

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

15
2023

13. April 2023

Epidemiologisches Bulletin

**Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen
von *Clostridioides difficile* in Deutschland**

Inhalt

Aktuelle molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen von <i>Clostridioides difficile</i> in Deutschland im Jahr 2022	3
<i>Clostridioides (C.) difficile</i> ist der bedeutendste bakterielle Erreger infektiöser nosokomialer Diarrhöen. Wichtigster Risikofaktor für eine Erkrankung ist die Gabe von Antibiotika, die die Darmflora schädigen – insbesondere die „4C“-Antibiotika Clindamycin, Fluorchinolone, Cephalosporine und Aminopenicilline mit Betalaktamase-Inhibitoren. Der Beitrag gibt einen Überblick über die aktuellen Entwicklungen der <i>C. difficile</i> -Epidemiologie und Resistenzentwicklung in Deutschland. Veränderungen der Erregerepidemiologie und das Erkennen von neuen Erreger- und Resistenzvarianten erfordern eine kontinuierliche Surveillance, die seit 2019 standardisiert in Deutschland am Nationalen Referenzzentrum für <i>C. difficile</i> durchgeführt wird.	
Neuberufung von Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlaboren	9
Epikurs@RKI – Modul „Ausbrüche untersuchen“	12
Stellenausschreibung für die Kohorte 2023 in der Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE)	12
Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 14. Woche 2023	13
Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Januar 2023	16

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon: 030 18754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
Dr. med. Maren Winkler, Heide Monning (Vertretung)

Redaktionsassistentz

Nadja Harendt
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Allgemeine Hinweise/Nachdruck

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

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

Dieses Werk ist lizenziert unter einer [Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).



ISSN 2569-5266



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

Aktuelle molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen von *Clostridioides difficile* in Deutschland im Jahr 2022

Clostridioides (C.) difficile ist der bedeutendste bakterielle Erreger infektiöser nosokomialer Diarrhöen.¹ Wichtigster Risikofaktor für eine Erkrankung ist die Gabe von Antibiotika, die die Darmflora schädigen.¹ Insbesondere die „4C“-Antibiotika (Clindamycin, Fluorchinolone, Cephalosporine und Aminopenicilline mit Betalaktamase-Inhibitoren) sind mit einer erhöhten Erkrankungswahrscheinlichkeit vergesellschaftet.²

C. difficile bildet in der Regel zwei Toxine aus (Toxin A und B), wobei einige „hypervirulente“ Stämme auch ein sogenanntes binäres Toxin bilden können.¹ Zu diesen zählen v. a. Stämme des Ribotyps (RT) 027. Es handelt sich hierbei um einen Subtyp, der anhand der Ribotypisierung, einem genotypischen Typisierungsverfahren, welches auf der Charakterisierung bestimmter genomischer Regionen beruht und eine Differenzierung von *C. difficile*-Isolaten in verschiedene klonale Linien ermöglicht, identifiziert werden kann.³ Isolate des RT027 wurden erstmalig in Kanada (Provinz Québec) Anfang der 2000er-Jahre im Rahmen von Ausbrüchen beschrieben und breiteten sich in der Folge insbesondere nach Europa, aber auch in andere Weltregionen aus.⁴

Sie zeichnen sich aus durch Resistenzen gegenüber zahlreichen Antibiotika (insbesondere Fluorchinolonen und Makrolide) und die Fähigkeit, Ausbrüche zu verursachen.⁴ Zusammen mit anderen klonalen Linien wie dem RT001 haben Stämme des RT027 sowie des RT014 die Epidemiologie in Deutschland stark beeinflusst.

Die Etablierung von RT027 in Deutschland

Im Jahr 2007 trat der RT027 erstmalig in Deutschland im Rahmen zweier Ausbruchsgeschehen in Trier und Stuttgart in Erscheinung.⁵ Eine spätere Studie kam zu dem Schluss, dass Isolate des RT027 bereits 2005 Deutschland erreicht hatten.⁶ In den Folgejahren kam es zu einem starken Anstieg der RT027-Prävalenz,⁷ wobei RT027 in manchen Regionen, wie z. B. in Hessen, gebietsweise (Rhein Main Metropolregion) einen Anteil von >30 % an allen *C. difficile*-Stämmen ausmachte⁸ (s. Tab.1). Im Rahmen einer europäischen Punktprävalenzstudie wurde eine deutschlandweite Häufigkeit des RT027 von etwa 25 % für die Jahre 2012 und 2013 ermittelt, während der Anteil von RT001-Isolaten bei etwa 20 % lag.⁹ In einer anderen Studie bestehend aus

Jahr	Region	Anzahl Isolate	Ergebnis
2011–2013 ²⁷	Hessen	214	RT001 (32%), RT027 (27%), RT014 (10%), RT002 (3%), RT078 (3%), RT005 (2%)
2011–2014 ⁸	Hessen	270	RT001 (31%), RT027 (27%); (RT 027 regional unterschiedlich bis zu 33,5 % in der Rhein Main Metropolregion)
2007 und 2017 ²³	Köln	160 (jeweils 80)	RT001 (19% 2007, 4% 2017), RT027 (0% 2007, 21% 2017)
2011–2013 ¹⁰	Deutschland	393	RT001 (35%), RT027 (26%)
2012 und 2013 ²⁸	Deutschland (und weitere Länder)	426* (Deutschland)	RT001 (~20%), RT027 (~25%)
2014–2019 ¹¹	Deutschland (und Saarland)	1.535* (und 1.143)	Deutschland: RT001 (13%), RT027 (36%), RT014 (9%), RT020 (4%), RT078 (4%) Saarland: RT001 (9%), RT014 (18%), RT020 (6%), RT027 (4%), RT078 (4%)
2019–2021 ¹²	Deutschland	876	RT001 (7%), RT002 (5%), RT005 (5%), RT014 (17%), RT020 (4%), RT027 (4%), RT078 (6%)

Tab. 1 | Studien zur molekularen Epidemiologie von *Clostridioides difficile*, die in Deutschland bislang durchgeführt wurden. RT = Ribotyp

* Isolate vorwiegend aus Ausbruchsgeschehen und von schweren klinischen Verläufen.

Einsendungen aus dem gesamten Bundesgebiet mit Isolaten vorwiegend von Fällen mit schweren klinischen Verlaufsformen und Ausbruchsgeschehen der Jahre 2011–2013 wurden RT001 (35 %) und RT027 (26 %) am häufigsten nachgewiesen, gefolgt von RT027 mit 26 %.¹⁰ Interessanterweise wurden damals in der Postleitzahlregion 2 (Niedersachsen, Bremen, Hamburg und Schleswig-Holstein) keine RT027-Isolate detektiert, was als Zeichen der Süd-Nord bzw. West-Ost-Ausbreitung interpretiert werden könnte.

Aktuelle Entwicklungen der *C. difficile*-Epidemiologie

Während im Zeitraum bis vor etwa zehn Jahren eine erfolgreiche Verbreitung von RT027-Isolaten beobachtet und die Isolate schließlich in allen Postleitzahlregionen Deutschlands nachgewiesen werden konnten, kehrte sich dieser Trend in den letzten Jahren langsam um (s. u.). So betrug der Anteil von RT027-Isolaten im Zeitraum 2014–2019 v. a. bei Ausbruchsisolaten und jenen von schweren Verlaufsformen, die an das Nationale Referenzzentrum (NRZ) geschickt wurden 36 %, während sich die RT001-Prävalenz auf 13 % belief. Seit 2016 nimmt der Anteil von RT027 stetig ab und lag im Jahr 2019 bei etwa 25 %.¹¹

Um die Verbreitung hypervirulenter Klone frühzeitig identifizieren zu können und eine bessere Übersicht über die zirkulierenden *C. difficile*-Isolate in Deutschland zu gewinnen, wurde im Jahr 2019 ein deutschlandweites Surveillance-Netzwerk ins Leben gerufen. Zunächst wurden alle deutschen Universitätsklinika eingeladen, zu zwei Zeitpunkten im Jahr die Isolate von jeweils zehn aufeinanderfolgenden *C. difficile*-positiven Stuhlproben einzuschicken. Die Isolate wurden standardisiert am NRZ untersucht und charakterisiert.¹² Es zeigte sich für die Jahre 2019–2021 ein statistisch signifikanter Rückgang ($p < 0,001$) von RT001 (von 12,3 % auf zuletzt 3,7 %) und eine vergleichsweise sehr geringe RT027-Prävalenz von ungefähr 3,5 %.¹² RT014 war mit 17 % der am häufigsten nachgewiesene Genotyp.¹²

Die Gründe für den Rückgang von RT027 und RT001 sind wahrscheinlich ein bewussterer Umgang mit Antibiotika, u. a. durch zunehmende

„Antibiotic Stewardship“- (ABS-)Initiativen. Als Paradebeispiel konnte in einer großen multizentrischen Studie in Schottland gezeigt werden, dass RT027 und RT001 sich durch Maßnahmenbündel, insbesondere mit genau diesen ABS-Maßnahmen (Vermeidung von „4C“-Antibiotika), effektiv zurückdrängen lassen.² Es wird zudem angenommen, dass die Gabe von Fluorchinolonen wie z. B. Ciprofloxacin einen Selektionsfaktor v. a. für RT027 darstellt, da sich bei diesem RT gehäuft Resistenzen gegen Fluorchinolone zeigen.¹³ Im Moment sinkt der deutschlandweite Verbrauch von Fluorchinolonen. Im Zeitraum 2014–2019 ist allein für den ambulanten Bereich eine Reduktion von Verschreibungen von über 50 % registriert worden,¹⁴ was ebenfalls zum Rückgang von RT027 und anderen nosokomial assoziierten Stämmen wie RT001 beigetragen haben dürfte. Für den stationären Bereich sind die Verbräuche ebenfalls zurückgegangen.¹⁵ Neben den ABS-Maßnahmen dürften die Hinweise der Rote-Hand-Briefe zu seltenen, aber potenziell schweren Nebenwirkungen der Fluorchinolone zu dieser Entwicklung geführt haben.^{14,16} Der Rückgang von RT027 ist nicht allein auf Deutschland beschränkt. In anderen Ländern, wie den USA, hat sich ebenfalls ein Rückgang gezeigt.¹⁷

Die Verbreitung bestimmter klonaler Linien wird auch durch den Eintrag von neuen epidemischen Stämmen aus dem Ausland beeinflusst. So konnte im Jahr 2015 ein Ausbruch von RT018 in Süddeutschland beschrieben werden, der sich wahrscheinlich auf einen Eintrag aus (Nord-)Italien zurückführen lässt, wo RT018 endemisch ist.¹⁸ Dies zeigt exemplarisch die Gefahr von Ausbrüchen sowie eine anschließende Ausbreitung bestimmter Genotypen, wenngleich es seitdem nicht zur Etablierung des Stammes in Deutschland kam.^{11,12} Gleiches gilt für den RT176, der eng verwandt mit dem RT027 ist.¹⁹ Er ist vor allem in Polen und der Tschechischen Republik zu finden, wurde aber in der Vergangenheit auch mehrfach in Deutschland nachgewiesen.^{19,20} Diese beiden Beispiele untermauern die Wichtigkeit einer kontinuierlichen Surveillance, um den Eintrag derartiger Genotypen frühzeitig zu erkennen.

Resistenzentwicklung in Deutschland

C. difficile kann eine Vielzahl an Antibiotikaresistenzen ausbilden. Besonders ausgeprägt sind diese bei epidemischen Stämmen wie dem RT027 und betreffen insbesondere die Fluorochinolone und Makrolide.¹³ Bei zur Therapie von *C. difficile*-Infektionen (CDI) genutzten Antibiotika gibt es nach dem European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) nur Grenzwerte (für die minimalen Hemmkonzentrationen, MHK) zur Bewertung einer Resistenz gegen Metronidazol und Vancomycin, wobei Metronidazol *per os* (p. o.) aufgrund der klinischen Unterlegenheit nicht mehr für die Therapie einer CDI empfohlen wird. Für Fidaxomicin ist die Resistenztestung in der Routinediagnostik bisher nicht etabliert. Resistenzen gegen Vancomycin und Fidaxomicin sind allerdings derzeit extrem selten,²¹ sodass die reguläre Anzucht mit Resistenztestung bislang noch keinen Eingang in aktuelle Leitlinien gefunden hat.²² Zukünftig ist geplant, auch Empfindlichkeitsprüfungen gegenüber Fidaxomicin durchzuführen. Das entsprechende Verfahren hierzu wurde erst kürzlich am NRZ etabliert. Bei verzögertem Therapieansprechen bzw. Therapieversagen und wiederholten Rezidiven kann entsprechend eine Feintypisierung einschließlich phänotypischer und genotypischer Resistenztestung (Ganzgenomsequenzierung) jedoch sinnvoll erscheinen (z. B. im NRZ für *C. difficile*).

Bei Isolaten, die schwere Verläufe und Ausbruchsgeschehen verursachen (2014–2019), lag der Anteil an Metronidazol-Resistenzen bei 2,7 %, wobei dieser fast ausschließlich auf RT027-Isolate (5,9 % resistente Stämme) zurückzuführen war.¹¹ Die Tatsache, dass RT027 mit einer Minderempfindlichkeit gegenüber Metronidazol vergesellschaftet ist, zeigte auch eine Studie aus Nordrhein-Westfalen, die einen RT027-assoziierten „MIC creep“ (Erhöhung der MHK) detektieren konnte.²³ Zusätzlich zeigte sich bei RT027 eine starke Zunahme von Rifampicin-Resistenzen auf gegenwärtig 47 %¹¹ im Vergleich zu einer Vorgängerstudie aus dem Jahr 2012, bei der der Anteil Rifampicin-resistenter Isolate 12 % betrug.²⁴ Insbesondere bei Patientenkollektiven, bei denen Rifampicin häufig verabreicht wird, könnte dies von Relevanz sein, wie beispielsweise bei Patientinnen und Patienten mit Fremdkörperinfektionen in der Orthopädie. So konnte in Sachsen-Anhalt

im Jahr 2017 eine Häufung von RT027 mit Rifampicin-Resistenz bei orthopädischen Patientinnen und Patienten beschrieben werden.²⁵

Insgesamt zeigen sich im Rahmen der gegenwärtig etablierten Surveillance Metronidazol-Resistenzen bei 0,1 % und Minderempfindlichkeiten gegenüber Rifampicin bei 4 % der untersuchten Isolate; Vancomycin-Resistenzen traten nicht auf.¹²

Die Empfehlungen zur Therapie einer CDI haben an Komplexität gewonnen. Entsprechend den neuesten Leitlinien der European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESCMID) aus dem Jahr 2021 sollte für die Therapie der ersten Episode Fidaxomicin bevorzugt angewandt werden.²² Vancomycin stellt hierbei nicht die Therapie der Wahl dar, wobei viele Kliniken in Deutschland und auch international aufgrund der bisherigen klinischen Erfahrung weiterhin die orale Vancomycin-Therapie einsetzen dürften. Im Falle eines hohen Rezidivrisikos (z. B. Alter > 65 Jahre) ist auch der frühzeitige Einsatz von Bezlotoxumab, einem monoklonalen Antikörper zur Rezidivprophylaxe möglich.²² Für das erste Rezidiv wird eine (erneute) Behandlung von Fidaxomicin ggf. zusammen mit Bezlotoxumab als Erstlinientherapie empfohlen,²² wobei dies vermutlich in der Praxis nur sehr begrenzt umgesetzt werden wird. Eine prolongierte, „gepulste“ Fidaxomicin-Therapie verspricht im Vergleich zu anderen Therapien eine niedrige Rezidivrate.²⁶ Für wiederholte Rezidive (≥ 2) besteht eine Überlegenheit des fäkalen Mikrobiomtransfers (FMT, „Stuhltransplantation“) vor anderen Therapieoptionen.²² Der FMT ist deshalb in den europäischen Leitlinien seit vielen Jahren Therapie der Wahl für multiple rezurrenente CDI.²² Durch hohe Anforderungen an die Durchführung einer FMT und hohe Kosten einer Fidaxomicin-Behandlung bestehen oft große Hürden, diese Therapieformen in der klinischen Routine einzusetzen. Sehr häufig wird deshalb mit hoher Wahrscheinlichkeit bei multiplen Rezidiven ein Vancomycin-Reduktions- und Pulsschema verwendet. Für Metronidazol (p. o.) wurde für alle Indikationen eine Unterlegenheit gezeigt; Metronidazol (p. o.) sollte deshalb entsprechend der ESCMID-Leitlinie bei CDI nicht mehr eingesetzt werden und allenfalls intravenös unterstützend verabreicht werden.²²

Ausblick

Veränderungen der Erregerepidemiologie und das Erkennen von neuen Erreger- und Resistenzvarianten erfordern eine kontinuierliche Surveillance, die seit 2019 standardisiert in Deutschland am NRZ für *C. difficile* durchgeführt wird. Diese soll sowohl zahlenmäßig als auch methodisch in Richtung einer genomischen Surveillance ausgeweitet werden. Hierfür können sich Interessentinnen und Interessenten am NRZ melden. So wird es zukünftig auch leichter möglich sein, den Einfluss von Veränderungen (z. B. durch ein verändertes Antibiotika-Verschreibungsverhalten) oder weiteren Faktoren wie Ausbrüche und der Eintrag von Stämmen aus anderen Ländern sowie den Einfluss der COVID-19-Pandemie zu verstehen und frühzeitig Präventionsmaßnahmen zur Verbreitung von hypervirulenten Varianten entwickeln und implementieren zu können.

nen. Schließlich soll zukünftig auch der ambulante Sektor näher betrachtet werden, um dessen Bedeutung für die Entwicklung von CDI fundierter einordnen zu können.

Bekanntmachung

Zum Ausbau und Pflege eines funktionierenden Surveillance-Netzwerks sind wir auf Ihre Hilfe angewiesen. Am NRZ für *C. difficile* können zum einen Isolate schwerer klinischer Verlaufsformen kostenlos typisiert werden, zum anderen werden ebenfalls kostenlos Ausbruchsuntersuchungen durchgeführt. Falls Sie darüber hinaus Interesse an der Teilnahme im Rahmen einer standardisierten Surveillance haben, kontaktieren Sie uns bitte jederzeit.

Literatur

- 1 Czepiel J, Drozd M, Pituch H, Kuijper EJ, Perucki W, Mielimonka A, Goldman S, Wultanska D, Garlicki A, Biesiada G: Clostridium difficile infection: review. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 2019, 38(7):1211-1221.
- 2 Lawes T, Lopez-Lozano JM, Nebot CA, Macartney G, Subbarao-Sharma R, Wares KD, Sinclair C, Gould IM: 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.
- 3 Bidet P, Barbut F, Lalande V, Burghoffer B, Petit JC: Development of a new PCR-ribotyping method for Clostridium difficile based on ribosomal RNA gene sequencing. FEMS Microbiol Lett 1999, 175(2):261-266.
- 4 He M, Miyajima F, Roberts P, Ellison L, Pickard DJ, Martin MJ, Connor TR, Harris SR, Fairley D, Bamford KB et al: Emergence and global spread of epidemic healthcare-associated Clostridium difficile. Nat Genet 2013, 45(1):109-113.
- 5 Kleinkauf N, Weiss B, Jansen A, Eckmanns T, Bornhofen B, Kuehnen E, Weil HP, Michels H: 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.
- 6 Steglich M, Nitsche A, von Müller L, Herrmann M, Kohl TA, Niemann S, Nübel U: Tracing the spread of Clostridium difficile ribotype 027 in Germany based on bacterial genome sequences. PLoS One 2015, 10(10):e0139811.
- 7 Marujo V, Arvand M: The largely unnoticed spread of Clostridioides difficile PCR ribotype 027 in Germany after 2010. Infection Prevention in Practice 2020, 2(4):100102.
- 8 Arvand M, Bettge-Weller G: Clostridium difficile ribotype 027 is not evenly distributed in Hesse, Germany. Anaerobe 2016, 40:1-4.
- 9 Davies KA, Ashwin H, Longshaw CM, Burns DA, Davis GL, Wilcox MH, group Es: Diversity of Clostridium difficile PCR ribotypes in Europe: results from the European, multicentre, prospective, biannual, point-prevalence study of Clostridium difficile infection in hospitalised patients with diarrhoea (EUCLID), 2012 and 2013. Euro Surveill 2016, 21(29).
- 10 von Müller L, Mock M, Halfmann A, Stahlmann J, Simon A, Herrmann M: Epidemiology of Clostridium difficile in Germany based on a single center long-term surveillance and German-wide geno-

- typing of recent isolates provided to the advisory laboratory for diagnostic reasons. *Int J Med Microbiol* 2015, 305(7):807-813.
- 11 Abdrabou AMM, Ul Habib Bajwa Z, Halfmann A, Mellmann A, Nimmegern A, Margardt L, Bischoff M, von Müller L, Gärtner B, Berger FK: Molecular epidemiology and antimicrobial resistance of *Clostridioides difficile* in Germany, 2014-2019. *Int J Med Microbiol* 2021, 311(4):151507.
 - 12 Abdrabou AMM, Bischoff M, Mellmann A, von Müller L, Margardt L, Gärtner BC, Berger FK: Implementation of a *Clostridioides difficile* sentinel surveillance system in Germany: First insights for 2019-2021. *Anaerobe* 2022:102548.
 - 13 Freeman J, Bauer MP, Baines SD, Corver J, Fawley WN, Goorhuis B, Kuijper EJ, Wilcox MH: The changing epidemiology of *Clostridium difficile* infections. *Clin Microbiol Rev* 2010, 23(3):529-549.
 - 14 Gradl G, Werning J, Enners S, Kieble M, Schulz M: Quality appraisal of ambulatory oral cephalosporin and fluoroquinolone use in the 16 German federal states from 2014-2019. *Antibiotics (Basel)* 2021, 10(7).
 - 15 Antiinfektiva Surveillance: abrufbar unter <https://www.antiinfektiva-surveillance.de/ergebnisse/>, zuletzt aufgerufen am 16.02.2023.
 - 16 Bundesinstitut für Arzneimittel und Medizinprodukte (BfArM): abrufbar unter <https://www.bfarm.de/SharedDocs/Risikoinformationen/Pharmakovigilanz/DE/RHB/2019/rhb-fluorchinolone.html>, zuletzt aufgerufen am 16.02.2023.
 - 17 Tickler IA, Obradovich AE, Goering RV, Fang FC, Tenover FC: Changes in molecular epidemiology and antimicrobial resistance profiles of *Clostridioides (Clostridium) difficile* strains in the United States between 2011 and 2017. *Anaerobe* 2019, 60:102050.
 - 18 Berger FK, Gfrörer S, Becker SL, Baldan R, Cirillo DM, Frentrup M, Steglich M, Engling P, Nübel U, Mellmann A et al: Hospital outbreak due to *Clostridium difficile* ribotype 018 (RT018) in Southern Germany. *Int J Med Microbiol* 2019, 309(3-4):189-193.
 - 19 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.
 - 20 Berger F, Bischoff M, Strauß C, von Müller L, Gärtner B: Auftreten von *Clostridium difficile* Ribotyp 176 (RT176) in Deutschland. *Epid Bull* 2017(10:93 – 95).
 - 21 Schwanbeck J, Riedel T, Laukien F, Schober I, Oehmig I, Zimmermann O, Overmann J, Gross U, Zautner AE, Bohne W: Characterization of a clinical *Clostridioides difficile* isolate with markedly reduced fidaxomicin susceptibility and a V1143D mutation in *rpoB*. *J Antimicrob Chemother* 2019, 74(1):6-10.
 - 22 van Prehn J, Reigadas E, Vogelzang EH, Bouza E, Hristea A, Guery B, Krutova M, Noren T, Allerberger F, Coia JE et al: European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases: 2021 update on the treatment guidance document for *Clostridioides difficile* infection in adults. *Clin Microbiol Infect* 2021, 27 Suppl 2:S1-S21.
 - 23 Piepenbrock E, Stelzer Y, Berger F, Jazmati N: Changes in *Clostridium (Clostridioides) difficile* PCR-Ribotype distribution and antimicrobial resistance in a German tertiary care hospital over the last 10 years. *Curr Microbiol* 2019, 76(4):520-526.
 - 24 von Müller L, Halfmann A, Herrmann M: Aktuelle Daten und Trends zur Antibiotikaresistenzentwicklung von *Clostridium difficile*. *Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz* 2012, 55(11-12):1410-1417.
 - 25 Färber J, Illiger S, Berger F, Gärtner B, von Müller L, Lohmann CH, Bauer K, Grabau C, Zibolka S, Schlüter D et al: Management of a cluster of *Clostridium difficile* infections among patients with osteoarticular infections. *Antimicrobial Resistance & Infection Control* 2017, 6(1):22.
 - 26 Guery B, Menichetti F, Anttila VJ, Adomakoh N, Aguado JM, Bisnauthsing K, Georgopali A, Goldenberg SD, Karas A, Kazeem G et al: Extended-pulsed fidaxomicin versus vancomycin for *Clostridium difficile* infection in patients 60 years and older (EXTEND): a randomised, controlled, open-label, phase 3b/4 trial. *Lancet Infect Dis* 2018, 18(3):296-307.
 - 27 Arvand M, Vollandt D, Bettge-Weller G, Harmanus C, Kuijper E: Increased incidence of *Clostridium difficile* PCR ribotype 027 in Hesse, Germany, 2011 to 2013. *Euro Surveill* 2014, 19(10).
 - 28 Davies KA, Longshaw CM, Davis GL, Bouza E, Barbut F, Barna Z, Delmee M, Fitzpatrick F, Ivanova K, Kuijper E et al: Underdiagnosis of *Clostridium difficile* across Europe: the European, multicentre, prospective, biannual, point-prevalence study of *Clostridium difficile* infection in hospitalised patients with diarrhoea (EUCLID). *Lancet Infect Dis* 2014, 14(12):1208-1219.

Autorinnen und Autoren

^{a,b)} Dr. Fabian K. Berger | ^{b,c)} Prof. Dr. Alexander Mellmann | ^{b,d)} Prof. Dr. Lutz von Müller |

^{a,b)} Prof. Dr. Barbara Gärtner

^{a)} Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Universitätsklinikum des Saarlandes, Homburg, Deutschland

^{b)} Nationales Referenzzentrum für *Clostridioides (Clostridium) difficile*, Homburg-Münster-Coesfeld, Deutschland

^{c)} Institut für Hygiene, Universitätsklinikum Münster, Münster, Deutschland

^{d)} Institut für Labormedizin, Mikrobiologie und Hygiene, Christophorus Kliniken Coesfeld, Coesfeld, Deutschland

Korrespondenz: fabian.berger@uks.eu

Vorgeschlagene Zitierweise

Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: Aktuelle molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen von *Clostridioides difficile* in Deutschland im Jahr 2022

Epid Bull 2023;15:3-8 | DOI 10.25646/11194

Interessenkonflikt

Dr. Fabian K. Berger hat Beratungshonorare von MSD und Pfizer sowie Forschungsunterstützung von Tillots erhalten. Prof. Dr. Alexander Mellmann hat Beratungshonorare von Pfizer erhalten.

Die beiden anderen Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt vorliegt.

Neuberufung von Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlaboren

Im Rahmen der Neustrukturierung der Infektions-epidemiologie in Deutschland werden seit 1995 verstärkt **Nationale Referenzzentren (NRZ)** zur Überwachung wichtiger Infektionserreger berufen. Der Entscheidung über die zu berufenen NRZ liegen Überlegungen zur epidemiologischen Relevanz von Erregern, zur Spezialdiagnostik, aber auch Fragen zur Resistenz und zu Maßnahmen des Infektionsschutzes zugrunde.

Um für ein möglichst breites Spektrum von Krankheitserregern fachlichen Rat vorhalten zu können, werden zusätzlich **Konsiliarlabore (KL)** zu weiteren gesundheitsrelevanten Infektionserregern ernannt. Fachgesellschaften können Vorschläge für weitere benötigte KL an das Robert Koch-Institut (RKI) richten. Die KL ergänzen das bestehende Netz der NRZ und der Einrichtungen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie der einschlägigen Universitätsinstitute in spezifischer Weise. Das Beratungsangebot steht hier im Vordergrund. Es sollte insbesondere bei über die Routine hinausgehenden Fragen in Anspruch genommen werden. Zusätzlich werden diagnostische Leistungen angeboten.

Die aktuelle Berufungsperiode der NRZ und KL erstreckt sich auf den Zeitraum von **Januar 2023 bis Dezember 2025**. Vor Abschluss einer Berufungsperiode erfolgt eine Evaluierung der Tätigkeit der NRZ und KL durch den Wissenschaftlichen Beirat für Public Health Mikrobiologie (früher Kommission Infektionsepidemiologie) und ausgewählte Fachgutachterinnen und Fachgutachter. Auf der Grundlage der erbrachten Ergebnisse und fachlichen Erfordernisse beruft das Bundesministerium für Gesundheit in Abstimmung mit dem RKI die neuen NRZ und KL. Die Berufung erfolgt i. d. R. jeweils für eine dreijährige Periode.

Gegenwärtig sind 21 NRZ und 39 KL berufen. Über einen Leitungswechsel der NRZ und KL wird im *Epidemiologischen Bulletin* des RKI informiert (s. u.).

Nationale Referenzzentren (NRZ)

Berufung des NRZ für Coronaviren

Das NRZ für Coronaviren wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Prof. Dr. Christian Drosten ab dem 1.1.2023 als Leiter des NRZ für Coronaviren an der Charité Universitätsmedizin Berlin berufen.

Kontaktdaten:

Institut für Virologie
Charité – Universitätsmedizin Berlin
Campus Charité Mitte, Charitéplatz 1, 10117 Berlin

Ansprechpersonen: Prof. Dr. Christian Drosten (Leiter),
Dr. Victor M. Corman (stellvertretender Leiter)

Telefon: 030 450525095
Telefax: 030 4507525907
E-Mail: christian.drosten@charite.de,
victor.corman@charite.de

<https://virologie-ccm.charite.de/diag>

Angaben zum Leistungsangebot finden sich in der Liste aller NRZ und KL unter www.rki.de/nrz-kl.

Berufung des NRZ für Mykobakterien

Das NRZ für Mykobakterien wurde im September 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Prof. Dr. Stefan Niemann ab dem 1.1.2023 (zunächst bis zum 31.12.2023) als Leiter des NRZ für Mykobakterien am Forschungszentrum Borstel berufen.

Kontaktdaten:

Forschungszentrum Borstel, Leibniz Lungenzentrum
Parkallee 18, 23845 Borstel

Ansprechpersonen: Prof. Dr. Stefan Niemann (Leiter),
Dr. Inna Friesen und Dr. Martin Kuhns (stellvertretende Leitung)

Telefon: 04537 1882110
Telefax: 04537 1883110
E-Mail: nrz@fz-borstel.de

www.fz-borstel.de

Berufung des NRZ für tropische Infektionserreger

Das NRZ für tropische Infektionserreger wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Prof. Dr. Dennis Tappe ab dem 1.1.2023 als Leiter des NRZ für tropische Infektionserreger am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin berufen.

Kontaktdaten:

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin
Bernhard-Nocht-Straße 74, 20359 Hamburg

Ansprechperson: Prof. Dr. Dennis Tappe

Telefon: 040 285380499

Telefax: 040 285380252

E-Mail: labordiagnostik@bnitm.de

www.bnitm.de/labordiagnostik/service/nationales-referenzzentrum

Konsiliarlabore (KL)

Berufung des KL für *Bacillus anthracis*

Das KL für *Bacillus anthracis* wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Dr. Silke Klee ab dem 1.1.2023 als Leiterin des KL für *Bacillus anthracis* am RKI berufen.

Kontaktdaten

Robert Koch-Institut
Zentrum für Biologische Gefahren und
Spezielle Pathogene
ZBS 2 – Hochpathogene mikrobielle Erreger
Seestraße 10, 13353 Berlin

Ansprechpersonen: Dr. Silke Klee (Leiterin),
Dr. Susann Dupke (stellvertretende Leiterin)

Telefon: 030 187542673 (Dr. Klee),
030 187542114 (Dr. Dupke)

Telefax: 030 187542110

E-Mail: KleeS@rki.de

www.rki.de/kl-anthrax

Berufung des KL für Bornaviren

Das KL für Bornaviren wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Prof. Dr. Dennis Tappe ab dem 1.1.2023 als Leiter des

KL für Bornaviren am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin berufen.

Kontaktdaten

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin
Bernhard-Nocht-Straße 74, 20359 Hamburg

Ansprechperson: Prof. Dr. Dennis Tappe

Telefon: 040 285380499

Telefax: 040 285380252

E-Mail: labordiagnostik@bnitm.de

www.bnitm.de/labordiagnostik/leistungen/bornaviren

Berufung des KL für *Brucella*

Das KL für *Brucella* wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Dr. Sabine Zange ab dem 1.1.2023 als Leiterin des KL für *Brucella* am Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr berufen.

Kontaktdaten:

Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr
Neuherbergstraße 11, 80937 München

Ansprechperson: Dr. Sabine Zange

Telefon: 089 9926923808

Telefax: 089 9926923983

E-Mail: SabineZange@bundeswehr.org

<https://instmikrobiobw.de/startseite/einrichtungen/konsiliarlabore/konsiliarlabor-fuer-brucella>

Berufung des KL für Echinokokken

Das KL für Echinokokken wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Prof. Dr. Klaus Brehm ab dem 1.1.2023 als Leiter des KL für Echinokokken an der Universität Würzburg berufen.

Kontaktdaten:

Universität Würzburg
Institut für Hygiene und Mikrobiologie
Josef-Schneider-Straße 2, 97080 Würzburg

Ansprechperson: Prof. Dr. Klaus Brehm

Telefon: 0931 20146168, 0931 20146036

Telefax: 0931 20146445

E-Mail: kbrehm@hygiene.uni-wuerzburg.de

www.echinococcus.de

Berufung des KL für *Francisella tularensis*

Das KL für *Francisella tularensis* wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Dr. Daniela Jacob ab dem 1.1.2023 als Leiterin des KL für *Francisella tularensis* am RKI berufen.

Kontaktdaten:

Robert Koch-Institut
Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene
ZBS 2 – Hochpathogene mikrobielle Erreger
Seestraße 10, 13353 Berlin

Ansprechpersonen: Dr. Daniela Jacob (Leiterin),
PD Dr. Klaus Heuner (stellvertretender Leiter)

Telefon: 030 187542934
Telefax: 030 187542110
E-Mail: JacobD@rki.de

www.rki.de/kl-francisella-tularensis

Berufung des KL für *Yersinia pestis*

Das KL für *Yersinia pestis* wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde PD Dr. Holger Scholz ab dem 1.1.2023 als Leiter des KL für *Yersinia pestis* am RKI berufen.

Kontaktdaten:

Robert Koch-Institut
Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene
ZBS 2 – Hochpathogene mikrobielle Erreger

Seestraße 10, 13353 Berlin
Ansprechperson: PD Dr. Holger Scholz

Telefon: 030 187542100
Telefax: 030 187542110
E-Mail: ScholzH@rki.de

www.rki.de/kl-yersinia-pestis

Berufung des KL für humanpathogene Vibrionen

Das KL für humanpathogene Vibrionen wurde im August 2022 ausgeschrieben. Nach einem Auswahlverfahren wurde Dr. Susann Dupke ab dem 1.1.2023 als Leiterin des KL für humanpathogene Vibrionen am RKI berufen.

Kontaktdaten:

Robert Koch-Institut
Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene
ZBS 2 – Hochpathogene mikrobielle Erreger
Seestraße 10, 13353 Berlin

Ansprechpersonen: Dr. Susann Dupke (Leiterin),
Dr. Daniela Jacob (stellvertretende Leiterin)

Telefon: 030 187542114 (Dr. Dupke),
030 187542934 (Dr. Jacob)

Telefax: 030 187542110
E-Mail: dupkes@rki.de

www.rki.de/kl-vibrionen

Epikurs@RKI – Modul „Ausbrüche untersuchen“

Vom 9.10.2023 bis 11.10.2023 findet das Epikurs-Modul "Ausbrüche untersuchen" in Präsenz am Robert Koch-Institut (RKI) statt. Die Veranstaltung richtet sich an Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Öffentlichen Gesundheitsdienstes, die im Bereich Infektionsschutz tätig sind. Im Modul "Ausbrüche untersuchen" lernen die Kursteilnehmerinnen und -teilnehmer anhand von unterschiedlichen Ausbruchsszenarien die Schritte einer Ausbruchsuntersuchung kennen. Der

Schwerpunkt des Moduls liegt dabei auf der Untersuchung von lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen. Die Kursinhalte werden über Vorlesungen, Gruppenübungen und Plenumsdiskussionen vermittelt.

Anmeldeschluss ist der 31.8.2023.

Weitere Informationen sind auf den RKI-Internetseiten zu finden unter www.rki.de/epikurs.

Stellenausschreibung für die Kohorte 2023 in der Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE)

Die Stellenausschreibung für die diesjährige Kohorte in der Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE, deutsches *Field Epidemiology Training Programme* – FETP) ist auf der Internetseite des Robert Koch-Instituts (RKI) erschienen.

Die Ausbildung richtet sich an Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Public-Health-relevanten Fächern (Medizin, Gesundheitswissenschaften) oder einem verwandten Studiengang, die epidemiologische Methoden für den Infektionsschutz im Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) einsetzen wollen.

Alle Ausbildungsinhalte sind an der Praxis orientiert und darauf ausgerichtet, im konkreten Fall die geeigneten Maßnahmen für die Prävention und Kontrolle von Infektionskrankheiten zu ermitteln und umzusetzen. Inhaltliche Schwerpunkte sind dabei die Untersuchung von Infektionsausbrüchen in Zusammenarbeit mit den zuständigen Stellen des ÖGD, das Auswerten von Daten aus der infektionsepidemiologischen Überwachung (Surveillance), die Evaluation von Surveillance-Systemen sowie die Entwicklung und Durchführung von anwendungsbezogenen infektionsepidemiologischen Forschungsprojekten.

Die Teilnehmenden sind in der Abteilung für Infektionsepidemiologie am RKI tätig.

Bewerbende sollten eine praktische Tätigkeit im Bereich Public Health in Deutschland oder Europa anstreben.

Zudem ist eine Teilnahme am Programm für bereits im Infektionsschutz der Bundesländer beschäftigtes Personal möglich. Hierbei müssten die Arbeitgeberinnen und Arbeitgeber in den Bundesländern die Kosten übernehmen und die betreffenden Personen für die Ausbildung abstellen. An diesem Modell interessierte Bundesländer können sich an pae@rki.de wenden.

Teilnehmende der PAE haben die Möglichkeit, sich für einen in das Ausbildungsprogramm integrierten *Master of Science in Applied Epidemiology* (MSAE) einzuschreiben, der in Kooperation mit der Charité Universitätsmedizin Berlin angeboten wird. Die Regelstudienzeit beträgt zwei Jahre (120 ECTS-Leistungspunkte).

Bewerbungsfrist ist der 20. April 2023.

Beginn der Ausbildung ist am 11. September 2023.

Siehe https://www.rki.de/DE/Content/Service/Stellen/Angebote/2023/076_23.html

Nähere Informationen zum Ausbildungsprogramm finden sich unter www.rki.de/pae.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

14. Woche 2023 (Datenstand: 12. April 2023)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.
Baden-Württemberg	20	616	693	3	135	170	3	47	41	66	1.499	1.022	16	359	337
Bayern	32	972	1.054	9	190	193	4	36	53	158	3.025	2.376	92	1.090	593
Berlin	11	330	452	2	47	65	0	25	12	65	1.495	651	40	260	417
Brandenburg	5	244	312	7	118	66	1	16	13	52	1.190	731	79	674	517
Bremen	2	55	59	1	8	9	0	1	2	8	144	71	4	63	33
Hamburg	1	173	263	1	45	36	0	12	5	28	650	311	21	232	167
Hessen	9	456	601	2	91	111	0	12	11	28	945	991	11	327	270
Mecklenburg-Vorpommern	6	176	219	6	69	30	1	6	13	67	1.120	537	25	268	127
Niedersachsen	23	608	729	12	180	125	8	84	29	82	2.012	1.209	64	686	249
Nordrhein-Westfalen	80	1.533	2.133	18	401	249	7	146	75	213	5.010	3.615	69	1.024	993
Rheinland-Pfalz	8	477	491	1	90	73	0	23	16	41	896	1.194	17	244	205
Saarland	2	133	184	0	13	24	1	5	2	8	296	220	6	95	63
Sachsen	35	573	932	8	121	159	2	37	34	138	1.954	1.941	51	935	872
Sachsen-Anhalt	16	184	339	5	82	80	1	18	10	52	1.200	1.076	43	781	159
Schleswig-Holstein	11	236	286	1	63	17	0	20	22	17	559	446	15	217	150
Thüringen	11	262	355	7	99	106	0	8	7	46	1.099	588	68	807	195
Deutschland	272	7.028	9.102	83	1.752	1.513	28	496	345	1.069	23.094	16.979	621	8.062	5.347

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.
Baden-Württemberg	0	21	21	34	759	529	27	395	234	11	148	144	213	6.326	622
Bayern	3	36	23	54	1.110	661	25	493	230	4	138	131	408	11.204	1.248
Berlin	2	20	11	14	339	225	7	154	91	0	91	104	76	2.404	266
Brandenburg	0	5	8	8	97	67	5	55	30	0	25	31	40	2.008	188
Bremen	0	0	2	9	99	47	6	45	16	0	18	19	8	166	39
Hamburg	0	4	3	14	255	119	4	123	26	3	61	37	41	1.370	127
Hessen	0	14	10	27	523	406	9	156	126	7	123	101	129	3.737	307
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	5	3	48	34	2	27	13	0	20	7	26	1.087	170
Niedersachsen	0	13	11	17	405	246	8	242	116	2	96	76	98	3.279	233
Nordrhein-Westfalen	4	61	52	73	1.583	971	37	803	443	14	268	237	340	9.776	516
Rheinland-Pfalz	1	12	7	31	565	202	4	157	85	2	42	37	71	3.166	152
Saarland	1	3	3	6	123	51	4	44	11	0	11	4	23	447	76
Sachsen	1	4	6	8	136	99	5	89	56	0	23	47	113	3.890	730
Sachsen-Anhalt	0	3	4	5	96	46	5	62	27	1	24	21	38	1.566	359
Schleswig-Holstein	0	6	5	3	137	117	7	89	74	3	35	35	28	893	109
Thüringen	0	5	3	1	77	33	1	32	16	1	25	15	33	1.487	118
Deutschland	12	209	174	307	6.352	3.853	156	2.966	1.594	48	1.148	1.046	1.685	52.806	5.260

Allgemeiner Hinweis: Das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwendet veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.
Baden-Württemberg	0	0	1	2	10	4	0	0	0	2	67	19	64	938	379
Bayern	1	4	2	0	12	3	0	0	1	10	256	72	74	1.263	493
Berlin	0	1	2	2	5	2	0	1	0	1	31	6	14	212	88
Brandenburg	0	0	1	0	3	1	0	1	0	2	62	12	4	156	52
Bremen	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	14	30
Hamburg	0	1	0	0	5	1	0	0	0	0	38	1	8	103	29
Hessen	0	1	1	0	3	6	0	0	0	0	37	26	9	247	110
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	0	0	0	0	5	39	4	0	50	20
Niedersachsen	0	0	0	0	5	3	0	0	0	1	47	6	13	350	155
Nordrhein-Westfalen	0	0	0	4	20	5	0	0	0	1	121	33	42	855	369
Rheinland-Pfalz	0	0	0	0	8	0	0	0	0	2	33	15	5	123	67
Saarland	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	9	5	0	15	5
Sachsen	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	40	8	31	531	164
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	2	3	0	0	0	4	98	4	0	52	13
Schleswig-Holstein	1	1	1	0	3	5	0	0	0	2	25	3	9	149	33
Thüringen	0	0	0	0	3	2	0	0	0	12	199	23	8	137	32
Deutschland	2	8	8	8	86	38	0	2	1	42	1.103	237	281	5.195	2.039

Erreger mit Antibiotikaresistenz und *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und COVID-19

	<i>Acinetobacter</i> ¹			Enterobacterales ¹			<i>Clostridioides difficile</i> ²			MRSA ³			COVID-19 ⁴		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.	14.	1.–14.	1.–14.
Baden-Württemberg	1	17	10	7	149	105	1	33	20	2	16	24	1.253	101.509	2.217.307
Bayern	3	23	19	9	217	126	1	53	50	1	42	30	2.096	146.182	2.976.487
Berlin	1	21	22	8	138	117	0	12	8	0	16	10	860	33.314	611.978
Brandenburg	1	5	6	4	60	25	0	19	14	0	12	8	610	24.426	473.750
Bremen	0	0	1	1	8	5	0	1	2	0	1	3	157	8.181	114.892
Hamburg	0	7	5	4	81	28	1	7	4	1	6	3	325	12.844	343.964
Hessen	0	12	10	7	201	151	0	13	14	2	22	12	876	85.627	1.068.008
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	0	3	32	7	4	19	16	0	8	10	519	16.761	329.842
Niedersachsen	1	12	7	8	119	80	1	37	23	1	28	29	1.620	118.851	1.455.151
Nordrhein-Westfalen	2	35	23	18	468	284	6	112	102	9	92	89	2.730	273.633	3.180.939
Rheinland-Pfalz	0	5	14	3	58	45	2	22	30	0	9	4	522	54.846	698.958
Saarland	0	0	0	0	14	3	0	2	1	0	1	3	200	15.672	196.766
Sachsen	0	4	2	2	70	52	2	33	40	0	19	12	967	30.507	733.069
Sachsen-Anhalt	0	4	1	0	30	31	1	23	23	0	10	15	488	18.769	419.174
Schleswig-Holstein	1	14	3	2	40	20	1	11	4	1	17	4	589	22.457	439.641
Thüringen	0	2	1	0	23	7	1	7	4	2	14	11	416	13.717	361.939
Deutschland	10	163	124	76	1.708	1.086	21	404	355	19	313	267	14.228	977.296	15.621.865

1 Infektion und Kolonisation

(Acinetobacter spp. mit Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen)

2 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform

3 Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus, invasive Infektion

4 Coronavirus-Krankheit-2019 (SARS-CoV-2)

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2023		2022
	14.	1.–14.	1.–14.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	129	40
Botulismus	0	29	0
Brucellose	0	5	7
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	6	0
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	29	28
Denguefieber	5	101	30
Diphtherie	1	25	6
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	1	11	6
Giardiasis	36	579	353
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	0	365	170
Hantavirus-Erkrankung	0	23	20
Hepatitis D	0	20	27
Hepatitis E	67	1.239	960
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	14	8
Kryptosporidiose	11	332	419
Legionellose	17	330	210
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	15	27
Listeriose	5	147	175
Meningokokken, invasive Erkrankung	2	65	20
Ornithose	0	2	1
Paratyphus	0	5	2
Q-Fieber	2	23	12
Shigellose	5	126	74
Trichinellose	0	0	0
Tularämie	0	17	12
Typhus abdominalis	0	26	8
Yersiniose	19	557	533
Zikavirus-Erkrankung	0	4	1

In der wöchentlich veröffentlichten aktuellen Statistik werden die gemäß IfSG an das RKI übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten veröffentlicht. Es werden nur Fälle dargestellt, die in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen sind, dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden und die Referenzdefinition erfüllen (s. www.rki.de/falldefinitionen).

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen

gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: Januar 2023 (Datenstand: 1. April 2023)

	Syphilis*		HIV-Infektion*		Malaria		Echinokokkose		Toxoplasm., konn.				
	2023	2022	2023	2022	2023	2022	2023	2022	2023	2022			
	Jan	Januar – Januar	Jan	Januar – Januar	Jan	Januar – Januar	Jan	Januar – Januar	Jan	Januar – Januar			
Baden-Württemberg	–	–	–	–	8	8	8	3	3	6	0	0	0
Bayern	–	–	–	–	8	8	7	2	2	1	0	0	0
Berlin	–	–	–	–	9	9	4	2	2	0	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	–	3	3	0	2	2	0	0	0	0
Bremen	–	–	–	–	3	3	0	1	1	0	0	0	0
Hamburg	–	–	–	–	2	2	5	0	0	1	0	0	0
Hessen	–	–	–	–	4	4	6	1	1	1	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	–	0	0	0	1	1	0	0	0	1
Niedersachsen	–	–	–	–	8	8	0	2	2	1	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	–	25	25	17	3	3	2	0	0	0
Rheinland-Pfalz	–	–	–	–	0	0	3	0	0	1	0	0	0
Saarland	–	–	–	–	1	1	2	0	0	0	0	0	0
Sachsen	–	–	–	–	0	0	2	0	0	1	0	0	0
Sachsen-Anhalt	–	–	–	–	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	–	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thüringen	–	–	–	–	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Deutschland	–	–	–	–	73	73	54	17	17	14	0	0	1

(Hinweise zu dieser Statistik s. [Epid. Bull. 41/01: 311–314](#))

* Derzeit stehen keine aktualisierten Daten zur Syphilis und zu HIV-Infektionen zur Verfügung.