



Epidemiologisches Bulletin

5. April 2018 / Nr. 14

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*

Das Bakterium *Clostridium difficile* (neue Taxonomie *Clostridioides difficile*¹) ist ein obligat anaerober, grampositiver sporenbildender Durchfallerreger. Neben leichten klinischen Verläufen kann es auch schwerwiegende Infektionen wie die pseudomembranöse Kolitis oder das toxische Megakolon verursachen.

Die molekulare Epidemiologie in Deutschland befindet sich stets im Wandel, unter anderem auch dadurch bedingt, dass neue *C. difficile*-Stämme aus dem Ausland jederzeit eingebracht werden können wie der aus Nordamerika stammende virulente Ribotyp 027 (RT027).² Der RT027 wurde erstmalig im Jahr 2007 in Deutschland beschrieben.³ Die Prävalenz dieses Stammes in Deutschland ist je nach Zeitpunkt, Region und Krankenhaus unterschiedlich hoch und beträgt Studien zufolge zwischen 5,3 % und 33,5%.^{4,5}

Hauptfaktor einer *C. difficile* assoziierten Infektion (CDI) ist eine Dysbiose des Darms, normalerweise ausgelöst durch eine vorausgegangene Antibiotikabehandlung. Die sogenannten „4C“-Antibiotika (Cephalosporine, Clindamycin, Fluorchinolone und Aminopenicilline mit Betalaktamase-Inhibitoren wie z. B. Amoxicillin/Clavulansäure) sind mit dem höchsten Risiko einer Infektion behaftet. Prinzipiell kann jedoch jedes Antibiotikum eine CDI verursachen. Resistenzen von *C. difficile* gegen verschiedene Antibiotika wie z. B. Fluorchinolone (z. B. Moxifloxacin) und Makrolide (z. B. Erythromycin oder Clarithromycin) tragen mutmaßlich als entscheidende Selektionsfaktoren zur Verbreitung und Krankheitsentstehung bei.⁶ In Sachsen-Anhalt wurde kürzlich die Selektion Rifampicin-resistenter RT027-Stämme insbesondere bei orthopädischen Patienten beschrieben.⁷ Bisher gilt der Gebrauch der Substanz eher als protektiv gegenüber einer CDI.⁷

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 2.337 schwere Verlaufsformen einer CDI dem Robert Koch-Institut (RKI) gemeldet. Gemäß den Referenzdaten des KISS-Moduls CDAD-KISS (CDAD – *C. difficile* assoziierte Diarrhö) des Nationalen Referenzentrums für Surveillance von nosokomialen Infektionen betrug die Gesamtprävalenz an CDI pro 100 Patienten 0,42 und die Inzidenzdichte 0,36 CDI-Fälle pro 1.000 Patiententage im (gepoolten) arithmetischen Mittel für das Jahr 2016 (www.nrz-hygiene.de/fileadmin/nrz/module/cdad/CDAD_Referenzdaten_2016_DE.pdf).

Insbesondere durch seine Fähigkeit zur Sporenbildung stellt *C. difficile* eine Herausforderung für die Umsetzung der Anforderungen der Krankenhaushygiene dar, da sich *C. difficile* sehr lange auf Oberflächen halten kann und nur schwer zu eliminieren ist. Im Krankenhausumfeld und anderen Einrichtungen des Gesundheitswesens, aber auch Alten- und Pflegeheimen kann es immer wieder zu Ausbrüchen oftmals mit virulenteren Stämmen wie dem RT027 kommen. Möglicherweise spielen hierbei auch weitreichende Resistenzen eine Rolle, die eine Verbreitung vereinfachen, da diese Stämme u. a. mit Resistenzen gegenüber Fluorchinolonen und Makroliden assoziiert sind.⁸

Diese Woche 14/2018

[Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium \(Clostridioides\) difficile*](#)

[Zum Auftreten bakterieller Superinfektionen mit PVL-bildenden *Staphylococcus aureus* nach Influenza-B-Infektion](#)

[Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen Januar 2018](#)

[Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 11. Woche 2018](#)

[Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 13. KW 2018](#)



Ribotypen von Stämmen mit großer epidemiologischer Bedeutung (Verursacher tendenziell schwererer Verläufe und/oder Ausbruchsgeschehen) sind z. B. RT001,⁹ RT015,¹⁰ RT017,⁹ RT018,¹¹ RT046,¹² RT078,¹³ RT106,¹⁴ RT176,¹⁵ sowie RT244.¹⁶ Prinzipiell kann aber jeder toxigene Ribotyp zu einer schweren Infektion führen.

Zur Erkennung eines Ausbruchsgeschehens ist eine aktive Surveillance (www.rki.de/antibiotikaresistenz > Übersichtsbeiträge) für jedes Krankenhaus getrennt nach Stationen notwendig. Besonders relevant sind dabei Häufungen auf Hochrisikostationen (z. B. Hämatonkologie). Bei einer signifikanten Häufung und bei möglichen Übertragungen sollten spezifische Hygienemaßnahmen implementiert werden. Eine einheitliche Definition, ab wann von einer Häufung ausgegangen werden kann, existiert bisher nicht. Zur besseren Abschätzung kann ein Vergleich zu den CDAD-KISS-Daten herangezogen werden. Ein weiterer wichtiger Aspekt zur Prävention von CDI ist der rationale Antibiotikaeinsatz (*Antibiotic Stewardship*, ABS), bei dem durch Vermeidung bzw. Verkürzung des Antibiotikaeinsatzes oder die Auswahl von Antibiotika mit niedrigerem CDI-Risiko die Entstehung einer CDI vorgebeugt werden kann.⁷ Ein besonders eindrückliches Beispiel ist ein in Schottland durchgeführtes Maßnahmenpaket, im Sinne des ABS, das zu einer Reduktion der CDI-Rate (bezogen auf Fälle pro 100.000 Einwohnerstage) um 45% im ambulanten und 68% im stationären Sektor (bezogen auf Fälle pro 1.000 Patiententage) führte.¹⁷ Insbesondere wurde eine Verdrängung der virulenten, multi-resistenten Ribotypen RT027 und RT001 durch andere, potenziell weniger virulente Ribotypen beobachtet.

Im Ausbruchsfall, d. h. bei wahrscheinlichen Übertragungen, sowohl zwischen Patienten und medizinischem Personal, als auch indirekt über das Krankenhausumfeld (z. B. kontaminierte Oberflächen) ist es wichtig, die Erreger zu typisieren. Hierdurch können einerseits epidemiologische Zusammenhänge (bei gleichen Typisierungsergebnissen von Isolaten unterschiedlicher Patienten) aufgeklärt bzw. bei unterschiedlichen Typisierungsergebnissen ausgeschlossen werden und damit auch die Wirksamkeit der krankenhaushygienischen Maßnahmen evaluiert werden. Andererseits ermöglicht die Typisierung das Verstehen der Epidemiologie der Erreger und durch sie verursachten Krankheiten, d. h. die Ausbreitung einzelner Erregerformen und Effekte von Präventionsstrategien z. B. im Rahmen eines ABS können so sichtbar gemacht werden. Hierfür können auch Rückstellproben (Erstuntersuchungen von durchgängigen Stühlen) als Alternative zu Isolaten sehr hilfreich sein. Die Anzucht von *C. difficile* aus den Rückstellproben ist über viele Monate noch möglich, unabhängig von der Lagerung.¹⁸ Die Standarduntersuchung für die initiale Typisierung ist in Europa noch die Ribotypisierung, wobei es bei einer Häufung desselben Ribotyps notwendig ist, eine Subtypisierung mit einer besonders diskriminativen Methode anzuschließen. Hierfür stehen die *Multiple-locus variable-number tandem repeat analysis* (MLVA) oder die Ganzgenomsequenzierung al-

len Kliniken und Gesundheitseinrichtungen über das Nationale Referenzzentrum für *Clostridium difficile* (NRZ für *C. difficile*) zur Verfügung.

Seit 2015 wurden am damaligen Konsiliarlabor für *Clostridium difficile* bzw. seit 2017 am neuberufenen NRZ für *Clostridium difficile* 16 Ausbrüche untersucht. In der Mehrzahl der Fälle waren hierbei RT027- und RT001-Stämme beteiligt. Nicht in jedem Fall konnte der vermutete Ausbruch bestätigt werden, was die Bedeutung der Typisierung und der vorausgehenden Asservierung von Isolaten/Rückstellproben bei einem Ausbruchsverdacht unterstreicht. Neben der molekularen Typisierung sollte bei Ausbruchsverdacht auch eine phänotypische Resistenztestung durchgeführt werden. Diese ist wichtig um zum einen die Wirksamkeit der zur Therapie eingesetzten Antibiotika (i. d. R. Metronidazol und Vancomycin) als auch antimikrobielle Selektionsfaktoren zu eruieren (z. B. Resistenzen gegenüber Rifampicin, Clarithromycin und Moxifloxacin), die bei der Krankheitsentstehung und Ausbreitung von *C. difficile* eine Rolle spielen können.

Die Etablierung eines NRZ für *C. difficile* im September 2017 soll dazu beitragen, die Epidemiologie von *C. difficile* national, im europäischen Kontext aber auch lokal in den einzelnen betroffenen Einrichtungen des Gesundheitswesens besser zu verstehen. Deshalb wird eine kostenfreie Typisierung bei Ausbruchsverdacht angeboten, vorausgesetzt es wurden Isolate/Rückstellproben von CDI gesammelt, die in räumlichen und zeitlichen Zusammenhang aufgetreten und dem öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) als nosokomialer Ausbruch gemäß § 6 Absatz 3 Infektionsschutzgesetz (IfSG) gemeldet wurden. Außerdem bietet das NRZ für *C. difficile* an, Isolate von schwerer, gemeldeter CDI (nach § 6 Absatz 1 IfSG) kostenlos zu typisieren. Die Einrichtungen des ÖGD werden gebeten, die betroffenen Kliniken auf dieses Angebot hinzuweisen.

Literatur

1. Lawson PA, Citron DM, Tyrrell KL, Finegold SM: Reclassification of *Clostridium difficile* as *Clostridioides difficile* (Hall and O'Toole 1935) *Prevot* 1938. *Anaerobe* 2016;40:95–99
2. He M, Miyajima F, Roberts P, Ellison L et al.: Emergence and global spread of epidemic healthcare-associated *Clostridium difficile*. *Nat Genet* 2013;45(1):109–113
3. Kleinkauf N, Weiss B, Jansen A et al.: Confirmed cases and report of clusters of severe infections due to *Clostridium difficile* PCR ribotype 027 in Germany. *Euro Surveill* 2007;12(11):E071115 071112
4. von Müller L, Mock M, Halfmann A et al.: Epidemiology of *Clostridium difficile* in Germany based on a single center long-term surveillance and German-wide genotyping of recent isolates provided to the advisory laboratory for diagnostic reasons. *Int J Med Microbiol* 2015;305(7):807–813
5. Arvand M, Bettge-Weller G: *Clostridium difficile* ribotype 027 is not evenly distributed in Hesse, Germany. *Anaerobe*. 2016;40:1–4
6. Freeman J, Bauer MP, Baines SD et al.: The changing epidemiology of *Clostridium difficile* infections. *Clin Microbiol Rev* 2010;23(3):529–549
7. Färber J, Illiger S, Berger F et al.: Management of a cluster of *Clostridium difficile* infections among patients with osteoarticular infections. *Antimicrobial Resistance & Infection Control* 2017;6(1):22

8. Freeman J, Vernon J, Pilling S, Morris K, Nicholson S, Shearman S, Longshaw C, Wilcox MH, Pan-European longitudinal surveillance of antibiotic resistance among prevalent *Clostridium difficile* ribotypes study g: The ClosER study: results from a three-year pan-European longitudinal surveillance of antibiotic resistance among prevalent *Clostridium difficile* ribotypes, 2011–2014. *Clin Microbiol Infect* 2017. pii: S1198743X(17)30570-0. doi: 10.1016/j.cmi.2017.10.008
9. Arvand M, Hauri AM, Zaiss NH, Witte W, Bettge-Weller G: *Clostridium difficile* ribotypes 001, 017, and 027 are associated with lethal *C. difficile* infection in Hesse, Germany. *Euro Surveill* 2009;14(45)
10. Bauer MP, Notermans DW, van Benthem BH et al.: *Clostridium difficile* infection in Europe: a hospital-based survey. *Lancet* 2011;377(9759):63–73
11. Baldan R, Trovato A, Bianchini V et al.: *Clostridium difficile* PCR ribotype 018, a successful epidemic genotype. *J Clin Microbiol* 2015;53(8):2575–2580
12. Obuch-Woszczatynski P, Dubiel G, Harmanus C et al.: Emergence of *Clostridium difficile* infection in tuberculosis patients due to a highly rifampicin-resistant PCR ribotype 046 clone in Poland. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2013;32(8):1027–1030
13. Goorhuis A, Bakker D, Corver J et al.: Emergence of *Clostridium difficile* infection due to a new hypervirulent strain, polymerase chain reaction ribotype 078. *Clin Infect Dis* 2008;47(9):1162–1170
14. Ratnayake L, McEwen J, Henderson N et al.: Control of an outbreak of diarrhoea in a vascular surgery unit caused by a high-level clindamycin-resistant *Clostridium difficile* PCR ribotype 106. *J Hosp Infect* 2011;79(3):242–247
15. Nyc O, Pituch H, Matejkova J, Obuch-Woszczatynski P, Kuijper EJ: *Clostridium difficile* PCR ribotype 176 in the Czech Republic and Poland. *Lancet* 2011;377(9775):1407
16. Lim SK, Stuart RL, Mackin KE et al.: Emergence of a ribotype 244 strain of *Clostridium difficile* associated with severe disease and related to the epidemic ribotype 027 strain. *Clin Infect Dis* 2014;58(12):1723–1730
17. Lawes T, Lopez-Lozano JM, Nebot CA et al.: Effect of a national 4C antibiotic stewardship intervention on the clinical and molecular epidemiology of *Clostridium difficile* infections in a region of Scotland: a non-linear time-series analysis. *Lancet Infect Dis* 2017;17(2):194–206
18. Becker SL, Chatigre JK, Coulibaly JT et al.: Molecular and culture-based diagnosis of *Clostridium difficile* isolates from Cote d'Ivoire after prolonged storage at disrupted cold chain conditions. *Trans R Soc Trop Med Hyg* 2015;109(10):660–668

■ *Dr. Fabian Berger | **Prof. Alexander Mellmann | ***Prof. Lutz von Müller | †Prof. Barbara Gärtner
 * Nationales Referenzzentrum für *Clostridium difficile*
 ** Universitätsklinikum Münster, Institut für Hygiene
 *** Christophorus-Kliniken Cosfeld, Institut für Labormedizin, Mikrobiologie und Hygiene

Korrespondenz: fabian.berger@uks.eu

■ Vorgeschlagene Zitierweise:
 Berger F, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*.
Epid Bull 2018;14:137–139 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-017

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten		Berichtsmonat: Januar 2018 (Datenstand: 1. April 2018)									
Nichtnamentliche Meldungen des Nachweises ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern		(Hinweise zu dieser Statistik s. <i>Epid. Bull.</i> 41/01: 311–314)									
	Syphilis		HIV-Infektion*		Malaria		Echinokokkose		Toxoplasm., konn.		
	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	
Land	Januar		Januar		Januar		Januar		Januar		
Baden-Württemberg	62	61	–	–	9	13	4	1	0	0	
Bayern	89	87	–	–	16	13	4	1	0	0	
Berlin	111	127	–	–	8	6	0	0	0	0	
Brandenburg	10	5	–	–	0	0	0	0	0	0	
Bremen	5	1	–	–	0	3	0	0	0	0	
Hamburg	40	35	–	–	11	8	3	0	0	0	
Hessen	42	49	–	–	4	8	1	0	0	0	
Mecklenburg-Vorpommern	8	6	–	–	0	1	0	0	0	0	
Niedersachsen	40	37	–	–	2	5	0	0	0	0	
Nordrhein-Westfalen	139	189	–	–	16	14	2	2	0	0	
Rheinland-Pfalz	22	18	–	–	6	2	0	0	0	0	
Saarland	7	7	–	–	1	0	0	0	0	0	
Sachsen	23	26	–	–	2	2	0	0	0	0	
Sachsen-Anhalt	6	19	–	–	0	1	0	0	0	0	
Schleswig-Holstein	8	13	–	–	1	1	1	0	0	0	
Thüringen	12	10	–	–	0	0	0	0	0	0	
Deutschland	624	690	–	–	76	77	15	4	0	0	

*Aufgrund der Umstellung der Datenbank stehen derzeit keine Daten zu HIV-Infektionen zur Verfügung.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

11. Woche 2018 (Datenstand: 4. April 2018)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.
Baden-Württemberg	71	1.043	895	4	39	29	12	166	132	0	12	7
Bayern	95	1.306	1.190	4	43	52	36	266	242	0	4	7
Berlin	37	408	387	1	22	22	8	52	79	0	19	6
Brandenburg	19	256	291	0	12	14	8	52	77	0	2	1
Bremen	10	87	67	0	6	4	0	9	13	0	0	2
Hamburg	10	261	253	0	5	11	3	50	44	1	5	8
Hessen	52	790	649	0	11	9	8	123	91	1	14	5
Mecklenburg-Vorpommern	22	250	221	0	5	13	3	58	53	0	1	0
Niedersachsen	61	875	769	5	39	57	14	226	175	0	2	1
Nordrhein-Westfalen	148	2.803	3.243	2	41	63	14	390	367	1	6	13
Rheinland-Pfalz	48	578	597	3	16	27	3	124	85	1	4	3
Saarland	8	202	208	0	4	0	0	11	19	0	0	0
Sachsen	64	783	712	4	35	31	5	148	112	0	8	6
Sachsen-Anhalt	21	244	233	2	28	19	14	104	70	0	0	0
Schleswig-Holstein	23	286	332	1	10	19	6	40	65	0	0	0
Thüringen	26	349	329	0	13	10	12	102	83	0	2	3
Deutschland	715	10.522	10.377	26	329	381	146	1.921	1.707	4	79	62

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Gastroenteritis ⁺			Rotavirus-Gastroenteritis			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.
Baden-Württemberg	5	22	24	156	1.612	3.237	33	182	642	7	61	71	1	5	4
Bayern	3	50	78	230	3.611	4.022	41	325	1.490	9	114	109	0	8	19
Berlin	2	15	18	87	1.605	1.492	62	319	502	10	83	85	2	20	24
Brandenburg	1	23	25	80	1.280	1.270	48	365	823	3	15	27	0	4	11
Bremen	0	0	6	14	206	87	8	42	74	0	7	9	0	1	1
Hamburg	0	5	8	25	644	588	12	126	454	0	26	33	0	8	10
Hessen	2	38	22	119	1.281	1.609	22	179	539	2	44	35	2	15	23
Mecklenburg-Vorpommern	1	19	14	119	1.553	1.207	29	248	312	1	19	17	2	21	18
Niedersachsen	4	41	48	183	2.487	2.205	27	249	762	5	23	42	0	20	10
Nordrhein-Westfalen	8	81	99	421	5.782	8.284	75	612	1.388	6	84	116	2	34	28
Rheinland-Pfalz	2	27	18	118	1.346	2.597	7	132	251	4	27	25	1	1	4
Saarland	0	5	0	14	386	774	1	14	169	0	3	3	0	2	1
Sachsen	4	100	88	170	2.762	2.737	224	1.333	1.269	6	53	53	4	13	12
Sachsen-Anhalt	0	27	37	111	1.684	1.494	56	447	527	1	14	33	3	16	12
Schleswig-Holstein	0	9	11	62	928	833	13	125	332	1	12	15	0	2	3
Thüringen	4	59	46	141	1.523	1.665	128	708	560	3	15	11	0	3	6
Deutschland	36	521	542	2.052	28.697	34.106	786	5.407	10.096	58	600	684	17	173	186

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die die Referenzdefinition erfüllen, in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. <http://www.rki.de> > Infektionsschutz > Infektionsschutzgesetz > Falldefinitionen sowie im *Epidemiologischen Bulletin* 6/2015), **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr**, **3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen, jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

11. Woche 2018 (Datenstand: 4. April 2018)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Meningokokken, invasive Infektion			Tuberkulose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.
Baden-Württemberg	1	18	12	17	158	106	11	176	133	0	15	13	18	153	186
Bayern	0	22	25	19	301	197	20	253	205	1	14	13	16	153	182
Berlin	0	16	64	8	39	28	3	64	51	1	4	4	7	87	90
Brandenburg	1	7	6	0	12	20	1	21	8	0	4	4	2	35	37
Bremen	0	2	1	0	2	1	0	8	0	0	0	1	2	12	5
Hamburg	0	2	6	2	11	11	1	30	31	0	5	0	3	44	41
Hessen	1	19	27	14	106	83	10	124	73	0	7	9	11	126	132
Mecklenburg-Vorpommern	1	2	3	1	7	13	0	3	8	0	2	2	1	18	24
Niedersachsen	2	13	20	5	40	18	12	83	68	0	5	6	9	73	63
Nordrhein-Westfalen	9	74	52	17	131	59	16	261	182	4	24	10	26	239	262
Rheinland-Pfalz	0	8	10	5	56	28	6	39	43	0	6	5	7	51	58
Saarland	0	3	5	0	2	4	1	3	4	0	0	1	0	12	11
Sachsen	0	1	10	1	32	82	0	32	39	1	7	5	1	24	46
Sachsen-Anhalt	0	3	7	1	11	4	2	21	14	0	2	1	3	22	24
Schleswig-Holstein	0	3	4	3	28	22	1	54	56	1	5	2	2	25	44
Thüringen	0	3	2	1	3	1	4	21	10	0	1	0	0	15	30
Deutschland	15	196	254	94	939	678	88	1.193	925	8	101	76	108	1.090	1.235

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.	11.	1.–11.	1.–11.
Baden-Württemberg	1	12	34	1	13	18	0	0	0	8	201	350	67	1.068	946
Bayern	0	18	13	2	44	43	0	0	0	85	932	851	129	1.203	1.506
Berlin	0	8	34	0	4	6	0	0	0	4	121	261	33	354	501
Brandenburg	0	2	1	0	2	5	0	0	0	22	170	240	11	118	197
Bremen	0	0	1	0	1	1	0	0	0	3	15	32	8	60	186
Hamburg	0	4	4	0	1	5	0	0	0	4	94	178	4	114	115
Hessen	1	7	53	0	11	21	0	0	0	18	259	288	20	280	322
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	4	0	0	0	6	100	157	4	46	45
Niedersachsen	0	3	2	0	12	18	0	0	1	29	230	237	27	423	362
Nordrhein-Westfalen	4	24	125	5	25	53	1	3	3	37	513	758	76	923	1.167
Rheinland-Pfalz	0	0	5	1	8	5	0	0	1	10	169	186	17	155	182
Saarland	0	0	1	2	2	1	0	0	0	1	59	24	0	20	20
Sachsen	1	4	54	0	2	3	0	0	1	19	213	176	36	554	398
Sachsen-Anhalt	0	1	1	0	0	3	0	0	0	38	335	105	8	88	106
Schleswig-Holstein	0	1	5	0	7	7	0	0	0	13	142	96	8	174	195
Thüringen	0	0	4	0	1	3	0	0	0	21	285	214	11	144	120
Deutschland	7	84	337	11	134	196	1	3	6	318	3.839	4.154	459	5.725	6.368

* Es werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Gastroenteritis in der Statistik ausgewiesen.

Allgemeiner Hinweis: LK Prignitz, LK Teltow-Fläming und das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

11. Woche 2018 (Datenstand: 4. April 2018)

Krankheit	2018	2018	2017	2017
	11. Woche	1.–11. Woche	1.–11. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	0	139	132	717
Brucellose	0	7	4	41
Chikungunyavirus-Erkrankung	1	6	7	33
<i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	63	626	659	2.805
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	3	14	72
Denguefieber	6	79	101	635
FSME	1	3	4	485
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	4	23	95
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	25	272	229	811
Hantavirus-Erkrankung	2	53	156	1.728
Hepatitis D	0	11	3	33
Hepatitis E	55	690	468	2.943
Influenza	38.671	219.421	90.968	95.952
Legionellose	17	197	146	1.281
Leptospirose	0	14	13	128
Listeriose	9	114	156	770
Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	39	504	663	2.798
Ornithose	1	2	3	11
Paratyphus	1	4	6	44
Q-Fieber	0	15	15	107
Trichinellose	0	0	1	2
Tularämie	0	3	4	52
Typhus abdominalis	0	10	14	78

* Übermittelte Fälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK

Zum Auftreten bakterieller Superinfektionen mit PVL-bildenden *Staphylococcus aureus* nach Influenza-B-Infektion

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Staphylokokken und Enterokokken erhielt 2018 bereits mehrere Panton-Valentine Leukozydin-(PVL)-bildende *S. aureus* aus nekrotisierenden Pneumonien nach Influenza-B-Infektion, in zwei Fällen mit letalem Ausgang. In zurückliegenden Jahren wurden uns solche Isolate nur sporadisch zur molekularbiologischen Typisierung eingesandt. Neben dem plötzlichen Auftreten von Symptomen sind schwere, sich rapide verschlechternde Infektionsverläufe und eine hohe Letalität charakteristisch für dieses Krankheitsbild.¹

Deshalb möchten wir speziell im Rahmen der aktuellen Influenza-Saison auf das mögliche Auftreten von solchen bakteriellen Superinfektionen hinweisen, da sich diese in sehr kurzer Zeit zu lebensbedrohlichen Situationen entwickeln können.

Wir bitten außerdem darum, dass interessierte Labore uns *S. aureus* bei Verdacht auf eine nekrotisierende Pneumonie im Rahmen einer Infektion mit Influenza zur weiteren Charakterisierung an das NRZ zuschicken. Für Rückfragen und Vorabinformationen stehen wir gerne zur Verfügung.

Adresse: NRZ für Staphylokokken und Enterokokken, Burgstraße 37, 38855 Wernigerode
Homepage: www.rki.de/nrz-staph

Ansprechpartner:

- ▶ Prof. Dr. Guido Werner (Leitung); Tel.: +49 (0)30 18754 4210; E-Mail WernerG@rki.de
- ▶ Dr. Franziska Layer; Tel.: +49 (0)30 18754 4249; E-Mail LayerF@rki.de

1. Löffler B et al.: Pathogenesis of *Staphylococcus aureus* necrotizing pneumonia: the role of PVL and an influenza coinfection. *Expert Rev Anti Infect Ther.* 2013; 11(10):1041–1051

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 13. Kalenderwoche (KW) 2018

Die Aktivität der ARE ist in der 13. KW 2018 bundesweit deutlich gesunken, die Werte des Praxisindex lagen insgesamt im Bereich moderat erhöhter ARE-Aktivität. Die Werte der Konsultationsinzidenz sind insgesamt und in allen Altersgruppen gesunken.

Ergebnisse der globalen Influenzasurveillance (WHO-Update Nr. 312 vom 02.04.2018): http://www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/latest_update_GIP_surveillance/en/

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 13. KW 2018
<https://influenza.rki.de>

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit.

Redaktion

▶ Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)
Tel.: 030.18754-2324
E-Mail: Seedatj@rki.de
Dr. rer. nat. Astrid Milde-Busch (Vertretung)
▶ Redaktionsassistentin: Francesca Smolinski
Tel.: 030.18754-2455
E-Mail: SmolinskiF@rki.de
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Das Epidemiologische Bulletin

gewährleistet im Rahmen des infektionsepidemiologischen Netzwerks einen raschen Informationsaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – den Ärzten in Praxen, Kliniken, Laboratorien, Beratungsstellen und Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie den medizinischen Fachgesellschaften, Nationalen Referenzzentren und den Stätten der Forschung und Lehre – und dient damit der Optimierung der Prävention. Herausgeber und Redaktion erbitten eine aktive Unterstützung durch die Übermittlung allgemein interessierender Mitteilungen, Analysen und Fallberichte. Das Einverständnis mit einer redaktionellen Überarbeitung wird vorausgesetzt.

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Die Printversion wurde zum Jahresende 2016 eingestellt. Wir bieten einen E-Mail-Verteiler an, der wöchentlich auf unsere neuen Ausgaben hinweist. Gerne können Sie diesen kostenlosen Verteiler in Anspruch nehmen. Die Anmeldung findet über unsere Internetseite (s. u.) statt.

Die Ausgaben ab 1996 stehen im Internet zur Verfügung: www.rki.de/epidbull

Hinweis: Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Nachdruck

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

ISSN (Online) 2569-5266