041-ST228 (Italien, Kroatien)<sup>6</sup>, wurden in Deutschland nur sporadisch nachgewiesen.

klonaler Komplex	klonale Linie	2010 (%)	2011 (%)	2012 (%)	häufige Resistenzphänotypen
CC5	ST228, t001, Süddeutscher Epidemiestamm	16,7	9,4	10,0	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, CIP, MFL, (PHO), (MUP)
	ST5, t002, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	33,3	31,3	26,0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, MFL
	ST225, t003, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	75,0	78,1	70,0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL), (MUP), (FUS)
CC8	ST8, t008	33,3	21,9	24,0	PEN, OXA, (ERY), (CLI), (CIP), (MFL)
	ST239, t037, t030, Wiener Epidemiestamm	5,6	3,1	16,0	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, TET, CIP, SXT, (RAM), MFL
CC22	ST22, t005, t022, Barnimer Epidemiestamm	38,9	40,6	40,0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL)
	ST22, t032, Barnimer Epidemiestamm	72,2	75,0	88,0	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MFL), (MUP), (FUS)
CC45	ST45, u. a. t004, t038, t065, Berliner Epidemiestamm	30,6	31,2	28,0	PEN, OXA, CIP, (MFL), (GEN), (ERY), (CLI)
<b>Krankenhäuser gesamt</b>		n = 36	n = 32	n = 50	

Tab. 1: Auftreten von epidemischen MRSA mit überregionaler Verbreitung in ausgewählten<sup>1</sup> Krankenhäusern in Deutschland, Daten des NRZ für Staphylokokken und Enterokokken 2010 bis 2012

Angaben in Klammern: Nachweis nur bei einem Teil der Isolate

<sup>1</sup> langjährige Partnerlabore mit Angabe der Krankenhäuser und klinischen Hintergrundinformationen

PEN = Penicillin, OXA = Oxacillin, GEN = Gentamicin, ERY = Erythromycin, CLI = Clindamycin, CIP = Ciprofloxacin, MFL = Moxifloxacin, PHO = Fosfomycin, MUP = Mupirocin, FUS = Fusidinsäure, TET = Tetracyclin, SXT = Cotrimoxazol, RAM = Rifampicin

### Trends in der Resistenzentwicklung

Zusätzlich zur *mecA*-vermittelten Resistenz gegenüber allen  $\beta$ -Laktamantibiotika waren im Jahr 2012 86,6% aller an das NRZ eingesandten MRSA aus nosokomialen Infektionen auch resistent gegen Ciprofloxacin, 86,1% ebenfalls gegen Moxifloxacin (s. Tab. 2). Rückläufige Raten bei bestimmten Antibiotikaresistenzen, wie gegen Tetracycline, Makrolide und Aminoglykoside, gehen mit der verstärkten Verbreitung „neuer“ Epidemiestämme einher, die ein deutlich schmaleres Resistenzspektrum zeigen als jene vor 10 Jahren.<sup>7,8</sup>

Die **Resistenz gegen Mupirocin** bei MRSA stieg in den Jahren 2011/2012 auf nahezu 7% an. Verstärkte MRSA-Screenings und damit verbunden eine steigende Anzahl von Sanierungsbehandlungen könnten ursächlich für einen erhöhten Mupirocin-Einsatz und die damit verbundene Resistenzentwicklung sein. Ähnliche Berichte im Zusammenhang mit zunehmender Mupirocin-Resistenz bei MRSA gibt es bereits aus Asien und vereinzelt auch aus Europa.<sup>9,10</sup>

**Resistenzen gegen Reserveantibiotika** (Tigecyclin, Linezolid, Daptomycin) blieben ebenso wie Resistenzen gegen Glykopeptide (Vancomycin, Teicoplanin) laut Daten des NRZ und ARS selten.

In einzelnen Fällen ist das Auftreten von **hetero-VISA** (VISA = Vancomycin-intermediäre *S. aureus*) zu verzeichnen, bei denen nur ein geringer Anteil der Population eine reduzierte Empfindlichkeit gegenüber Glykopeptiden exprimiert und somit eine resistente Subpopulation darstellt. Das NRZ erhielt dabei Stämme, die von Patienten unter Vancomycin-Therapie (u. a. mit Therapieversagen) isoliert

wurden. Das klinische Problem des sogenannten „Vancomycin MIC creep“ (MIC = Minimale Hemmkonzentration) ist seit vielen Jahren bekannt und ist völlig unabhängig von genetisch vollresistenten Stämmen, welche die *van*-Gene von Enterokokken erhalten haben. *vanA*- bzw. *vanB*-positive Staphylokokken konnten in Deutschland bis jetzt nicht detektiert werden.

Seit der europäischen Zulassung von **Daptomycin** im Jahr 2006 werden im NRZ zunehmend auch Daptomycin-resistente Isolate eingesandt und untersucht. MRSA mit Daptomycin-Resistenz waren häufig mehrfachresistent und gehörten überwiegend den derzeit am weitesten verbreiteten klonalen Linien von HA-MRSA an (ST22, ST225). In drei Fällen wiesen Daptomycin-resistente MRSA auch eine Resistenz gegenüber Glykopeptiden auf. Durch Genomanalysen aufeinanderfolgender, im Verlauf einer antibiotischen Behandlung gewonnener Isolate konnte in verschiedenen Studien gezeigt werden, dass die unter der Therapie auftretenden Mutationen sowohl Resistenz gegen Glykopeptide als auch gegen Daptomycin verursachen können.<sup>11,12</sup> Die Untersuchung der molekularen Ursachen dieses Resistenzphänotyps ist auch im NRZ Gegenstand aktueller Forschungen.

In den Jahren 2011/2012 gab es keinen Nachweis **Linezolid**-resistenter *S. aureus*. Allerdings erhielten wir zunehmend Einsendungen von Linezolid-resistenten *S. epidermidis* aus verschiedenen Krankenhäusern, bei denen teilweise ein epidemiologischer Zusammenhang vermutet wurde. Der größte Anteil dieser Isolate wies einen multiresistenten Phänotyp auf; mittels *SmaI*-Makrorestriktionsanalyse in der PFGE (PFGE = Pulsfeldgelelektrophorese) konnte der

Antibiotikum	2006 (%)	2007 (%)	2008 (%)	2009 (%)	2010 (%)	2011 (%)	2012 (%)
Ciprofloxacin	93,8	95,8	91	90	86	93	86,6
Moxifloxacin	–	94,4	89,6	87	86	91,3	86,1
Erythromycin	72,5	75	80,7	67	65	64,3	65,7
Clindamycin	65,4	72	73,4	60	59	59,9	58,8
Gentamicin	13,3	9,8	10,5	9,5	5,3	4,4	5,7
Tetrazyklin	7,4	6,8	7,3	8	6	4,6	7,4
Rifampicin	2,5	1,07	0,4	1,6	0,8	1,7	1,4
Cotrimoxazol	3,1	2	10,8	5,3	0,8	0,7	0,5
Fusidinsäure	6,4	3,8	2	5,2	4	2,7	3,5
Fosfomycin	3,3	0,56	1,1	0,15	0,6	0,4	0,4
Linezolid	0,04	0,11	0,1	0,1	0,08	0	0
Tigezyklin	0	0	0	0	0,12	0	0,13
Daptomycin	0	0	0,65	1,3	1,6	2,1	1,0
Mupirocin	2,6	3,3	5,3	4	4,6	6,9	6,7
Vancomycin	0	0	0	0	0,08	0	0,2
Teicoplanin	0	0	0	0	0,2	0,1	0,3

Tab. 2: Resistenz gegen weitere Antibiotika (zusätzlich zur Resistenz gegen  $\beta$ -Laktamantibiotika) bei HA-MRSA, Daten des NRZ für Staphylokokken und Enterokokken 2006 bis 2012

klonale Linien	2011	2012
ST1	2	1
CC5	12	13
CC8 (arcA+)	26	24
CC8 (arcA-)	13	29
CC22	2	9
CC30	22	31
ST59	2	11
ST72	1	5
CC80	18	27
ST88	2	6
ST152	7	6
ST772	3	9
CC398	13	21
<b>Gesamt</b>	<b>125</b>	<b>192</b>

Tab. 3: Häufigkeit der aufgetretenen klonalen Linien von CA-MRSA, Daten des NRZ für Staphylokokken und Enterokokken in den Jahren 2011 und 2012

Verdacht eines epidemiologischen Zusammenhangs in zwei Krankenhäusern mit Linezolid-resistenten *S. epidermidis* bestätigt werden. Ein Teil der Stämme besaß die Plasmid-determinierte Resistenzdeterminante *cfr. cfr* vermittelt Kreuzresistenz gegenüber Substanzen verschiedener Antibiotikaklassen, u.a. auch gegen Linezolid und veterinärmedizinisch eingesetzte Antibiotika wie Tiamulin und Florphenicol, und hat seinen vermutlichen Ursprung und sein nachweisliches Reservoir in Staphylokokken-Stämmen von Tieren. Mutationen in der 23S rRNA Bindungsstelle und in den 50S ribosomalen Proteinen vermitteln ebenfalls Resistenz gegen Linezolid.<sup>13</sup> Die ersten Analysen der jeweiligen Gene in den multiresistenten *S. epidermidis* ergaben sowohl verschiedene bereits publizierte als auch neue Mutationen in den vorliegenden Isolaten, zusätzlich zum Besitz von *cfr* in einem Teil der Isolate.

### Auftreten und Verbreitung von Community-assoziierten MRSA in Deutschland

Der größte Anteil der im NRZ bearbeiteten CA-MRSA stammte aus tiefgehenden Haut-Weichgewebeinfektionen (Abszesse, Furunkel, Karbunkel, Wundinfektionen). Häufig traten dabei CA-MRSA der klonalen Linie ST8 (sowohl „USA300“ (*arcA*- und *luk-PV*-positiv) als auch *arcA*-negative und *luk-PV*-positive ST8), ST30 („Ozeanischer Klon“, *luk-PV*-positiv) und ST80 („Europäischer Klon“, *etd*- und *luk-PV*-positiv) auf. Tabelle 3 fasst diese Daten für 2011 und 2012 zusammen; Tabelle 4 zeigt die Resistenz gegen weitere Antibiotika neben der Oxacillin-Resistenz bei CA-MRSA.

In einigen Fällen wurden CA-MRSA des Typs „USA300“ in den USA erworben bzw. es handelte sich bei den betroffenen Personen um amerikanische Staatsbürger. *arcA*-negative, *luk-PV*-positive ST8 sind nach Populationsanalysen innerhalb des klonalen Komplexes CC8 eng verwandt mit CA-MRSA des Typs „USA300“ (Strommenger et al., unveröffentlicht).

Die weltweit beschriebene Zunahme der Verbreitung des „Ozeanischen Klons“ ST30 ist auch unter den von uns bearbeiteten CA-MRSA deutlich erkennbar, wenn auch auf nach wie vor niedrigem Niveau.<sup>5</sup> Nur bei wenigen Patienten konnte im Rahmen der uns vorliegenden Informationen ein reiseassoziiertes Erwerb dieses Klons vermutet werden. Erstmals wurden in den Jahren 2011 und 2012 im NRZ CA-MRSA ST772 („Bengal Bay Clone“) isoliert. Diese kommen vorrangig auf dem indischen Subkontinent vor und zeigen einen multiresistenten Phänotyp. In den meisten Fällen konnte im Rahmen der von uns bearbeiteten Isolate eine Verbindung der betroffenen Patienten nach Indien, Bangladesch oder zum Vereinigten Königreich (große indischstämmige Community) hergestellt werden.<sup>14,15</sup> Bei CA-MRSA anderer klonaler Linien ließ sich ebenfalls ein Import aus Ländern vermuten, in denen diese MLST-Typen (MLST = *Multi Locus Sequence Typing*) häufig vorkommen, wie z.B. ST5 (Südosteuropa), ST152 (Balkanstaaten), ST1 (Kanada, USA) und ST59 (asiatisch-pazifischer Raum).

Antibiotikum	Häufigkeit bei Isolaten 2011 (%)	Häufigkeit bei Isolaten 2012 (%)	von Resistenz vorwiegend betroffene klonale Linie
Oxacillin	100,00	100,00	–
Clindamycin	9,60	3,13	–
Erythromycin	38,40	36,98	CC8, ST59, ST772
Gentamicin	13,60	14,06	ST152, ST772
Tetrazyklin	34,40	20,31	CC80, CC398
Ciprofloxacin	21,60	18,75	CC8, ST772
Moxifloxacin	17,60	14,58	CC8, ST772
Fusidinsäure-Natrium	13,60	15,10	CC80
Cotrimoxazol	0,00	2,10	–
Rifampicin	0,80	0,00	–

Tab. 4: Häufigkeit der Resistenz gegen weitere Antibiotika bei CA-MRSA, Daten des NRZ für Staphylokokken und Enterokokken in den Jahren 2011 und 2012

Einsendungen von LA-MRSA ST398 als Ursache von ambulant erworbenen MRSA-Infektionen nahmen in den Jahren 2011/2012 einen Anteil von circa 11% ein (meist tiefgehende Haut-Weichgewebe-Infektionen; selten Sepsis). Dabei lag in den meisten Fällen ein Zusammenhang mit der beruflichen Exposition in der konventionellen Tiermast vor. Auch im internationalen Maßstab sind Fälle von Mensch-zu-Mensch-Übertragungen eher selten beobachtet worden, treten aber vereinzelt auf.

Cluster von CA-MRSA-Infektionen fanden sich gelegentlich familiär gehäuft im Rahmen von rezidivierenden Abszessen. In diesen Fällen ist ein MRSA-Screening des häuslichen Umfeldes der betroffenen Patienten und eine Sanierung der CA-MRSA-positiven Kontaktpersonen sinnvoll, um einen dauerhaften Sanierungserfolg zu gewährleisten. Infektionsketten mit (*luk-PV*-positiven) CA-MRSA waren in deutschen Krankenhäusern nicht zu verzeichnen. Schwere, von CA-MRSA verursachte Krankheitsbilder traten selten auf. In einem Fall handelte es sich um eine nekrotisierende Pneumonie im Rahmen einer bakteriellen Superinfektion nach primärer Influenza-B-Erkrankung mit letalem Ausgang (CA-MRSA ST152, *luk-PV*-positiv).

#### Auftreten von *mecA*-negativen, *mecC*-positiven MRSA

Seit einigen Jahren sind Cefoxitin- und Oxacillin-resistente, aber *mecA*-negative *S. aureus* bekannt. Die Isolate besitzen das Gen *mecC*, welches eine ca. 70%ige Homologie zu *mecA* aufweist. Mittels konventioneller PCR für das *mecA*-Gen und des PBP2a-Agglutinationstests sind diese Isolate folglich nicht nachzuweisen. *mecC* wurde erstmals in einem MRSA-Stamm LGA251 vom Rind beschrieben<sup>16</sup>, es folgten Publikationen aus dem Vereinigten Königreich im Zusammenhang mit Mastitiden beim Milchvieh sowie Beschreibungen *mecC*-positiver MRSA humanen Ursprungs aus Dänemark, Deutschland und weiteren Ländern Europas<sup>17–20</sup>. Diese MRSA gehören bis auf wenige Ausnahmen zu den klonalen Linien CC130 und ST425. Das *mecC*-Gen ist mit einem SCC<sub>*mec*</sub>-Element (SCC = *Staphylococcal cassette chromosome*) des Typs XI assoziiert. Der *mecC*-Nachweis von phänotypisch Cefoxitin- und/oder Oxacillin-resistenten, aber *mecA*-negativen *S. aureus* durch spezifische Primer bzw. Primer-Kombinationen ist unbedingt zu empfehlen.<sup>17,19,20</sup> Zusätzlich bzw. alternativ sollten die fraglichen Stämme zur Überprüfung an das NRZ geschickt werden. *mecC*-positive Stämme sind meist nur resistent gegen  $\beta$ -Laktamantibiotika; selten wird eine Resistenz gegen Ciprofloxacin detektiert.

Unter den Einsendungen an das NRZ in den Jahren 2011 und 2012 ( $n = 9.025$ ) wurden 15 bzw. 24 *mecC*-positive *S. aureus* detektiert; die Mehrzahl davon gehörte zum klonalen Komplex CC130 (67% davon *spa*-Typ t843). Neben Isolaten des Sequenztyps ST130 befanden sich unter den in Deutschland beschriebenen *mecC*-positiven Isolaten auch Isolate mit den Sequenztypen ST1946, ST1245, ST2361, ST2616 und ST599. Dabei handelte es sich bei den von uns und anderen deutschen und europäischen Arbeitsgruppen

detektierten *mecC*-Isolaten bisher um einzelne Nachweise bei Menschen und auch bei Tieren.<sup>19,21–23</sup> Daten aus Dänemark belegten allerdings Transmissionen *mecC*-positiver MRSA von Kühen und Schafen auf den Menschen.<sup>24</sup>

#### *Staphylococcus aureus* auf neonatologischen Stationen

Aufgrund der besonderen fachlichen und medialen Aufmerksamkeit zur Problematik von multiresistenten Erregern auf neonatologischen Intensivstationen waren verstärkt Einsendungen an das NRZ aus diesem Bereich in den Jahren 2010 bis 2012 zu verzeichnen. Die von uns in diesen beiden Jahren im Rahmen von gehäuften Infektionen und Besiedlungen auf diesen Stationen typisierten *S. aureus* gehörten diversen klonalen Gruppen an und wiesen verschiedene Resistenz- und Virulenzeigenschaften auf: Hospital-assoziierte MRSA ST22; MRSA ST8, ST45 und ST88 mit einem schmalen Resistenzphänotyp (Penicillin-, Oxacillin-resistent); Methicillin-sensible *S. aureus* mit der Fähigkeit zur Bildung von bestimmten Toxinen wie Enterotoxin A und/oder Toxisch-Schock-Syndrom-Toxin-1 (to21, ST30) sowie dem exfoliativen Toxin A (to84, ST15).

In Zusammenarbeit mit dem Fachgebiet (FG) 37 (Surveillance) des RKI, der Charité und dem Max-Planck-Institut für Genetik in Berlin wurde eine Genom-basierte Analyse einer Häufung von HA-MRSA ST22 durchgeführt.<sup>25</sup> Dabei wurden Genome von 32 MRSA-Isolaten (to32, ST22) aus Infektionen und Besiedlungen bei Kindern einer neonatologischen Intensivstation eines Universitätsklinikums sowie nasale Besiedlungsisolat des Personals und einzelner Mütter der Kinder sequenziert. Parallel zu diesen Arbeiten wurde von FG 37 des RKI eine Fall-Kontroll-Studie zur Untersuchung von Risikofaktoren für den Erwerb dieses MRSA durchgeführt. Die Analyse der Genomdaten der MRSA-Isolate zeigte einen gemeinsamen, wenige Monate zurückliegenden evolutionären Ursprung der untersuchten Isolate sowie eine Akkumulation bereits nachweisbarer Sequenz-Variabilität innerhalb dieses Zeitraums. Durch die Integration epidemiologischer Daten und Ganzgenomsequenzen (Analysen von Single-Nucleotid-Polymorphismen) konnten verschiedene Hypothesen zu spezifischen Ausbreitungswegen des MRSA auf der Station getestet und die Bedeutung der nasalen Besiedlung des Pflegepersonals bewertet werden.<sup>25</sup>

#### Livestock-assoziierte MRSA

Der Anteil der aus dem gesamten Bundesgebiet eingesandten MRSA-Isolate vom CC398 betrug 5,2% für das Jahr 2012 (126/2.399). Unter den MRSA-Einsendungen an das NRZ aus Infektionen beim Menschen lag der Anteil von MRSA CC398 bei 1,5%. Dominierend waren Isolate aus tiefgehenden Haut- und Weichgewebeinfektionen ( $n = 17$ ), 3 Isolate stammten aus Blutkulturen und 7 Isolate aus Trachealsekret. LA-MRSA treten auch als Erreger von ambulant erworbenen Haut- und Weichgewebeinfektionen auf, wobei die Zahlen anhand der Einsendungen an das NRZ ebenso wie die Zahlen zu CA-MRSA als moderat anzusehen sind. In Gebieten mit hoher Dichte an kommerziellen Nutztier-

anlagen deuten die existierenden Daten auf regionale Häufungen im Auftreten und der Verbreitung von LA-MRSA als nasal Besiedler bei direkt Exponierten und als Infektionserreger beim Menschen.<sup>26</sup> Folglich ist direkter Kontakt zu Nutztieren, vor allem in kommerziellen Schweine- und Geflügelmastanlagen, ein unabhängiger Risikofaktor für eine MRSA-Besiedlung (MRSA-Aufnahmescreening). Ein regelmäßiger Eintrag von LA-MRSA in Gesundheitseinrichtungen in bestimmten Regionen Deutschlands ist somit sehr wahrscheinlich, bisher konnten aber keine Infektionsketten bzw. Transmissionen bei Krankenhauspatienten in Deutschland nachgewiesen werden, was möglicherweise an der verringerten Übertragungsrate im Vergleich zu HA-MRSA liegen kann.<sup>27</sup> Ergebnisse verschiedener Forschungsaktivitäten zu LA-MRSA wurden bereits in einer kürzlich erschienenen Zusammenfassung beschrieben<sup>28,29</sup> bzw. werden auf entsprechenden Seiten des RKI ausführlich thematisiert ([www.rki.de](http://www.rki.de) > Infektionsschutz > Antibiotikaresistenz > Informationen zu Resistenzen > Bedeutung von LA-MRSA- und ESBL-bildenden *Enterobacteriaceae* bei Masttieren für den Menschen). Aktuelle Aspekte der Problematik von LA-MRSA werden in interdisziplinären Forschungsverbänden, wie z. B. dem BMBF-Forschungsprojekt MedVetStaph analysiert (<http://www.medvetstaph.net/>).

Ganzgenomanalysen an *S. aureus*-Isolaten der klonalen Linie CC398 deuten auf eine Herkunft einer Oxacillin-empfindlichen Vorläuferpopulation von verwandten Stämmen mit Ursprung beim Menschen.<sup>30</sup> Veränderte Wirtsadaptation wurde mit einem Verlust bzw. Erwerb bestimmter Gencluster und Prophagen korreliert. Die Gefahr besteht, dass aufgrund der massiven Exposition in einzelnen Habitaten bestimmte Isolate (klonale Linien) diesen Wirtswechsel abermals vollführen können.

### Zusammenfassung und Ausblick

Obwohl verschiedene Surveillance-Systeme einen rückläufigen Trend bei MRSA aufweisen, bleiben sie der häufigste multiresistente Erreger in deutschen Krankenhäusern. Die Wahrnehmung von MRSA als wichtigem Infektionserreger ist dabei keinesfalls rückläufig, u. a. sichtbar in steigenden Einsendezahlen an das NRZ. Unabhängig von den Trendzahlen unterliegen das Auftreten und die Verbreitung von HA-MRSA einer Dynamik, welche erfasst und analysiert wird, aber nach wie vor schlecht prognostiziert werden kann. CA-MRSA sind immer noch selten in Deutschland, können aber im Einzelfall und familiär gehäuft zu langwierigen (rezidivierenden) Krankheitsverläufen führen. Hier ist durchaus mit einer gewissen Dunkelziffer zu rechnen, weswegen wir die niedergelassenen Ärzte bzw. mikrobiologischen Labore explizit auffordern möchten, MRSA aus Abszessen und ambulant erworbenen, tiefen Haut- und Weichgewebsinfektionen bei Patienten ohne klassische MRSA-Risikofaktoren dem NRZ einzusenden. LA-MRSA besiedeln die meisten Tiere und Menschen, bringen aber aufgrund ihrer weiten Verbreitung im Bereich der kommerziellen Schweine- und Geflügelmast eine erhebliche mikrobiologische Last mit sich, deren Dimension man aktuell in geziel-

ten Studien erfasst hat (s. Abschnitt LA-MRSA) und deren Gefahrenpotenzial (Übertragbarkeit, Pathogenität etc.) für den Menschen man mittel- und langfristig sehr genau und zeitnah beobachten muss.

### Literatur

1. Layer F, Cuny C, Strommenger B, Werner G, Witte W: Current data and trends on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 2012; 55: 1377–1386
2. Antimicrobial resistance surveillance on Europe 2011. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm, ECDC, 2012
3. Meyer E, Schwab F, Schroeren-Boersch B, Gastmeier P: Dramatic increase of third-generation cephalosporin-resistant *E. coli* in German intensive care units: secular trends in antibiotic drug use and bacterial resistance, 2001 to 2008. *Critical Care* 2010; 14: R113
4. Robert Koch-Institut: Infektionsepidemiologisches Jahrbuch für 2011. Berlin, 2012
5. 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
6. Grundmann H, Aanensen DM, van den Wijngaard CC, et al.: Geographic distribution of *Staphylococcus aureus* causing invasive infections in Europe: a molecular-epidemiological analysis. *PLoS Medicine* 2010; 7: e1000215
7. Witte W, Bräulke C, Cuny C, Heuck D, Kresken M: Changing pattern of antibiotic resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from German hospitals. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2001; 22: 683–686
8. Albrecht N, Jatzwauk L, Slickers P, Ehrlich R, Monecke S: Clonal replacement of epidemic methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains in a German university hospital over a period of eleven years. *PLoS One* 2011; 6: e28189
9. Lee AS, Macedo-Vinas M, Francois P, et al.: Trends in mupirocin resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and mupirocin consumption at a tertiary care hospital. *J Hosp Infect* 2011; 77: 360–362
10. Park SY, Kim SM, Park SD: The Prevalence, Genotype and Antimicrobial Susceptibility of High- and Low-Level Mupirocin Resistant Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*. *Ann Dermatol* 2012; 24: 32–38
11. Boyle-Vavra S, Jones M, Gourley BL, et al.: Comparative genome sequencing of an isogenic pair of USA800 clinical methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates obtained before and after daptomycin treatment failure. *Antimicrob Agents Chemother* 2011; 55: 2018–2025
12. Cui L, Isii T, Fukuda M, et al.: An RpoB mutation confers dual heteroresistance to daptomycin and vancomycin in *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother* 2010; 54: 5222–5233
13. Long KS, Vester B: Resistance to linezolid caused by modifications at its binding site on the ribosome. *Antimicrob Agents Chemother* 2012; 56: 603–612
14. Shambat S, Nadig S, Prabhakara S, Bes M, Etienne J, Arakere G: Clonal complexes and virulence factors of *Staphylococcus aureus* from several cities in India. *BMC Microbiology* 2012; 12: 64
15. Brennan GI, Shore AC, Corcoran S, Tecklenborg S, Coleman DC, O'Connell B: Emergence of hospital- and community-associated panton-valentine leukocidin-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* genotype ST772-MRSA-V in Ireland and detailed investigation of an ST772-MRSA-V cluster in a neonatal intensive care unit. *J Clin Microbiol* 2012; 50: 841–847
16. Garcia-Alvarez L, Holden MT, Lindsay H, et al.: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* with a novel *mecA* homologue in human and bovine populations in the UK and Denmark: a descriptive study. *Lancet Infect Dis* 2011; 11: 595–603
17. Cuny C, Layer F, Strommenger B, Witte W: Rare occurrence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* CC130 with a novel *mecA* homologue in humans in Germany. *PLoS One* 2011; 6: e24360
18. Sung JM, Lloyd DH, Lindsay JA: *Staphylococcus aureus* host specificity: comparative genomics of human versus animal isolates by multi-strain microarray. *Microbiology* 2008; 154: 1949–1959

19. Kriegeskorte A, Ballhausen B, Idelevich EA, et al.: Human MRSA isolates with novel genetic homolog, Germany. *Emerg Infect Dis* 2012; 18: 1016–1018
20. Becker K, Larsen AR, Skov RL, et al.: Evaluation of a modular multiplex-PCR methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) detection assay adapted for mecC detection. *J Clin Microbiol* 2013; 51(6): 1917–1919
21. Walther B, Wieler LH, Vincze S, et al.: MRSA variant in companion animals. *Emerg Infect Dis* 2012; 18: 2017–2020
22. Laurent F, Chardon H, Haenni M, et al.: MRSA harboring mecA variant gene mecC, France. *Emerg Infect Dis* 2012 18: 1465–1467
23. GK, Larsen AR, Robb A, et al.: The newly described mecA homologue, mecALGA251, is present in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates from a diverse range of host species. *J Antimicrob Chemother* 2012; 67: 2809–2813
24. Petersen A, Stegger M, Heltberg O, et al.: Epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carrying the novel mecC gene in Denmark corroborates a zoonotic reservoir with transmission to humans. *Clin Microbiol Infect* 2013; 19(1) E16–E22
25. Nubel U, Nachtnebel M, Falkenhorst G, et al.: MRSA transmission on a neonatal intensive care unit: epidemiological and genome-based phylogenetic analyses. *PLoS One* 2013; 8: e54898
26. Kock R, Schaumburg F, Mellmann A, et al.: Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS One* 2013; 8: e55040
27. Bootsma MC, Wassenberg MW, Trapman P, Bonten MJ: The nosocomial transmission rate of animal-associated ST398 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J R Soc Interface* 2011; 8: 578–584
28. Robert Koch-Institut: Bericht aus dem FG Nosokomiale Infektionen des RKI. Auftreten und Verbreitung von MRSA in Deutschland. *Epid Bull* 2011; 26: 233–241
29. Cuny C, Friedrich AW, Witte W: Absence of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clonal complex CC398 as a nasal colonizer of pigs raised in an alternative system. *Appl Environ Microbiol* 2012; 78: 1296–1297
30. Price LB, Stegger M, Hasman H, et al.: *Staphylococcus aureus* CC398: host adaptation and emergence of methicillin resistance in livestock. *mBio* 3 2012

Bericht aus dem NRZ für Staphylokokken und Enterokokken von Dr. Franziska Layer (E-Mail: LayerF@rki.de) und PD Dr. Guido Werner (E-Mail: WernerG@rki.de). Weitere **Ansprechpartnerinnen** im NRZ sind Dr. Christiane Cuny (E-Mail: CunyC@rki.de) und Dr. Birgit Strommenger (E-Mail: StrommengerB@rki.de).

Wir bedanken uns bei allen einsendenden Laboren für die Übermittlung der Isolate.

## Ausschreibung eines Konsiliarlaboratoriums für Coronaviren im humanmedizinischen Bereich

Zum weiteren Ausbau infektionsepidemiologischer Netzwerke und zur Entwicklung effektiver Präventions- und Bekämpfungsstrategien bei Infektionskrankheiten sind für das Robert Koch-Institut (RKI) zusätzliche Fachexpertisen erforderlich, die u. a. durch Konsiliarlaboratorien erbracht werden. Eine Finanzierung ist nur in begrenztem Umfang, vor allem im Rahmen der Durchführung spezieller Netzwerkprojekte möglich.

Es ist beabsichtigt, ein **Konsiliarlaboratorium für Coronaviren im humanmedizinischen Bereich** auszuschreiben, das voraussichtlich ab **Oktober 2013** seine Tätigkeit aufnehmen soll. Interessierte leistungsfähige Institutionen werden gebeten, bis zum **14. Juni 2013** ein Konzept für dieses Konsiliarlaboratorium einzureichen, das die nachfolgend aufgeführten speziellen und allgemeinen Aufgaben eines Konsiliarlaboratoriums berücksichtigt.

**Das Konsiliarlaboratorium soll folgende spezielle Aufgaben übernehmen:**

- ▶ Bereitstellung und Weiterentwicklung einer qualitätsgesicherten Diagnostik zum Direktnachweis von akuten Coronavirus-Infektionen bzw. des Rekonvaleszenzstadiums (retrospektiver serologischer Infektionsnachweis). Beim letzteren Aspekt sollte zwischen Infektionen verschiedener Coronaviren differenzialdiagnostisch unterschieden werden.
- ▶ Untersuchungen zur Variabilität, Transmission, Virulenz und Pathogenese von Coronaviren.
- ▶ Arbeiten im Rahmen der Qualitätssicherung, Entwicklung und Bereitstellung von Referenzmaterialien und diagnostischen Protokollen.

### Allgemeiner Aufgabenkatalog für Konsiliarlaboratorien:

Als Konsiliarlaboratorium kommt ein Labor infrage, das alle oder eine Auswahl der nachfolgenden Aufgaben erfüllt:

- ▶ **Beratungstätigkeit**  
(insbesondere des Öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie von Laboratorien, niedergelassenen Ärzten, Kliniken und Forschungsinstituten)

- ▶ **Arbeiten im Rahmen der Qualitätssicherung**  
(Teilnahme an Studien und Ringversuchen, z. B. in Zusammenarbeit mit INSTAND, WHO, EU, Fachgesellschaften sowie Teilnahme an Weiterbildungsmaßnahmen)
- ▶ **Weiter- oder Neuentwicklung diagnostischer Verfahren für Coronaviren**
- ▶ **Mitwirkung bei der epidemiologischen Bewertung der Situation von Coronaviren durch das RKI**
- ▶ **Durchführung von Studien innerhalb eines Netzwerkes diagnostischer Einrichtungen**
- ▶ **Beratung des RKI und Mitwirkung bei der Erarbeitung wissenschaftlicher Materialien insoweit dies Coronaviren betrifft**  
(z. B. Falldefinitionen, Ratgeber Infektionskrankheiten)

Die Konsiliarlaboratorien werden in der Regel für einen Zeitraum von 3 Jahren berufen. Die gegenwärtige Berufungsperiode der Konsiliarlaboratorien erstreckt sich auf den Zeitraum bis zum 31.12.2016.

Auf der Grundlage des vorstehenden Aufgabenkatalogs bittet das Robert Koch-Institut interessierte Institutionen um ein Angebot. Das Prozedere für Neubesetzungen von Konsiliarlaboratorien ist im Internet unter [www.rki.de](http://www.rki.de) (Infektionsschutz > Nationale Referenzzentren und Konsiliarlaboratorien) veröffentlicht.

Die Angebote müssen in deutscher Sprache in Form eines Antrags schriftlich in zweifacher Ausfertigung und rechtsverbindlich unterschrieben im verschlossenen Umschlag bis zum

**14. Juni 2013**

an das Robert Koch-Institut, Abteilung 3, Frau Dr. Beermann, DGZ-Ring 1, 13086 Berlin, abgesandt sein (Datum des Poststempels). Weiterhin wird um Übersendung der Datei per E-Mail an [Kommission.InfEpi@rki.de](mailto:Kommission.InfEpi@rki.de) gebeten.

Für weitere Rückfragen wenden Sie sich bitte an das Robert Koch-Institut unter der o.g. Anschrift (Tel. 030. 18 754–3766 oder Fax 030. 18 754–3533).

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

18. Woche 2013 (Datenstand: 22.5.2013)

Land	Darmkrankheiten														
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Erkr. durch sonstige darpthogene E. coli			Salmonellose			Shigellose		
	2013		2012	2013		2012	2013		2012	2013		2012	2013		2012
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	85	1.326	1.596	3	33	27	1	61	88	11	314	360	0	13	13
Bayern	70	1.540	1.670	5	91	61	4	157	188	35	582	503	1	32	28
Berlin	23	678	739	0	17	16	6	124	95	5	152	177	0	26	38
Brandenburg	19	433	476	0	9	10	2	93	78	10	195	186	0	7	2
Bremen	2	85	80	0	3	2	0	3	7	1	34	31	0	1	1
Hamburg	15	424	449	0	16	19	2	28	25	9	118	115	0	10	12
Hessen	48	869	930	1	12	19	4	27	50	12	313	317	0	10	7
Mecklenburg-Vorpommern	11	336	378	1	8	11	4	80	155	9	156	157	0	0	0
Niedersachsen	39	939	1.074	5	45	47	6	162	157	37	668	500	1	8	6
Nordrhein-Westfalen	175	3.864	4.009	2	89	96	19	287	341	57	1.201	1.222	0	18	24
Rheinland-Pfalz	42	747	889	1	31	33	2	70	55	18	221	314	5	14	7
Saarland	14	288	262	0	3	3	0	8	13	1	49	51	0	0	1
Sachsen	69	1.033	1.169	1	45	39	11	228	284	17	342	454	0	8	9
Sachsen-Anhalt	21	399	383	1	12	13	14	195	146	10	511	306	0	3	3
Schleswig-Holstein	14	483	502	1	10	22	0	23	30	11	179	167	0	4	4
Thüringen	24	417	459	0	10	18	6	112	130	28	313	356	1	4	1
<b>Deutschland</b>	<b>671</b>	<b>13.861</b>	<b>15.065</b>	<b>21</b>	<b>434</b>	<b>436</b>	<b>81</b>	<b>1.658</b>	<b>1.842</b>	<b>271</b>	<b>5.348</b>	<b>5.216</b>	<b>8</b>	<b>158</b>	<b>156</b>

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung <sup>+</sup>			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2013		2012	2013		2012	2013		2012	2013		2012	2013		2012
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	4	54	54	129	3.688	5.114	98	1.573	2.511	7	156	206	0	10	10
Bayern	8	93	116	185	4.947	9.863	288	3.296	2.886	10	281	272	2	22	16
Berlin	2	26	21	27	1.308	2.248	66	1.470	1.432	8	143	148	0	23	24
Brandenburg	1	24	31	48	1.806	2.946	199	2.726	1.207	4	39	28	1	23	11
Bremen	0	6	4	9	252	485	13	202	56	0	7	9	0	1	0
Hamburg	2	15	33	37	1.456	2.013	62	1.394	924	2	56	61	0	5	11
Hessen	4	40	59	119	3.445	4.100	81	957	1.339	2	83	95	0	10	21
Mecklenburg-Vorpommern	3	12	18	50	2.601	2.247	65	1.046	778	3	38	42	1	20	17
Niedersachsen	4	72	61	107	4.754	7.012	228	3.064	1.739	3	71	74	2	19	29
Nordrhein-Westfalen	10	129	195	364	11.224	12.932	500	6.613	4.162	14	251	273	2	41	50
Rheinland-Pfalz	1	41	60	89	2.610	3.364	93	1.217	1.665	1	50	59	0	8	6
Saarland	0	1	9	37	885	1.208	31	217	372	0	9	8	0	3	0
Sachsen	5	118	94	113	4.663	6.798	220	3.521	1.674	7	104	103	1	49	19
Sachsen-Anhalt	2	46	61	88	2.493	3.919	93	1.325	1.344	1	38	29	5	26	10
Schleswig-Holstein	6	33	20	25	1.395	1.781	69	868	769	2	23	30	0	2	4
Thüringen	5	76	91	84	2.143	3.866	96	2.323	1.284	2	25	25	0	6	16
<b>Deutschland</b>	<b>57</b>	<b>786</b>	<b>927</b>	<b>1.511</b>	<b>49.670</b>	<b>69.896</b>	<b>2.202</b>	<b>31.812</b>	<b>24.142</b>	<b>66</b>	<b>1.374</b>	<b>1.462</b>	<b>14</b>	<b>268</b>	<b>244</b>

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 in der ausgewiesenen Woche im Gesundheitsamt eingegangen sind und bis zum 3. Tag vor Erscheinen dieser Ausgabe als klinisch-labordiagnostisch bestätigt (für Masern, CJK, HUS, Tuberkulose und Polio zusätzlich auch klinisch bestätigt) und als klinisch-epidemiologisch bestätigt dem RKI übermittelt wurden, **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. – Für das **Jahr** werden detailliertere statistische Angaben heraus-

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

18. Woche 2013 (Datenstand: 22.5.2013)

Land	Virushepatitis								
	Hepatitis A			Hepatitis B <sup>++</sup>			Hepatitis C <sup>++</sup>		
	2013		2012	2013		2012	2013		2012
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	0	25	22	0	27	19	17	297	304
Bayern	0	28	29	3	42	37	7	323	376
Berlin	1	14	11	1	20	19	8	171	205
Brandenburg	0	13	7	0	6	3	0	20	31
Bremen	0	13	1	0	6	3	0	10	11
Hamburg	1	8	4	1	12	14	5	49	54
Hessen	2	14	13	1	25	16	5	139	128
Mecklenburg-Vorpommern	0	16	4	0	7	8	1	14	23
Niedersachsen	3	22	24	0	9	9	1	99	103
Nordrhein-Westfalen	1	51	54	4	52	50	8	242	228
Rheinland-Pfalz	0	26	11	0	16	21	8	73	75
Saarland	0	4	1	0	2	7	0	17	31
Sachsen	4	9	5	0	12	11	4	106	104
Sachsen-Anhalt	0	9	4	0	9	9	4	50	46
Schleswig-Holstein	0	5	1	0	5	3	3	45	59
Thüringen	0	7	5	1	8	6	0	21	40
<b>Deutschland</b>	<b>12</b>	<b>264</b>	<b>196</b>	<b>11</b>	<b>258</b>	<b>235</b>	<b>71</b>	<b>1.676</b>	<b>1.818</b>

Land	Weitere Krankheiten								
	Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Masern			Tuberkulose		
	2013		2012	2013		2012	2013		2012
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	0	14	17	1	2	4	8	196	167
Bayern	0	20	26	11	42	20	12	192	251
Berlin	2	11	8	19	137	6	3	122	109
Brandenburg	0	2	3	6	18	0	4	34	28
Bremen	0	2	3	0	0	0	3	13	15
Hamburg	0	4	3	0	4	0	2	58	43
Hessen	0	7	9	0	3	9	8	132	151
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	2	1	1	0	1	17	33
Niedersachsen	1	17	13	0	7	1	6	96	105
Nordrhein-Westfalen	0	34	29	1	16	9	15	317	391
Rheinland-Pfalz	1	9	7	0	1	1	0	40	59
Saarland	0	4	3	0	1	0	0	10	12
Sachsen	0	7	4	6	8	0	1	45	57
Sachsen-Anhalt	0	1	5	0	0	0	2	41	41
Schleswig-Holstein	0	11	4	0	4	2	4	25	41
Thüringen	0	6	4	0	0	0	0	17	31
<b>Deutschland</b>	<b>4</b>	<b>151</b>	<b>140</b>	<b>45</b>	<b>244</b>	<b>52</b>	<b>69</b>	<b>1.355</b>	<b>1.534</b>

gegeben. Ausführliche Erläuterungen zur Entstehung und Interpretation der Daten finden sich im *Epidemiologischen Bulletin* 18/01 vom 4.5.2001.

+ Beginnend mit der Ausgabe 5/2011 werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Erkrankungen in der Statistik ausgewiesen. Dies gilt auch rückwirkend.

++ 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). Zusätzlich werden für Hepatitis C auch labordiagnostisch nachgewiesene Fälle bei nicht erfülltem oder unbekanntem klinischen Bild dargestellt (s. *Epid. Bull.* 11/03).

**Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland**

18. Woche 2013 (Datenstand: 22.5.2013)

Krankheit	2013	2013	2012	2012
	18. Woche	1.–18. Woche	1.–18. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	31	941	541	2.147
Brucellose	0	5	8	28
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	26	39	124
Dengue-Fieber	13	323	135	615
FSME	0	8	8	195
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	14	12	69
Hantavirus-Erkrankung	2	48	841	2.824
Hepatitis D	0	9	4	18
Hepatitis E	6	119	107	388
Influenza	174	69.592	10.311	11.516
Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae	0	112	122	323
Legionellose	10	215	156	654
Leptospirose	0	15	6	85
Listeriose	7	113	112	427
Ornithose	0	5	5	16
Paratyphus	0	17	17	43
Q-Fieber	0	42	61	200
Trichinellose	1	2	1	2
Tularämie	0	6	4	21
Typhus abdominalis	2	32	17	58

\* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

An dieser Stelle steht im Rahmen der aktuellen Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten Raum für kurze Angaben zu bestimmten neu erfassten Erkrankungsfällen oder Ausbrüchen von besonderer Bedeutung zur Verfügung („Seuchentelegramm“). Hier wird ggf. über das Auftreten folgender Krankheiten berichtet: Botulismus, vCJK, Cholera, Diphtherie, Fleckfieber, Gelbfieber, konnatale Röteln, Lepra, Milzbrand, Pest, Poliomyelitis, Rückfallfieber, Tollwut, virusbedingte hämorrhagische Fieber. Hier aufgeführte Fälle von vCJK sind im Tabellenteil als Teil der meldepflichtigen Fälle der Creutzfeldt-Jakob-Krankheit enthalten.

**Impressum****Herausgeber**

Robert Koch-Institut  
Nordufer 20, 13353 Berlin  
Tel.: 030.18754-0  
Fax: 030.18754-2328  
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

► Redaktionsassistent: Sylvia Fehrmann  
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)  
Tel.: 030.18754-2455, Fax: -2459  
E-Mail: FehrmannS@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 € 49,- ab Beginn des Kalenderjahres bezogen werden; bei Bestellung nach Jahresbeginn errechnet sich der Beitrag mit € 4,- 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](http://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