



Epidemiologisches Bulletin

5. September 2011 / Nr. 35

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Bakteriologische Untersuchungen im Rahmen des Ausbruchs mit *E. coli* O104:H4

Bericht des NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger sowie des Fachgebietes Bakterielle Infektionen des RKI

Im Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger, das im Fachgebiet Bakterielle Infektionen, Abteilung für Infektionskrankheiten des Robert Koch-Instituts (RKI), Bereich Wernigerode, angesiedelt ist, werden neben Salmonellen, Shigellen, Yersinien, *Campylobacter* und Listerien auch intestinal-pathogene *Escherichia (E.) coli* bearbeitet.

Einen Arbeitsschwerpunkt im RKI-Fachgebiet Bakterielle Infektionen stellt die molekulare Diagnostik Pathogenese-assoziiierter Merkmale zur Typisierung von durchfallerregenden *E. coli* in **Pathovare** (EHEC/STEC, EPEC, EAggEC, ETEC, EIEC, DAEC) dar. Dabei werden insbesondere für die Surveillance-Aufgaben des NRZ auch PCR-basierte Schnellmethoden zum Nachweis Pathovar-typischer Leitmerkmale entwickelt. Vor diesem Hintergrund ist die Tätigkeit des NRZ auf eine laborgestützte komplexe (phäno- und genotypische) Feindifferenzierung dieser Erreger zur epidemiologischen Überwachung und Aufklärung von Ausbruchsgeschehen ausgerichtet.

Die Spezies *E. coli* ist dadurch gekennzeichnet, dass neben kommensalen Vertretern eine Fülle von pathogenetisch verschiedenen Varianten existiert, die für sehr unterschiedliche Krankheitsbilder und Infektionsverläufe verantwortlich sind und sowohl diagnostisch als auch epidemiologisch verschieden zu bewerten sind. Die komplexe Analyse von Virulenzmarkern und die Typisierung hat gezeigt, dass diese pathogenetische Vielfalt auf der außerordentlichen Vielzahl von Virulenzgenen, die oft auf mobilen Elementen (Plasmide, Bakteriophagen, Pathogenitätsinseln u. a.) lokalisiert sind, und ihren möglichen Kombinationen innerhalb der Spezies beruht. Um die Heterogenität innerhalb der Pathovare zu detektieren und damit die Bedeutung von einzelnen **Subtypen** für die Infektion des Menschen auszumachen und epidemiologische Zusammenhänge sowie Erregerveränderungen und auch intermediäre Pathovare zu erfassen, werden projektbezogen intestinale *E. coli* der Pathovare EHEC/STEC, EPEC und EAggEC subtypisiert.

Für die Meldung von Erkrankungen mit pathogenen intestinalen *E. coli* sind nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) drei unterschiedliche Meldekategorien definiert: 1. HUS, 2. Nachweis von EHEC in Fällen ohne HUS-Entwicklung und 3. Nachweis von *E.-coli*-Pathovaren (*E.-coli*-Enteritis) außer EHEC. Die entsprechenden Infektionszahlen für *E. coli* lagen z. B. für 2009 bei 66 Fällen für HUS, 835 Fällen für EHEC und 6.224 Fällen für *E.-coli*-Enteritis. Von diesen gemeldeten Erkrankungen durch intestinal-pathogene *E. coli* werden Proben aus Anreicherungsmedien durch Sentinelpartner, Landesuntersuchungsämter und diagnostische Labore an das NRZ für eine entsprechende Pathovardiagnostik gesendet.

Diese Woche

35/2011

EHEC/HUS

Bakteriologische Untersuchungen im Rahmen des Ausbruchs mit *E. coli* O104:H4

Ausschreibung

BMG fördert Forschungsvorhaben zu Antibiotikaresistenz, Hygiene und nosokomialen Infektionen

Hinweise auf Veranstaltungen und Publikationen

- ▶ ESCAIDE 2011
- ▶ 6. Mainzer Hygiene- und Infektiologietag
- ▶ Neues von der Gesundheitsberichterstattung des Bundes

Gesundheit der Kinder und Jugendlichen

KiGGS Welle 1 – Studienbezogene Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Meldepflichtige Infektionskrankheiten

- ▶ Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen des Nachweises ausgewählter Infektionen Juni 2011 (Datenstand: 1. September 2011)
- ▶ Aktuelle Statistik 32. Woche 2011 (Datenstand: 31. August 2011)

Opisthorchiasis

(Katzenleberegel-Infektionen) Ausbruch in Italien



Am NRZ werden dann aus diesen meist als Mischkulturen vorliegenden Proben über Selektivmedien, Immunoblot, Immunomagnetische Separation (IMS) und PCR-Nachweis von Pathovar-spezifischen Virulenzgenen Reinkulturen als Voraussetzung für eine folgende molekulare Subtypisierung isoliert.¹

Der Nachweis des Shigatoxins bzw. des kodierenden *stx*-Gens grenzt EHEC unter dem Gesichtspunkt der Meldung von den anderen *E. coli*-Pathovaren ab, jedoch stellen EHEC wie auch andere Pathovare eine heterogene Gruppe von Stämmen mit unterschiedlichen Stammmerkmalen dar. Darüber hinaus sind **intermediäre *E. coli*-Pathotypen** bekannt, die gleichzeitig Merkmale unterschiedlicher Pathovare ausprägen.² Daher sind die Erstellung und die Übersicht von Virulenzgenprofilen der verschiedenen Pathovare am NRZ bzw. für die projektbezogenen Studien am RKI-Fachgebiet Bakterielle Infektionen von besonderer molekular-epidemiologischer Bedeutung.

Für vergleichende Analysen kann das NRZ auf eine große **Stammsammlung** von pathogenen *E. coli* aus dem humanen Bereich wie auch aus Lebensmitteln und von Tieren zurückgreifen (ca. 20.000 Isolate, davon 12.000 EHEC), die das Fachgebiet aus den Routine-Einsendungen sowie aus Projekten mit nationalen und internationalen Kooperationspartnern (z. B. BMBF-gefördertes Projekt „Lebensmittelbedingte Infektionen“ 1999–2005) bereits seit 1985 aufbewahrt.

Neben den Pathovaren werden die **Serovare** von *E. coli* analysiert. Dies erfolgt in erster Linie klassisch mittels Mikrowidal-Assay für alle bekannten O- und H-Antigene der ca. 200 verschiedenen *E. coli*-Serovare. Der Nachweis der O-Antigen-Genloci der klinisch bedeutsamen EHEC-Serovare der Seropathotypen A und B, d. h. O157, O26, O145, O103, O121, O111, erfolgt zur Schnelldiagnostik mittels Multiplex-PCR.³ Weitere PCRs zum Nachweis von O55, O91, O113 und O128 sind am NRZ etabliert. Darüber hinaus kommt die molekulare Bestimmung des *fliC*-Gens bei H-Antigenen, welche serologisch nicht typisierbar sind (Hnt), oder nicht motilen (H-) *E. coli*-Isolaten durch den Einsatz einer *fliC*-PCR/RFLP zur Anwendung.⁴ Nicht typisierbare O-Antigene (Ont) werden einer LPS-Musteranalyse (SDS-PAGE) unterzogen, um neue Varianten beschreiben zu können.⁵ Im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen werden Stammvergleiche mittels Desoxyribonukleinsäure-(DNS)-Makrorestriktionsanalyse (Pulsfeld-Gelelektrophorese, PFGE) zur Klärung eines möglichen epidemiologischen Zusammenhangs durchgeführt.

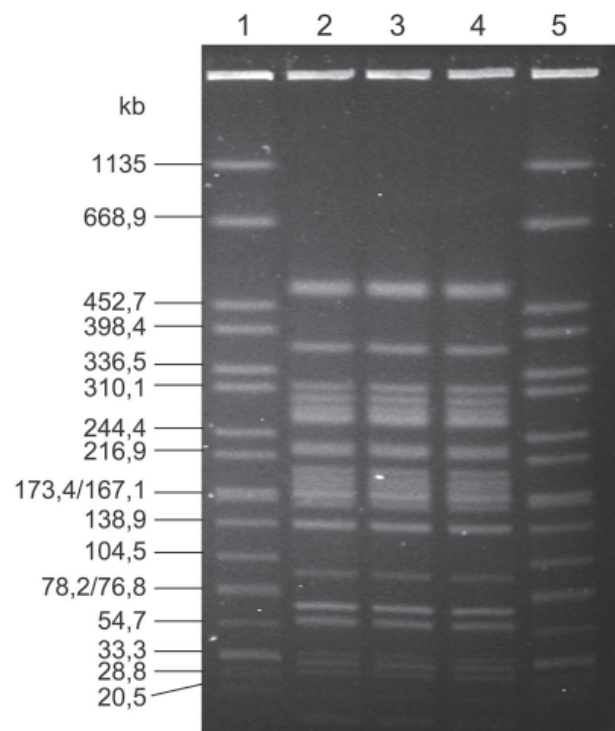
Charakterisierung des Ausbruchsstammes *E. coli* O104:H4 – Diagnostikstrategie und Leitmerkmale des Erregers

Die dem RKI am 19.5.2011 berichtete Häufung des hämolytisch-urämischen Syndroms (HUS) in Nordwestdeutschland lenkte die Aufmerksamkeit rasch auf Shigatoxin-bildende *E. coli* (EHEC) als Erreger. Am 23.5.2011 lag die Information im NRZ vor, dass die am 19.5.2011 bzw. 20.5.2011 beim NRZ eingegangenen Proben zu einem Ausbruchsgeschehen gehören könnten. Das Ergebnis des Nachweises der routinemäßig mittels PCR getesteten EHEC-Virulenz-

marker ergab am 23.5.2011 für zwei Isolate ein identisches Virulenzgenprofil: *stx1*-negativ, *stx2*-positiv und *eae*-negativ. Am 24.5.2011 wurde das Konsiliarlabor (KL) HUS (Prof. Dr. Karch, Universität Münster) über die Bestimmung des O-Antigens O104 informiert. Die weitere Charakterisierung des Erregers als Shigatoxin 2 Variante Vtx2a bildender *E. coli* des Serovars O104:H4 erfolgte am 25.5.2011, zeitgleich mit den Ergebnissen aus dem KL HUS. Erste Informationen zum Stamm wurden am 25.5.2011 (*E. coli* O104, *stx2*+, *eae*–, *hly*– und Resistenz gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation, ESBL) auf die vom *European Centre for Disease Prevention and Control* (ECDC) betriebene Ausbruchsinformationsplattform EPIS gestellt. Am 26.5.2011 wurde im NRZ mittels Makrorestriktionsanalyse (PFGE) an fünf ausgewählten Isolaten gezeigt, dass es sich hier mit hoher Wahrscheinlichkeit um ein epidemiologisch einheitliches Geschehen handelt (s. Abb. 1).

Für die internationale Kommunikation und Stammvergleiche wurde das PFGE-Muster auf der EPIS-Webseite hinterlegt und **Referenzstämme** an andere Referenzlaboratorien verschickt.

Obwohl Shigatoxin-bildende *E. coli* des Serotyps O157:H7 bzw. O157:H- weltweit am häufigsten ein HUS verursachen, sind auch andere *E. coli*-Serotypen als EHEC identifiziert worden, die das Potenzial besitzen, ein HUS auszulösen.



Spur	RKI-Nr.	Einsender	Klinik
2	11-02027	Stuttgart	HUS
3	11-02034	Bremerhaven	Durchfall
4	11-02060	Hamburg	blutiger Stuhl
1 und 5	Molekulargewichtsstandard <i>S. Braenderup</i> H9812		

Abb. 1: Makrorestriktionsmuster (XbaI) von humanen *E. coli*-O104:H4-Isolaten aus dem Ausbruchsgeschehen. Quelle: NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

Escherichia-coli-Ausbruchsstamm 2011, Serovar O104:H4
Er vereinigt Merkmale Shigatoxin-bildender <i>E. coli</i> und enteroaggregativer <i>E. coli</i> :
EHEC-Merkmale:
▶ Shigatoxin 1 (<i>stx1</i>): – (negativ)
▶ Shigatoxin 2 (<i>stx2a</i>): + (positiv)
▶ Intimin (<i>eaeA</i>): – (negativ)
▶ Enterohämolsin (<i>hlyA</i>): – (negativ)
EAggEC-Merkmale (EAggEC-Virulenzplasmid):
▶ <i>aatA</i> -PCR: + (positiv) (ABC-transporter protein gene)
▶ <i>aggR</i> -PCR: + (positiv) (master regulator gene of virulence-plasmid genes)
▶ <i>aap</i> -PCR: + (positiv) (secreted protein dispersin gene)
▶ <i>aggA</i> -PCR: + (positiv) (AAF/I-fimbrial subunit-gene)
▶ <i>aggC</i> -PCR: + (positiv) (AAF/I-fimbrial operon-gene)
▶ <i>astA</i> -PCR – (negativ) (enteroaggr. <i>E. coli</i> heat-stable enterotoxin (EAST-1) gene)
MLST Sequenztyp: ST678 (<i>adk</i> 6, <i>fumC6</i> , <i>gyrB</i> 5, <i>icd</i> 136, <i>mdh</i> 9, <i>purA</i> 7, <i>recA</i> 7). MLST-Sequenztyp bestimmt von Prof. Dr. H. Karch ⁸ , KL HUS. Dies entspricht HUSEC 041 nach der Nomenklatur des Konsiliarlaboratoriums für HUS für bekannte klonale Linien von EHEC.

Tab. 1: Charakteristika des HUS-Ausbruchsstammes *E. coli* O104:H4

Die umfangreichste Sammlung von HUS verursachenden EHEC-Stämmen verschiedener Serovare befindet sich am KL HUS (HUSEC-Sammlung, Prof. Dr. Karch, Universität Münster).⁶ In diese Sammlung gingen auch Stämme aus dem NRZ ein.

Die wichtigsten Erregercharakteristika des Ausbruchsstammes *E. coli* O104:H4 sind in der Tabelle 1 zusammengefasst.

Weitere Informationen zum Ausbruchsstamm bzw. zum Ausbruchsgeschehen finden sich unter:

- ▶ http://www.rki.de/cln_109/nn_467482/DE/Content/InfAZ/E/EHEC/EHEC__Diagnostik.html
- ▶ http://www.rki.de/cln_109/nn_467482/DE/Content/InfAZ/E/EHEC/EHEC__Sachstandsbericht.html (Sachstandsbericht zum EHEC/HUS-Ausbruch)⁷

Bei weiteren Untersuchungen zeigten sich zahlreiche Besonderheiten des Erregers. Es handelt sich um den bei EHEC seltenen Serotyp O104:H4, der bisher nicht beim Tier und nur gelegentlich beim Menschen beschrieben wurde (als EHEC/EAggEC mit klinischem Bild HUS in Deutschland 2001/HUSEC 041; als EHEC/EAggEC mit klinischem Bild HUS in Georgien 2009; als EHEC mit HUS in Korea 2006; als EHEC/EAggEC von einer Durchfallprobe aus Finnland 2010 und als EAggEC *E. coli* 55989 in Zentralafrika).^{6,9,10} Besonders bemerkenswert ist, dass der Ausbruchsstamm neben dem Shigatoxin 2a Virulenzmerkmale enteroaggregativer *E. coli* (EAggEC) besitzt sowie besondere Resistenzeigenschaften (z. B. ESBL) aufweist.^{7,8,9} Diese Merkmale sind u. a. auf zwei Plasmiden der Größe 90kbp (Resistenz-Plasmid (IncI1): *bla*TEM-1, *bla*CTX-M-15; persönliche Mitteilung von Dr. Y. Pfeifer und Prof. Dr. W. Witte, RKI) und 83kbp EAggEC Virulenz-Plasmid (IncF): *aatA*,

Indikatorstamm für	TA2700 Enterobactin	LG1522 Aerobactin	WR1540 Yersiniabactin	WR1330 Negativ-Kontrolle
Relevante Marker	<i>ent</i> , <i>fhuC</i>	<i>fepA</i> -403 <i>tonA</i> (<i>fhuA</i>), <i>colV-K30 iuc</i>	<i>ent</i> (Class) <i>fhuC</i> , <i>fepA</i> , <i>iroN</i> , <i>cir</i> , <i>pACYC5.2</i> , <i>fyuA</i>	<i>ent</i> , <i>fhuC</i> , <i>fepA</i> , <i>iroN</i> , <i>cir</i>
Ausbruchsstamm O104:H4 RKI 11-02027	30	25	25	0
HUSEC 041 RKI 01-09591	30	25	25	0
<i>E. coli</i> EDL 933 O157:H7	30	0	0	0
<i>E. coli</i> K12	20	0	0	0
STM 80/82 (DHBA, Aerobactin-positiver Kontrollstamm)	0	30	0	0

Tab. 2: Siderophor-Bioteste verschiedener EHEC-Stämme (Wachstumszone in mm). Quelle: NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritis-erreger

aggR, *aafI* kodiert.⁷ Zum ersten Mal wird bei einem Stamm des Serotyps O104:H4 der Adhäsionsfimbrientyp AAF/I vorgefunden, während alle anderen bisher bekannten EAggEC bzw. STEC/EAggEC des Serotyps O104:H4 AAF/III-Fimbrien kodierten.

Es ist bekannt, dass die Bildung von Yersiniabactin bei EAggEC (Gene sind auf einer Hochpathogenitätsinsel lokalisiert) auftritt.¹⁰ Der aktuelle Ausbruchsstamm (O104:H4) sowie der HUSEC 041 zeigen die Bildung von Enterobactin, Aerobactin und Yersiniabactin. *E. coli* O157:H7 bildet nur Enterobactin (s. Tab. 2).¹²

Vergleicht man darüber hinaus die Colicin-Produktion, so fällt auf, dass der HUSEC 041 aus dem Jahr 2001 ein Colicin produziert, der Ausbruchsstamm von 2011 jedoch nicht (s. Abb. 2). **Neben der ESBL-Eigenschaft ist die fehlende Colicin-Produktion ein weiteres Unterscheidungsmerkmal zum HUSEC 041.**

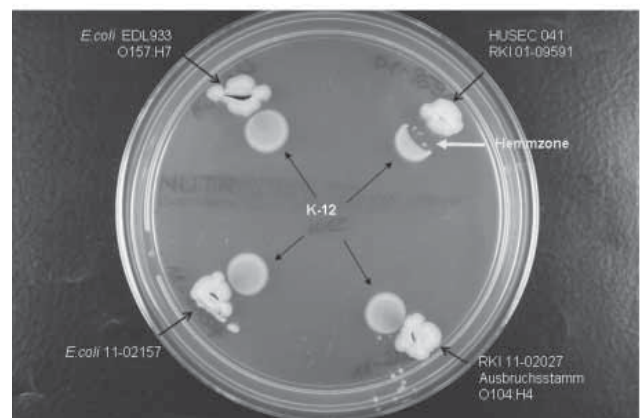


Abb. 2: Vergleich der Colicin-Produktion des HUSEC 041 und des *E. coli*-Ausbruchsstammes O104:H4 mit dem *E. coli* K12. Quelle: NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritis-erreger

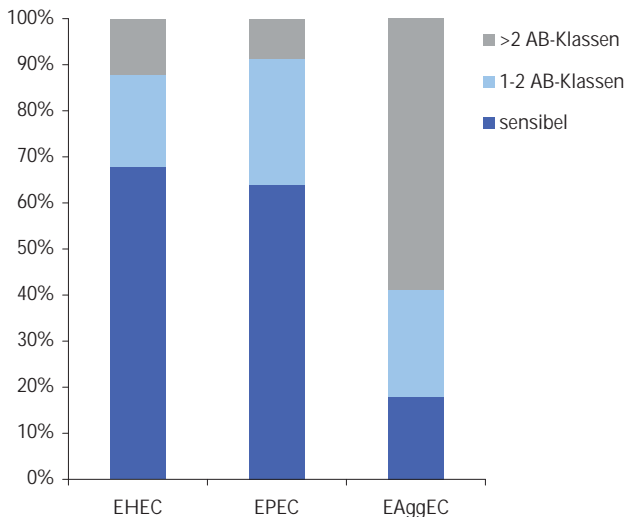


Abb. 3: Häufigkeit sensibler und (mehrfach) resistenter Isolate unter den untersuchten enteritischen *E.-coli*-Pathovaren EHEC (n=750), EPEC (n=266) und EAaggEC (n=56) in den Jahren 2009 und 2010; NRZ- und projektbezogene Daten aus dem RKI-Fachgebiet Bakterielle Infektionen

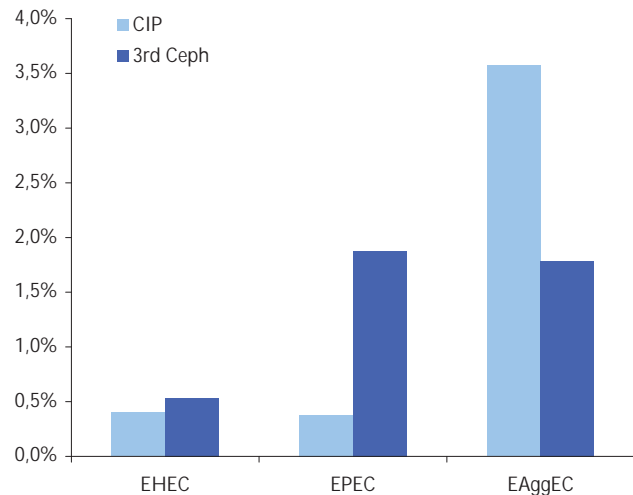


Abb. 4: Häufigkeit von Resistenz gegenüber (Fluor)Chinolonen (Ciprofloxacin, CIP) oder Cephalosporinen der 3. Generation (3rd Ceph) bei den untersuchten Stämmen der enteritischen *E.-coli*-Pathovaren EHEC (n=750), EPEC (n=266) und EAaggEC (n=56) in den Jahren 2009 und 2010; NRZ- und projektbezogene Daten aus dem RKI-Fachgebiet Bakterielle Infektionen

Inzwischen liegen Sequenzdaten des Ausbruchsstammes vor, die eine ausgeprägte Homologie zu einem enteroaggregativen *E. coli* (55989) zeigen.^{13,14,15} Da die Spezies *E. coli* auch zur Normalflora des menschlichen Darmes gehört, erfordert der Nachweis von pathogenen *E.-coli*-Varianten spezielle subtaxonomische diagnostische Methoden. Hierbei spielt insbesondere der Nachweis von bestimmten Virulenzmarkern, der eine Isolierung sowie das Vorliegen einer Reinkultur einschließt, eine besondere Rolle. Dies ist insbesondere für den Nachweis im Rahmen weniger charakteristischer Krankheitsbilder, wie dem (blutigen) Durchfall, besonders aber auch für den Nachweis beim symptomlosen Ausscheider von Bedeutung. Im speziellen Fall wird die Suche durch den für intestinale *E. coli* ungewöhnlichen Resistenzphänotyp (ESBL-verursachte Resistenz gegenüber Cephalosporinen) insofern erleichtert, als dieser die Verwendung entsprechender Selektivmedien für die gezielte Suche ermöglicht. Der Nachweis dieser Resistenz erfolgte am NRZ und wurde sofort für die gezielte Suche nach dem Erreger eingesetzt (Einsatz des ESBL-Selektivagars kombiniert mit einem Multiplex-PCR-Screening auf *stx1*, *stx2* und *eae* bzw. Einsatz des ESBL-Selektivagars kombiniert mit einer Multiplex-PCR für die Gene *stx2*, *rfbO104*, *fliCH4* (angelehnt an das Protokoll aus dem KL HUS, http://www.ehec.org/pdf/LaborInfo_30052011.pdf).

Die Resistenzsituation bei den intestinalen *E.-coli*-Pathovaren EHEC, EPEC und EAaggEC gegenüber Antibiotika, wie sie sich aus den analysierten humanen Isolatoren am NRZ kumulativ für die Jahre 2009 und 2010 ergibt, ist in den Abbildungen 3 und 4 dargestellt. Während die untersuchten EHEC- und EPEC-Isolate aus der Routinetätigkeit des NRZ stammen, sind die EAaggEC-Stämme Teil eines laufenden Projektes zur Pathovarcharakterisierung am RKI-Fachgebiet Bakterielle Infektionen (Prager et al., in Vorbereitung). Bezüglich des Vorkommens von Resistenzen gegenüber den getesteten Substanz-Klassen (Penicilline und Penicillin/Beta-Lactamase-Inhibitor-Kombinationen, Cephalo-

sporine, Cephamycine, Aminoglycoside, (Fluor)Chinolone, Tetracyclin, Chloramphenicol, Trimethoprim) ist ein deutlicher Unterschied zwischen EHEC und EPEC einerseits und EAaggEC andererseits festzustellen. Während sich annähernd 70% der EHEC- und EPEC-Stämme sensibel gegenüber allen getesteten Substanz-Klassen verhielten, waren es bei EAaggEC weniger als 20% der untersuchten Isolate. 80% der EAaggEC-Stämme wiesen Antibiotikaresistenzen auf, fast 60% gegenüber mehr als zwei Antibiotika-Klassen. Dagegen trat Antibiotikaresistenz bei nur etwa über 30% aller EHEC- bzw. EPEC-Stämme auf und lediglich bei je etwa 10% als Mehrfachresistenz (s. Abb. 3). Nur sehr selten waren Resistenzen gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation (3rdCeph) oder (Fluor)Chinolonen (CIP) nachzuweisen (s. Abb. 4).

Gerade in der Spätphase des Ausbruchs durch den Shigatoxin-bildenden *E. coli* O104:H4 kommt der Abgrenzung gegenüber sporadisch zirkulierenden EHEC-Stämmen ohne die Fähigkeit zur Bildung von ESBL immer größere Bedeutung zu, um Erkrankte und Ausscheider anderer Stämme als dem Ausbruchsstamm auch als solche zu erkennen. Dies bedeutet für die Labore die Anwendung einer Suchstrategie, die sich nicht ausschließlich auf die Verwendung von ESBL-Selektivagar konzentriert, sondern auch die Einbindung von Standard-Selektivmedien (z. B. GCG-Agar, MacConkey-Sorbitol-Agar) beinhaltet. Diese Untersuchungen sind entscheidend für die Beurteilung des „Hintergrundgeschehens“ und damit für die Einschätzung des Ausbruchsverlaufes.

Insgesamt wurden vom 19.5.2011 bis zum 5.8.2011 3.244 *E.-coli*-Verdachtsproben an das NRZ eingesandt. Davon konnten 1.023 dem Ausbruchsstamm O104:H4 (*stx2*+) zugeordnet werden. Neben dem Ausbruchsstamm konnten 87 EPEC-, 1 EAEC- und weitere 702 EHEC-Fälle ermittelt werden. Bisher konnten 275 dieser EHEC-Isolate und 23 der EPEC-Isolate 42 verschiedenen Serotypen mit unter-

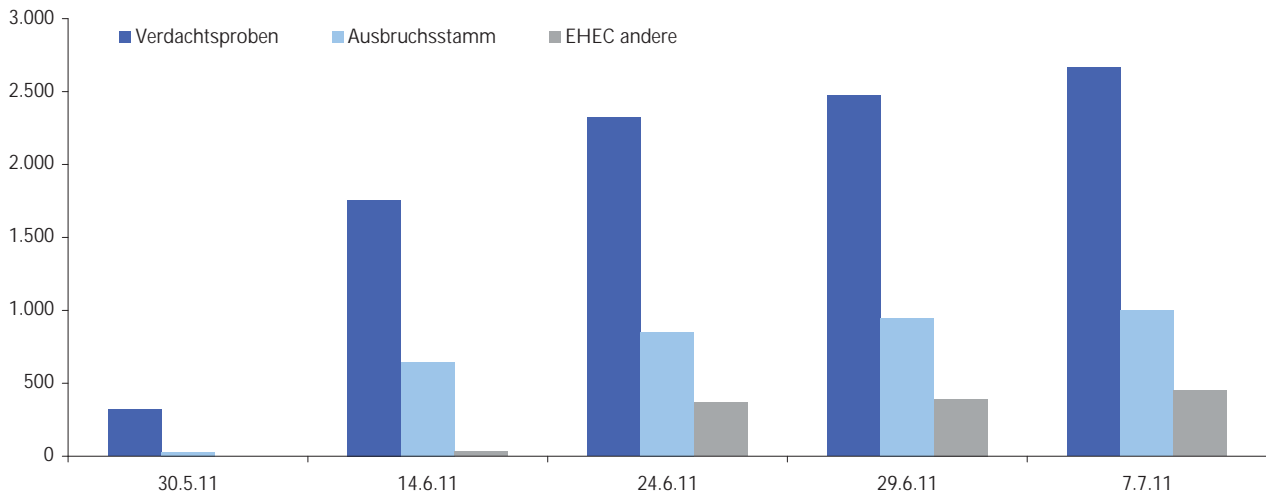


Abb. 5: Kumulative Darstellung der Anzahl der eingesendeten *E. coli*-Verdachtsproben und Anteil des aktuellen *E. coli*-O104:H4-Ausbruchsstammes und anderer EHEC seit dem 19.5.2011 bis zum jeweils angegebenen Datum

schiedlichem Virulenzmuster zugeordnet werden. In 588 Proben ergab sich kein Anhalt auf eine EHEC-/EPEC-Infektion und für 209 *stx*-Gen-positive Proben war eine Stammsisolierung zur Feintypisierung nicht erfolgreich (s. Abb. 5).

Literatur

1. Tschäpe H, Reissbrodt R, Prager R: Darmpathogene *E. coli*. Mikrobiologische Diagnostik. Georg Thieme Verlag 2009, 2. Auflage, 443–448
2. Prager R, Tschäpe H: *Escherichia coli*-Pathovaren – gibt es noch eine Routinediagnostik? *Der Mikrobiologe* 2007; 6: 213–219
3. Monday SR, Beisaw A, Feng PC: Identification of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* serotypes A and B by multiplex PCR. *Mol Cell Probes* 2007; 21 (4): 308–311
4. Prager R, Strutz U, Fruth A, Tschäpe H: Subtyping of pathogenic *Escherichia coli* strains using flagellar (H)-antigens: serotyping vs. *fliC* polymorphisms. *Int J Med Microbiol* 2003; 292: 477–486
5. Scheutz F, Fruth A, Caprioli A, Beutin L, Cheasty T: Five new *E. coli* O groups that include Verocytotoxin-producing *E. coli* (VTEC). Posterabstract VTEC World Congress Buenos Aires, Argentina, 2009
6. Mellmann A, Bielaszewska M, Köck R, Friedrich AW, Fruth A, Middendorf B, Harmsen D, Schmidt MA, Karch H: Analysis of collection of hemolytic uremic syndrome-associated enterohemorrhagic *Escherichia coli*. *Emerg Infect Dis* 2008; 14 (8): 1287–1290
7. Frank C, Werber D, Cramer JP, Askar M, Faber M, an der Heiden M, Bernhard H, Fruth A, Prager R, Spode A, Wadl M, Zoufaly A, Jordan S, Stark K, Krause G, for the HUS Investigation Team (M. Abu Sin, C. Adlhoch, K. Alpers, D. Altmann, M. Altmann, K. Erends, K. Atzpodien, S. Bahnke, J. Benzler, A. Bergholz, J. Bielecke, M. Böhmer, B. Brodhun, U. Buchholz, R. Burger, W. Cai, H. Claus, M. Christner, C. Cyberski, M. Dehner, Y. Deleré, S. Dudareva, T. Eckmanns, W. Espelage, G. Falkenhorst, L. Fiebig, K. Fraedrich, A. Reuß, U. Rexroth, M. Richter, T. Rieck, H. Rohde, B. Rosner, A. Sailer, C. Santos-Hövenner, L. Schaade, S. Schink, S. Schweickert, P. Stöcker, T. Süß, A. Takla, E. Tietze, B. Ultsch, M. U.-Z. Kang, E. Velasco, D. Walter, B. Weiß, H. Wilking, R. Zimmermann, W. Zhang, J. Zunk): Epidemic Profile of Shiga-Toxin-Producing *Escherichia coli* O104:H4 Outbreak in Germany – Preliminary Report. *N Engl J Med*: Epub June 22. doi:10.1056/NEJMoal106483
8. Bielaszewska M, Mellmann A, Zhang W, Köck R, Fruth A, Bauwens A, Peters G, Karch H: Characterisation of the *Escherichia coli* strain associated with an outbreak of haemolytic uremic syndrome in Germany, 2011: a microbiological study. *Lancet Infect Dis* 2011 Jun 22 (Epub ahead of print)
9. Scheutz F, Moller Nielsen E, Frimodt-Moller J, Boisen N, Morabito S, Tozzoli R, Nataro J, Caprioli A: Characteristics of the enteroaggregative Shiga toxin/verotoxin-producing *Escherichia coli* O104:H4 strain causing the outbreak of hemolytic uremic syndrome in Germany, May to June 2011. *Euro Surveill* 2011; 16 (24), pii: 19889
10. Mossoro C, Glaziou P, Yassibanda S, Lan NT, Bekondi C, Minssart P, Bernier C, Le Bouguéneq C, Germani Y: Chronic diarrhea, hemorrhagic colitis, and hemolytic-uremic syndrome associated with Hep-2 adherent *Escherichia coli* in adults infected with human immunodeficiency virus in Bangui, Central African Republic. *J Clin Microbiol* 2002; 40 (8): 3086–3088
11. Schubert S, Rakin A, Karch H, Carniel E, and Heesemann J: Prevalence of the „High-Pathogenicity Island“ of *Yersinia* among *Escherichia coli* strains that are pathogenic to humans. *Infect Immun* 1998; 66: 480–485
12. Karch H, Schubert S, Zhang D, Zhang W, Schmidt H, Ölschläger T, and Hacker J: A Genomic Island, Termed High-Pathogenicity Island, Is Present in Certain Non-O157 Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Clonal Lineages. *Infect Immun* 1999; 67: 5994–6001
13. Brzuszkiewicz E, Thürmer A, Schuldes J, Leimbach A, Liesegang H, Meyer FD, Boelter J, Petersen H, Gottschalk G, Daniel R: Genome sequence analyses of two isolates from the recent *Escherichia coli* outbreak in Germany reveal the emergence of a new pathotype: Enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EAHEC). *Arch Microbiol* 2011 Jul 21 (Epub ahead of print)
14. Cui Y, Qin J, Zhao X, Rohde H, Liang T, Wolters M, Li D, Campos CB, Christner M, Song Y, Yang R: Identification of the hybrid strain responsible for Germany food-poisoning outbreak by polymerase chain reaction. *J Clin Microbiol* 2011 Jul 13 (Epub ahead of print)
15. Mellmann A, Harmsen D, Dummings CA, Zentz EB, Leopold SR, Rico A, Prior K, Szczepanowski R, Ji Y, Zhang W, McLaughlin SF, Henkhaus JK, Leopold B, Bielaszewska M, Prager R, Brzoska PM, Moore RL, Guenther S, Rothberg JM, Karch H: Prospective Genomic Characterization of the German Enterohemorrhagic *Escherichia coli* O104:H4 Outbreak by Rapid Next Generation Sequencing Technology. *PLoS One* 2011; 6(7): e22751

Für diesen Bericht danken wir dem NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritisserreger sowie dem Fachgebiet für Bakterielle Infektionen, Abteilung 1/Infektionskrankheiten des RKI.

Als Ansprechpartnerinnen stehen Dr. Angelika Fruth (FruthA@rki.de) und Prof. Dr. Antje Flieger (FliegerA@rki.de) zur Verfügung.

Wir danken allen einsendenden Laboratorien und kooperierenden Landesbehörden.

Bekanntmachung des Bundesministeriums für Gesundheit (veröffentlicht am 2.8.2011 unter www.bund.de)
Förderung von Forschungsvorhaben in den Ressortforschungsbereichen Antibiotikaresistenz, Hygiene und Nosokomiale Infektionen

Aufbauend auf den Empfehlungen des Gemeinsamen Wissenschaftlichen Beirats (GWB) des Bundesministeriums für Gesundheit (BMG), der Deutschen Antibiotikaresistenzstrategie und in Anlehnung an die aktuellen Gesetzesänderungen beabsichtigt das BMG mit der vorliegenden Bekanntmachung die Förderung von Forschungsvorhaben in den nachstehend genannten vier Themenfeldern.

1. Förderung von Outcome-orientierten Interventionsstudien
2. Qualifizierung von Fachkräften
3. Förderung von Modellprojekten zur sektorübergreifenden Versorgung zur Vermeidung von Antibiotikaresistenzen und nosokomialen Infektionen
4. Weiterentwicklung der Qualitätssicherung

Die Projekte sollen im ersten Quartal 2012 starten. Insgesamt können Zuwendungen über einen Zeitraum von bis zu 36 Monaten gewährt werden. Da ein Eigeninteresse an dem Projekt vorausgesetzt wird, sollte ein Eigenanteil von mindestens 10 % eingebracht werden.

Anträge können ab sofort bis zum **30.9.2011** eingereicht werden.

Der Ausschreibungstext ist abrufbar unter:
<http://www.bundesgesundheitsministerium.de/ministerium/aufgaben-und-organisation/ausschreibungen/antibiotikaresistenz.html>.

Hinweise auf Veranstaltungen und Publikationen

2011 European Scientific Conference on Applied Infectious Disease Epidemiology (ESCAIDE)

Termin: 6. bis 8. November 2011

Veranstaltungsort: Stockholm, Schweden, Waterfront Congress Centre

Veranstalter: ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EPIET (European Programme for Intervention Epidemiology), EAN (EPIET Alumni Network), TEPHINET EUROPE (Training Programs in Epidemiology and Public Health Interventions NETWORK)

Themen:

- ▶ Enhancing health and health equality through vaccination programmes
- ▶ The Hospital as an infectious disease amplifier
- ▶ Parasitic infections of increasing relevance for Europe
- ▶ Infectious disease control in complex emergency situations

Konferenzsekretariat:

Media Consulta Event GmbH, Nadja Wöllner
 E-Mail: escaide2011@media-consulta.com
 Wassergasse 3, 10179 Berlin, Germany
 Tel.: +49. (0)30. 65 000 521, Fax: +49. (0)30. 65 000 190

Weitere Informationen: www.escaide.eu

6. Mainzer Hygiene- und Infektiologietag

Termin: 4. November 2011

Veranstaltungsort: Hilton Hotel Mainz

Veranstalter: Bioscientia Hygiene Akademie

Leitung: Dr. med. Georg-Christian Zinn

Themen:

- ▶ Die neuen Hygienegesetze – Bedeutung, praktische Umsetzung, Kosten
- ▶ Krankenhausreinigung, der unterschätzte Qualitätsindikator – Tipps und Kniffe zur Optimierung
- ▶ Sinn und Unsinn bei Mitarbeiteruntersuchungen bei MRSA
- ▶ MRSA-Netzwerke in Deutschland – was haben wir gelernt, was hat es bisher gebracht?
- ▶ Was machen die Holländer anders – MRSA aus der holländischen Perspektive, was können wir lernen?
- ▶ Umsetzung eines Antibiotikamanagementsystems im Krankenhaus – praktische Empfehlungen

Tagungsorganisation:

Jana Schwab
 Bioscientia Hygiene Akademie
 Konrad-Adenauer-Straße 17, 55218 Ingelheim
 Tel.: +49. (0)6132. 78 15 71
 Fax: +49. (0)6132. 78 19 571
 E-Mail: jana.schwab@bioscientia.de

Hinweis: Bei der Veranstaltung können 7 Punkte für das Fortbildungszertifikat der Landesärztekammer Rheinland-Pfalz erworben werden.

Weitere Informationen: www.bioscientia-hygiene.de

Neues von der Gesundheitsberichterstattung des Bundes (GBE)

GBE kompakt – Online-Publikationsreihe (www.rki.de/gbe-kompakt)

Die Septemberausgabe von GBE kompakt (6/2011) beschäftigt sich mit dem Obst- und Gemüsekonsum in Deutschland. Dabei wird unter anderem der Frage nachgegangen, ob die empfohlenen Verzehrsmengen in der Bevölkerung erreicht werden. Zur Beantwortung werden Daten der GEDA-Studie 2009 und der Ernährungsstudie als KiGGS-Modul herangezogen.

Zur thematischen Einbettung der empirischen Daten wird vorab die Evidenzlage des Zusammenhangs von Obst- und Gemüsekonsum mit ausgewählten chronischen Krankheiten beschrieben, eine Zusammenfassung über agrarstatistische Trends der Obst- und Gemüseverbräuche der vergangenen Jahre sowie ein Überblick über altersspezifische Verzehrsempfehlungen gegeben.

Obst und Gemüse sind bedeutende Quellen für die Versorgung des menschlichen Organismus mit Vitaminen, Mineral- und Ballaststoffen sowie sekundären Pflanzenstoffen. Sie weisen zumeist einen hohen Wasseranteil auf und beinhalten pro Volumeneinheit eine relativ geringe Anzahl an Kalorien. Zusammen mit den enthaltenen Ballaststoffen führt dies zu einer verhältnismäßig guten Sättigungswirkung bei vergleichsweise geringer Energieaufnahme. Ein hoher Anteil dieser pflanzlichen Kost in der täglichen Ernährung kann demnach eine übermäßige Aufnahme an ernährungsphysiologisch ungünstigeren Lebensmitteln vermeiden und somit zur Optimierung der Energie- und Nährstoffbilanz beitragen (DGE 2007).

GBE kompakt 6/2011 ist am 1.9.2011 erschienen.

Studie zur Gesundheit von Kindern und Jugendlichen in Deutschland (KiGGS Welle 1): Studienbezogene Presse- und Öffentlichkeitsarbeit



Seit Juni 2009 führt das Robert Koch-Institut die Datenerhebungen der „Studie zur Gesundheit von Kindern und Jugendlichen in Deutschland“ (KiGGS Welle 1) durch. Im *Epidemiologischen Bulletin* erscheinen regelmäßig Kurzbeiträge zu KiGGS Welle 1, die auch unter www.rki.de/kiggs abrufbar sind. Im Folgenden wird erläutert, wie die Durchführung von KiGGS Welle 1 durch eine studienbezogene Öffentlichkeitsarbeit unterstützt wird.

Die studienbezogene Presse- und Öffentlichkeitsarbeit erfolgt in enger Kooperation mit der Pressestelle des Robert Koch-Instituts und hat im Wesentlichen zwei Zielstellungen:

- ▶ der interessierten allgemeinen Öffentlichkeit und insbesondere der Fachöffentlichkeit Informationen über die Konzeption und den Nutzen der KiGGS-Studie zur Verfügung zu stellen und so die Bekanntheit und Akzeptanz der Studie zu erhöhen;
- ▶ in den Studienorten über die Fortsetzung der Studie zu informieren und so die eingeladenen Personen zur Teilnahme zu motivieren sowie die Akzeptanz und Bekanntheit der Studie bei wichtigen lokalen Institutionen und Akteuren zu erhöhen.

Realisiert werden diese Zielstellungen durch eine Vielzahl von Maßnahmen in unterschiedlichen Tätigkeitsschwerpunkten der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit:

Die **ortsbezogene Presse- und Öffentlichkeitsarbeit** konzentriert sich auf die lokalen Akteure und Institutionen in den Studienorten. Eine Vielzahl dieser Akteure ist an Informationen über die Fortsetzung der Studie interessiert, da die Basiserhebung bereits im Ort durchgeführt wurde und deshalb bekannt ist. Die Studie begleitend, d.h. kurz vor Beginn der Teilnehmereinladung, werden deshalb örtliche Bürgermeisterämter, Gesundheitsämter und Kinderarztpraxen mit Informationsschreiben über die Fortsetzungstudie und den im Ort bevorstehenden Befragungsbeginn unterrichtet. Weiterhin wird ein Presseverteiler aufgebaut. Die Redaktionen von Gemeinde-Amtsblättern und lokalen oder regionalen Tages- und Wochenzeitungen am Studienort erhalten jeweils vor Beginn der Teilnehmereinladung eine ortsbezogene Pressemitteilung und werden gebeten, einen Beitrag zur Studie zu veröffentlichen. Im besten Falle können die zur Studie eingeladenen Personen schon etwas in den lokalen Medien über die Studie erfahren, bevor sie ihre Einladung erhalten. Gerade für ersteingeladene Personen sind solche Informationen wichtig, da sie helfen, die Seriosität des Anliegens und der durchfüh-

den Institution einzuschätzen. Anzahl und Inhalte (Belegartikel) der Medienbeiträge werden möglichst vollständig dokumentiert. Zudem wird im Rahmen einer temporären Online-Zufriedenheitsbefragung bei einer Teilstichprobe der Probanden u. a. erfragt, aus welchen Medien sie Informationen zu KiGGS erhalten haben. Die Ergebnisse tragen dazu bei, die Presse- und Öffentlichkeitsarbeit in zukünftigen Wellen zu verbessern.

Die **fachbezogene Presse- und Öffentlichkeitsarbeit** wendet sich an die im Bereich Kindergesundheit tätigen Institutionen, Verbände und medizinischen, insbesondere pädiatrischen Fachgesellschaften. Sie umfasst die Unterrichtung der fachlichen Öffentlichkeit über die Fortsetzung der Studie sowie über die Konzeption und den geplanten Ablauf von Welle 1. Nach Abschluss der Datenerhebungen schließt sich die Verbreitung von Informationen zu den Studienergebnissen an (z. B. Symposium, Publikationen). Sowohl an ein fachliches Publikum als auch an eine allgemeine, an der Studie interessierte Öffentlichkeit richten sich Veröffentlichungen zu KiGGS, die im Rahmen der *Gesundheitsberichterstattung des Bundes (GBE)* erscheinen. In dieser Reihe ist unter anderem im Juli 2011 eine detaillierte Projektbeschreibung zu KiGGS Welle 1 erschienen, in der Ziele, Inhalte, zugrunde liegende Fragestellungen und Methoden beschrieben werden. Sie kann unter „www.rki.de > Gesundheitsberichterstattung und Epidemiologie > Gesundheitsberichte > Beiträge“ als pdf-Dokument heruntergeladen oder per E-Mail (gbe@rki.de) kostenlos bestellt werden.

Die **allgemeine Öffentlichkeitsarbeit** umfasst Maßnahmen, mittels derer Interessierte weitere Informationen zur Studie (Basiserhebung und Welle 1) erhalten können. Das studieneigene Internetangebot (www.kiggs.de) richtet sich – in jeweils eigenen Bereichen – an Kinder/Jugendliche, Eltern, Medien und Experten und wird kontinuierlich aktualisiert und ergänzt. Es können zudem Materialien (z. B. ein Eckdatenpapier mit wesentlichen, kurzgefassten Studieninformationen, die Kurzbeiträge im *Epidemiologischen Bulletin*, eine Literaturliste, verschiedene Fachpublikationen) abgerufen werden. Weitere Elemente der allgemeinen Öffentlichkeitsarbeit sind das von der KiGGS-Geschäftsstelle betreute und bundesweit gebührenfrei erreichbare Servicetelefon sowie das E-Mail-Postfach, an das sich Studienteilnehmer sowie interessierte Personen bei Nachfragen wenden können.

Bericht aus der Abteilung für Epidemiologie und Gesundheitsberichterstattung des Robert Koch-Instituts. Weitere **Informationen** unter www.kiggs.de. **Anfragen** zu KiGGS unter kiggsinfo@rki.de.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten Berichtsmonat: Juni 2011 (Datenstand: 1.9.2011)
Nichtnamentliche Meldungen des Nachweises ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern
 (Hinweise zu dieser Statistik s. *Epid. Bull.* 41/01: 311–314)

Land	Syphilis		HIV-Infektion			Malaria			Echinokokkose		Toxoplasm., konn.				
	2011	2010	2011	2010	2011	2010	2011	2010	2011	2010					
	Juni	Jan.–Juni	Juni	Jan.–Juni	Juni	Jan.–Juni	Juni	Jan.–Juni	Juni	Jan.–Juni	Juni	Jan.–Juni			
Baden-Württemberg	32	134	100	18	118	157	3	27	40	0	7	9	0	0	0
Bayern	43	213	208	33	213	179	7	40	30	2	20	13	0	0	0
Berlin	49	331	255	23	195	236	2	17	30	1	6	2	0	2	0
Brandenburg	1	22	30	0	21	30	0	3	4	0	2	0	1	2	0
Bremen	4	19	27	5	14	17	0	8	3	0	0	1	0	0	0
Hamburg	23	106	89	21	107	115	5	23	25	0	2	3	0	0	0
Hessen	32	171	90	18	122	120	3	23	26	1	8	4	0	0	2
Mecklenburg-Vorpommern	3	20	15	1	13	13	0	5	1	0	1	1	0	0	0
Niedersachsen	21	128	116	9	84	96	1	9	15	0	2	0	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	74	450	358	58	365	331	7	54	49	1	15	13	1	1	1
Rheinland-Pfalz	5	31	40	8	39	39	4	13	15	0	5	3	0	0	0
Saarland	4	18	24	3	16	19	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Sachsen	9	68	61	11	43	50	1	10	2	0	1	1	0	1	0
Sachsen-Anhalt	4	20	15	5	25	16	0	0	1	0	0	3	0	0	1
Schleswig-Holstein	5	35	33	2	48	45	3	8	5	0	1	1	0	1	0
Thüringen	1	18	35	1	9	12	0	0	3	0	0	2	0	0	0
Deutschland	310	1.784	1.496	216	1.433	1.475	36	240	249	5	70	57	2	7	4

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

32. Woche 2011 (Datenstand: 31.8.2011)

Land	Darmkrankheiten														
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Erkr. durch sonstige darpthogene E. coli			Salmonellose			Shigellose		
	2011		2010	2011		2010	2011		2010	2011		2010	2011		2010
	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.
Baden-Württemberg	157	3.767	3.661	4	231	44	9	198	152	65	1.324	1.519	2	55	37
Bayern	216	4.675	3.836	8	348	107	20	600	444	83	1.973	1.899	2	67	44
Berlin	85	2.015	1.710	1	88	21	12	351	66	9	435	535	4	69	46
Brandenburg	68	1.450	1.186	0	54	12	11	213	162	11	438	522	0	6	4
Bremen	13	288	268	0	45	3	0	4	13	4	79	57	0	5	2
Hamburg	56	1.475	1.189	2	545	13	0	122	23	9	262	249	1	29	19
Hessen	127	2.672	2.673	0	125	11	4	108	53	53	787	904	3	39	35
Mecklenburg-Vorpommern	76	1.593	1.163	3	154	4	15	305	172	12	492	412	0	2	5
Niedersachsen	161	3.644	3.618	2	727	92	24	417	359	53	1.327	1.489	0	11	12
Nordrhein-Westfalen	511	10.366	10.152	18	595	97	28	949	580	109	3.026	3.119	2	40	41
Rheinland-Pfalz	174	2.454	2.126	3	113	59	9	152	136	21	754	779	2	22	14
Saarland	9	663	760	0	13	5	0	34	16	3	183	186	0	2	3
Sachsen	178	3.645	3.333	1	108	32	18	457	362	36	940	1.302	0	29	17
Sachsen-Anhalt	44	1.081	822	1	57	17	13	350	272	19	711	722	0	9	4
Schleswig-Holstein	88	1.854	1.505	6	896	12	2	81	38	24	408	377	1	6	3
Thüringen	54	1.206	1.001	3	77	11	5	357	407	15	723	780	2	6	7
Deutschland	2.017	42.848	39.003	52	4.176	540	170	4.698	3.255	526	13.862	14.851	19	397	293

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung ⁺			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2011		2010	2011		2010	2011		2010	2011		2010	2011		2010
	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.
Baden-Württemberg	2	103	85	44	6.558	10.187	20	3.653	3.542	7	347	327	1	28	18
Bayern	3	242	234	81	9.439	17.341	20	5.862	5.983	12	477	390	0	34	38
Berlin	1	42	51	15	2.642	3.315	7	1.329	1.965	3	265	218	1	43	39
Brandenburg	1	57	68	20	3.016	4.679	5	2.640	3.076	0	47	54	0	12	19
Bremen	1	13	17	5	492	775	1	266	332	0	11	17	0	2	2
Hamburg	1	52	43	15	2.361	2.286	8	1.074	1.162	3	91	72	1	9	12
Hessen	8	118	127	37	3.282	6.310	4	2.160	2.211	7	194	162	1	40	38
Mecklenburg-Vorpommern	1	42	37	38	2.997	4.548	11	3.004	2.019	6	114	83	2	20	16
Niedersachsen	9	213	188	43	5.925	11.231	21	3.492	4.301	2	102	117	2	37	58
Nordrhein-Westfalen	17	421	469	99	16.144	24.114	32	7.377	7.804	9	434	387	3	76	89
Rheinland-Pfalz	6	125	135	26	4.197	6.318	13	1.603	2.460	3	118	106	2	23	15
Saarland	1	15	19	6	1.080	1.570	0	379	628	1	13	16	0	0	0
Sachsen	9	244	261	59	7.151	10.889	36	9.106	4.304	7	170	217	3	42	61
Sachsen-Anhalt	3	118	111	47	4.045	7.237	10	2.865	2.545	1	55	49	2	14	10
Schleswig-Holstein	3	85	62	13	2.942	2.962	3	1.244	1.305	1	43	48	0	2	3
Thüringen	2	163	161	49	3.723	6.380	12	2.929	2.921	1	29	49	1	9	29
Deutschland	68	2.053	2.068	597	75.994	120.142	203	48.983	46.558	63	2.510	2.312	19	391	447

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-labor diagnostisch 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

32. Woche 2011 (Datenstand: 31.8.2011)

Land	Virushepatitis								
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺		
	2011		2010	2011		2010	2011		2010
	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.
Baden-Württemberg	0	32	37	1	29	41	8	450	535
Bayern	1	41	65	2	63	61	28	691	754
Berlin	6	46	30	0	47	40	8	368	393
Brandenburg	0	13	12	0	11	11	0	53	44
Bremen	0	10	4	0	7	1	0	13	19
Hamburg	1	58	19	1	20	18	1	79	87
Hessen	1	20	24	1	45	44	5	192	186
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	3	0	4	11	1	20	39
Niedersachsen	1	48	36	1	33	20	6	183	193
Nordrhein-Westfalen	2	73	78	1	98	113	7	374	447
Rheinland-Pfalz	1	13	31	0	37	45	4	137	171
Saarland	0	6	15	0	12	7	0	40	52
Sachsen	1	12	2	1	27	18	10	154	183
Sachsen-Anhalt	0	11	15	0	18	18	2	93	65
Schleswig-Holstein	0	6	8	0	13	15	2	103	84
Thüringen	0	12	12	0	8	7	2	67	76
Deutschland	14	403	391	8	472	470	84	3.017	3.328

Land	Weitere Krankheiten								
	Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Masern			Tuberkulose		
	2011		2010	2011		2010	2011		2010
	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.	32.	1.–32.	1.–32.
Baden-Württemberg	0	23	26	0	522	98	5	334	351
Bayern	0	30	37	2	404	119	11	384	435
Berlin	2	20	19	5	151	75	9	188	181
Brandenburg	0	8	5	0	26	12	1	50	64
Bremen	0	1	1	0	1	1	4	39	22
Hamburg	0	3	3	0	39	14	6	99	114
Hessen	0	20	14	4	118	25	11	312	245
Mecklenburg-Vorpommern	0	3	2	0	3	0	0	49	25
Niedersachsen	0	19	24	0	52	12	5	188	175
Nordrhein-Westfalen	0	57	66	2	100	150	15	666	689
Rheinland-Pfalz	1	24	12	0	27	21	3	135	102
Saarland	0	2	3	0	31	1	0	26	36
Sachsen	0	10	12	0	23	3	0	69	111
Sachsen-Anhalt	0	3	6	0	0	2	0	70	100
Schleswig-Holstein	0	12	4	0	18	6	0	37	60
Thüringen	0	9	8	0	0	1	1	48	59
Deutschland	3	244	242	13	1.515	540	71	2.694	2.769

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

32. Woche 2011 (Datenstand: 31.8.2011)

Krankheit	2011	2011	2010	2010
	32. Woche	1.–32. Woche	1.–32. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	5	224	318	489
Brucellose	1	11	11	22
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	1	71	76	128
Dengue-Fieber	1	163	272	595
FSME	13	241	166	260
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	5	826	37	65
Hantavirus-Erkrankung	2	88	1.626	2.017
Hepatitis D	0	9	6	10
Hepatitis E	0	149	127	221
Influenza	1	43.598	2.976	3.468
Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae	0	156	114	211
Legionellose	16	328	378	690
Leptospirose	0	20	33	70
Listeriose	5	175	233	390
Ornithose	0	10	16	25
Paratyphus	1	31	36	57
Q-Fieber	3	248	161	361
Trichinellose	0	1	2	3
Tularämie	0	10	15	31
Typhus abdominalis	2	35	45	71

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

Infektionsgeschehen von besonderer Bedeutung

Ausbruch von Infektionen mit Katzenleberegel durch Verzehr von rohem Fisch, Mittelitalien

In **Mittelitalien** findet aktuell ein größerer Ausbruch von Infektionen mit Katzenleberegel (Spezies *Opisthorchis felineus*) statt. Bislang gelten nach Angaben italienischer Behörden 12 Patienten als bestätigt infiziert, weitere 35–40 als wahrscheinliche Fallpersonen. Als Infektionsquelle wurden marinierte Schleie-Filets (eine Art von Weißfisch) identifiziert: Alle hatten diese zwischen dem 20. und 30. Juli 2011 in einem Restaurant im Dorf Gradoli nahe dem Bolsenasee (ca. 90 km nördlich von Rom) roh verzehrt. Dieses Dorf wird offenbar auch von vielen Deutschen im Urlaub besucht, die somit möglicherweise ebenfalls exponiert waren.

Infektionen mit *Opisthorchis felineus* (Opisthorchiasis) laufen entweder asymptomatisch ab oder es kommt zu unspezifischen Symptomen wie Fieber, Bauchschmerzen, Kopfschmerzen, Schwächegefühl, Gelenkschmerzen oder Durchfall. Die Inkubationszeit beträgt 2–4 Wochen. Unbehandelt kann die Infektion mittel- und langfristig zu Gallen- und Lebererkrankungen führen.

Opisthorchiasis sollte bei Personen vermutet werden, die im Juli 2011 im Dorf Gradoli, ca. 2,5 km entfernt vom Bolsenasee, rohen marinierten Süßwasserfisch im Restaurant „Giggetto“ gegessen haben und bei denen Eosinophilie und erhöhte Leberenzym-Werte festgestellt werden. Eine Untersuchung sollte durch parasitologisch erfahrene Labore erfolgen; eine Therapie kann mit Albendazol oder Praziquantel erfolgen.

Schon 2003, 2005, 2007 und 2010 gab es durch roh verzehrte Schleie aus Seen Mittelitaliens (Bolsenasee, Trasimenischer See und Braccianosee) verursachte Ausbrüche von Katzenleberegel-Infektionen – zum Teil auch in anderen Regionen Italiens, in denen die Fische gehandelt wurden. Die Zoonose ist in Seen Mittelitaliens als endemisch anzusehen. Das Durcherhitzen potenziell befallener Fische bei der Zubereitung verhindert die Übertragung.

Literatur

1. Armignacco O, Caterini L, Marucci G, et al.: Human Illnesses Caused by *Opisthorchis felineus* Flukes, Italy. Emerg Infect Dis 2008; 14: 1902–1905
2. DeLiberato C, Scaramozzino R, Brozzi A: Investigation on *Opisthorchis felineus* occurrence and life cycle in Italy. Vet Parasitol 2011; 177: 67–71

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 Abonnentenservice

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 allgemeiner 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 **aktuelle** Ausgabe des *Epidemiologischen Bulletins* kann über die **Fax-Abbruffunktion** unter 030.18754-2265 abgerufen werden. Die Ausgaben ab 1997 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de > Infektionsschutz > Epidemiologisches Bulletin.

Druck

Brandenburgische Universitätsdruckerei und Verlagsgesellschaft Potsdam mbH

Nachdruck

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

ISSN 1430-0265 (Druck)

ISSN 1430-1172 (Fax)

PVKZ A-14273