



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

40
2025

2. Oktober 2025

Epidemiologisches Bulletin

**Treffen der Moderatoren der MRE- und
Infektionspräventions-Netzwerke am RKI |
HPV-Schulimpfprogramm im LK Bergstraße |
Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch**

Inhalt

Bericht über das achte Treffen der Moderatorinnen und Moderatoren der MRE- und Infektionspräventions-Netzwerke am RKI

4

Multiresistente Erreger (MRE) stellen eine Belastung für Mensch, Umwelt und das Gesundheitswesen dar. Herausforderungen, die sich aus Globalisierung, Fluchtbewegungen und Klimawandel ergeben, erschweren die Bekämpfung und ebnen darüber hinaus neuen Krankheitserregern den Weg. Im März 2025 fand das 8. Treffen der Moderatorinnen und Moderatoren der MRE- und Infektionspräventions-Netzwerke am RKI statt. Insgesamt wurde deutlich, welchen Beitrag diese Netzwerke zur Gesundheitsversorgung leisten.

Report on the 8th meeting of moderators for multidrug-resistant infection and prevention networks at the RKI

Multidrug-resistant (MDR) organisms place a substantial burden on humans, environment and healthcare systems. Challenges posed by globalization, migration, and climate change complicate containment efforts and facilitate the emergence of novel pathogens. In March 2025, the RKI convened the 8th meeting of moderators of MDR-organisms and infection prevention networks at the RKI. The discussions emphasized the relevant contribution of these networks in safeguarding healthcare provision.

(Article in German)

HPV-Schulimpfprogramm im hessischen Landkreis Bergstraße: Effekt auf die Impfquoten in den ersten zehn Jahren nach Einführung

15

Auch mehr als 15 Jahre nach Einführung der HPV-Impfung in Deutschland und einer zeitnahen STIKO-Empfehlung 2007 für Mädchen und 2018 für Jungen bleiben die HPV-Impfquoten niedrig. Als wirksame Maßnahme zur Impfquotensteigerung wird immer wieder auf den Erfolg nationaler HPV-Schulimpfprogramme in Ländern mit hohen HPV-Impfquoten hingewiesen. Die im Epidemiologischen Bulletin 40/2025 veröffentlichte Evaluation des HPV-Schulimpfprogramms im LK Bergstraße zeigt, dass das Modellprojekt den Impfzeitpunkt vorverlagern konnte, jedoch insgesamt nicht zu wesentlich höheren Impfquoten im Vergleich zu gesamt Hessen führte.

HPV school vaccination program in the district of Bergstraße, Hesse: Impact on vaccination coverage in the first ten years after implementation

More than 15 years after the introduction of HPV vaccination in Germany and the subsequent STIKO recommendation in 2007 for girls and in 2018 for boys, HPV vaccination coverage remains low. As an effective measure to increase vaccination rates, the success of national HPV school vaccination programs in countries with high HPV rates is repeatedly emphasized. The evaluation of the HPV school vaccination program in the district of Bergstraße shows that the pilot project was able to advance the vaccination date, but overall did not result in significantly higher vaccination rates compared to the state of Hesse as a whole.

(Article in German)

Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen, 2025

20

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 39. Woche 2025**27**

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Juli 2025**30**

Impressum

Herausgeber

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

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
(Ltd. Redakteurin)
Dr. med. Maren Winkler
(Stellv. Redakteurin)

Redaktionsassistentz

Nadja Harendt

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.

Bericht über das achte Treffen der Moderatorinnen und Moderatoren der MRE- und Infektionspräventionsnetzwerke am RKI

Multiresistente Erreger und nosokomiale Infektionen – eine stumme Pandemie

Einleitung

Multiresistente Erreger (MRE) stellen eine hohe Belastung für das Gesundheitswesen dar. Herausforderungen, die sich aus Globalisierung, Fluchtbewegungen und Klimawandel ergeben, erschweren die Bekämpfung und ebnen darüber hinaus neuen Krankheitserregern den Weg.

Am 10. und 11.3.2025 fand das achte Treffen der Moderatorinnen und Moderatoren der MRE- und Infektionspräventionsnetzwerke am Robert Koch-Institut (RKI) in Wernigerode statt. Das RKI koordiniert und organisiert seit 2004 alle zwei bis drei Jahre diese Veranstaltung.

Das Treffen wurde von den RKI-Fachgebieten (FG) 13 und 14 der Abteilung 1 Infektionskrankheiten organisiert. Zur inhaltlichen Abstimmung wurden im Vorfeld Interessenschwerpunkte der Teilnehmenden abgefragt. Demnach sollte der Fokus auf nosokomialen Infektionen (NI), MRE sowie weiteren Erregern mit wachsender Bedeutung für das Gesundheitswesen liegen. Auch organisatorische Aspekte von MRE- und Präventionsnetzwerken sollten thematisiert werden. An der Veranstaltung nahmen über 100 Akteurinnen und Akteure aus der unmittelbaren Patientinnen- und Patientenversorgung, der Infektionsprävention und dem Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) teil.

Treffen des Länderarbeitskreises MRE-Netzwerke

Im Vorfeld der Veranstaltung fand das Treffen des Länderarbeitskreises (LÄK) MRE-Netzwerke statt, koordiniert von Dr. Ziech (Niedersächsisches Landesgesundheitsamt, Hannover). Der 2017 gegründete LÄK besteht aus Ländervertreterinnen und -vertretern und RKI-Mitarbeitenden. Die Diskussionen zeigten die Komplexität der regionalen MRE-

Netzwerkarbeit, vor allem aufgrund stark unterschiedlicher Infra- und Netzwerkstrukturen (z. B. behördengebunden, universitär angebunden, vereinsbasiert oder in Gesundheitsregionen). Auch die thematische Ausrichtung variiert: Viele Netzwerke behandeln zusätzlich weitere Infektionsschutzthemen wie Krätzmilbenbefall oder Impfkationen.

Die Ausweitung auf infektionshygienisch relevante Themen wie Qualitätssiegel für Einrichtungen wird vielfach als zukunftsweisend angesehen – birgt jedoch Herausforderungen in der Abgrenzung zu gesetzlichen Aufgaben der Gesundheitsämter. Unterstützend wirken könnte eine bessere Darstellung des Ist-Zustandes, die Veröffentlichung von Best-Practice-Beispielen sowie ein intensiverer Austausch durch z. B. überregionale Fortbildungen. Die flächendeckende Implementierung der MRE-Netzwerke und ihrer Aufgaben in das Landesrecht bzw. in die Länderverordnungen wird als sinnvoll erachtet.

Tag 1

Der erste Tag begann mit einem Vortrag von Prof. Dr. Wendt (Labor Dr. Limbach und Kollegen, Heidelberg/Vorsitzende der Kommission für Infektionsprävention in medizinischen Einrichtungen und in Einrichtungen und Unternehmen der Pflege und Eingliederungshilfe [KRINKO]) zur nationalen und internationalen MRE-Epidemiologie. Die von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) am wichtigsten eingestuften MRE sind Methicillin-resistente *Staphylococcus (S.) aureus* (MRSA), Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE) und multiresistente gramnegative Bakterien (MRGN). Die Referentin teilte diese in „the good“ (MRSA), „the bad“ (VRE) und „the ugly“ (MRGN) ein, stellte sie anhand von kurzen Erregersteckbriefen vor und zeigte den Verlauf und die Veränderungen der Raten in den letzten 20 Jahren auf. Daten aus Deutschland, u. a. aus

dem nationalen Surveillancenetzwerk Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS) wurden mit europäischen Daten des Europäischen Zentrums für die Prävention und Kontrolle von Krankheiten (ECDC) verglichen,¹ dieser Vergleich ist aufgrund der Heterogenität der Gesundheitssysteme und uneinheitlicher Erregerdefinitionen oft schwierig.

Der Anteil klinischer MRSA-Isolate in Deutschland zeigte um 2005/2006 einen Gipfel und verzeichnet seitdem einen signifikanten Rückgang im ambulanten wie auch stationären Setting. Ähnliche Veränderungen zeigen sich z. B. in Österreich, Belgien und Luxemburg, während der Anteil von MRSA mit Raten von <5 % in beispielsweise Dänemark, Norwegen und Schweden von jeher deutlich geringer war. Lediglich südeuropäische Länder, u. a. Italien, Spanien und Griechenland, weisen weiterhin hohe MRSA-Raten von >20 % auf.¹

Die VRE-Rate mit den wichtigsten Haupterregern *Enterococcus* (*E.*) *faecium* und *E. faecalis* zeigt in Deutschland einen tendenziellen Anstieg mit mehrgipfligem Verlauf. Dieser verzeichnet zumindest seit der Coronavirus Disease 2019-(COVID-19-)Pandemie einen tendenziellen Rückgang, welcher vermutlich auf wirksame Hygienemaßnahmen zurückzuführen ist. Deutlich erkennbar ist die klonale VRE-Verbreitung vor allem in süd- und osteuropäischen Ländern sowie die globale Dissemination der krankenhaussassoziierten Klade A von *E. faecium*.¹⁻³

Wenn auch eine MRGN-Klassifizierung auf Basis ihrer phänotypischen Resistenzeigenschaften geläufig ist, handelt es sich bei MRGN um eine sehr heterogene Erregergruppe, bei der verschiedene Klassifizierungen existieren, was die Vergleichbarkeit der Daten erschwert. Die Verbreitung von Carbapenemproduzierenden *Klebsiella* (*K.*) *pneumoniae* (CPKP) wurde für Deutschland, Europa und global gezeigt.^{1,2} Beispielhaft wurde auch auf die internationale Ausbreitung eines „Hochrisikoklons“ *K. pneumoniae* Sequenztyp ST307 eingegangen.⁴⁻⁶

Die genomische Sequenzierung ermöglicht die Identifikation spezifischer Klone, insbesondere von Hochrisikoklonen und hilft, epidemiologische Muster zu erkennen. Resistenzgene erlauben Rückschlüsse auf Antibiotikawirksamkeit, während mo-

bile genetische Elemente eine Schlüsselrolle bei deren Übertragung spielen.^{7,8} Fortschritte in Datenanalyse und maschinellem Lernen unterstützen Modelle zur Vorhersage von MRE-Verbreitung. Globale Datenbanken könnten künftig wesentlich zur Prävention von MRE-Infektionen beitragen.

Dr. Kolbe-Busch (Institut für Hygiene, Krankenhaushygiene und Umweltmedizin, Universitätsklinikum Leipzig) stellte Ergebnisse einer Onlinebefragung von Krankenhäusern zur Durchführung der Surveillance von NI und MRE vor. Surveillance ist ein wirksames Instrument der Infektionsprävention und -kontrolle (IPC)⁹ und ist auch im § 23 Abs. 4 Infektionsschutzgesetz (IfSG) für NI und spezielle (multi-)resistente Erreger festgeschrieben.¹⁰ Welche NI und Erreger erfasst und zur Ableitung von IPC-Maßnahmen bewertet werden, wird vom RKI festgelegt.¹¹ Schon 1996 wurde mit der Einführung des Krankenhaus-Infektions-Surveillance-Systems (KISS) eine standardisierte Erfassung und Interpretation von Daten zu Infektionen, auftretenden Erregern und auch zu IPC-Prozessen (z. B. Händehygienecompliance) innerhalb der freiwillig teilnehmenden Einrichtungen mit der Fokussierung auf besonders infektionsgefährdete Bereiche möglich.¹² Die gepflegten Daten dienen als Referenz zur (einrichtungsinternen, regionalen und internationalen) Vergleichbarkeit infektionsepidemiologischer Entwicklungen.

Die Studie „SURVSUIT“ (*Suitable Surveillance*) befragte im Jahr 2023 Kliniken in Sachsen und Schleswig-Holstein zu den Voraussetzungen für die gesetzlich vorgeschriebene NI- und MRE-Erfassung, um Optimierungspotenziale zu identifizieren.

47 Krankenhäuser nahmen an der Onlinebefragung teil (ca. 28 % Teilnahmequote). Neben Strukturdaten (z. B. Einrichtungsgröße, personelle Aufstellung mit Hygienefachpersonal) wurden Auskünfte zur NI-Surveillance und von Erregern mit speziellen Resistenzen und Multiresistenzen erbeten. Hierbei wurden jeweils Fragen z. B. zur Erfassungsmethodik und -frequenz, dem Zeitaufwand, zur Datenaufbereitung und -analyse, zum Umgang mit auffälligen Daten sowie zu abgeleiteten Maßnahmen gestellt.

Es wurde gezeigt, dass Surveillance immer mit einem hohen personellen und zeitlichen Aufwand verbunden ist, u. a. wegen meist unzureichender Automatisierung und Digitalisierung. Für das Surveillanceziel, die Infektionsraten zu senken, zeigte sich, dass zwar nicht in jeder Einrichtung typische nosokomiale Indikatorinfektionen laut KISS (z. B. Harnwegs-, postoperative Wund-, Atemwegsinfektionen¹³) in der Surveillance Berücksichtigung finden, jedoch aus den Daten in den meisten Fällen spezifische Interventionen abgeleitet werden. Für das Surveillanceziel, die MRE-Verbreitung zu verhindern, wurden über 50 % der Cluster erkannt, jedoch nur selten Maßnahmen daraus abgeleitet.

Es wird deutlich, dass gesetzliche Vorgaben zur Surveillance mit den aktuellen (labor-)technischen und klinischen Standards zur Erfassung (z. B. genomische Surveillance zur Clustererkennung) nicht mehr im Einklang stehen. Hier könnte eine Nachjustierung erfolgen, damit § 23 Abs. 4 IfSG wirklich die volle Infektionsschutzfunktion für eine bestmögliche Patientinnen- und Patientensicherheit entfalten kann. Die Studie verdeutlicht, dass Surveillance ein komplexer, dynamischer Prozess mit kontinuierlichem Feedback, Evaluation und adaptiver Planung ist.

In einem Beitrag zu MRE-Kolonisation präsentierte Prof. Dr. Geffers (Institut für Hygiene und Umweltmedizin, Charité – Universitätsmedizin Berlin) Konzepte zur Dekolonisation. Es wurden zunächst Unterschiede in der MRE-Kolonisationsdauer aufgezeigt: Während MRSA eine Halbwertszeit von ca. 88 Wochen bei kolonisierten Patientinnen und Patienten aufweist, beträgt diese bei VRE-Infizierten „nur“ ca. 26 Wochen. Ähnliche Halbwertszeiten wie bei VRE zeigen MRGN-Infizierte, z. B. bei einer Kolonisation mit Enterobakterien, welche Beta-Laktamasen mit erweitertem Spektrum aufweisen (*extended spectrum-beta-lactamase*, ESBL) oder Carba-penemase-produzierend (CPE) sind. Die Kolonisationsdauer wurde anhand aktueller, globaler und systemischer Reviews gezeigt, die sich überwiegend auf Daten hospitalisierter Patientinnen und Patienten stützen. Bei Reiserückkehrenden, insbesondere mit EBSL-Kolonisation, scheint eine deutlich schnellere Halbwertszeit erreicht zu werden, meist nach ca. 1–3 Monaten. Ungeachtet der jeweiligen Koloni-

sationsdauer einzelner MRE-Infektionen ist das Risiko einer Ko-Kolonisation verschiedener MRE, wie z. B. VRE und MRSA, nicht zu unterschätzen (je nach Literatur ca. 5–20 %^{14–19}).

MRE-Infizierte leiden unter erhöhter Morbidität und Mortalität. Insbesondere für Krankenhäuser sind hohe MRE-Infektionsraten mit gesteigertem Personal- und Materialaufwand und somit höheren Kosten verbunden. Es liegt nahe, geeignete Dekolonisationsstrategien zu erforschen und abzuleiten.

Für MRSA sind verschiedene Ansätze in Abhängigkeit von der Lokalisation der Besiedlung vorhanden. Bei ausschließlich nasaler MRSA-Kolonisation erweisen sich topische Dekolonisationsmaßnahmen als effektiv, wohingegen extranasal auch systemische MRSA-Dekolonisationsansätze wirksam sein können; hier ist die Aussagekraft der sehr heterogenen Studien allerdings limitiert.¹⁷ Um postoperative Komplikationen zu reduzieren, werden Dekolonisationsmaßnahmen vor kardiologischen und orthopädischen Eingriffen empfohlen.^{18,19}

Vorgestellt wurden außerdem verschiedene Dekolonisationsoptionen für VRE- und MRGN-Infektionen, wie die selektive Darmdekontamination²⁰ oder die Stuhltransplantation.²¹ Aufgrund der aktuellen divergenten Studienlage und unter Berücksichtigung der vergleichsweise kürzeren Halbwertszeit können bei VRE- und MRGN-Infektion keine konkreten Dekolonisationsstrategien abgeleitet werden, in der Praxis wird daher derzeit eher auf die natürliche Dekolonisation, also aktives Abwarten gesetzt.

Wie sich Reisen, Krisen und Fluchtbewegungen auf die MRE-Problematik auswirken, stellte Prof. Dr. Lübbert (Infektiologie und Tropenmedizin, Universitätsklinikum Leipzig und Klinikum St. Georg gGmbH, Leipzig) dar. Eine intestinale Besiedelung mit ESBL-produzierenden Enterobakterien kann besonders häufig bei Reiserückkehrenden aus Südostasien und Indien nachgewiesen werden.^{22–24} MRE-Kontaminationen werden in diesen Regionen durch teilweise erhebliche regulative Lücken in der Pharmaindustrie und damit zusammenhängenden Umweltbelastungen begünstigt (mangelhafte Abwasserentsorgung etc.).²⁵ Zusätzlich steigt die MRE-Transmissionswahrscheinlichkeit durch oftmals

ungünstige allgemeinhygienische Bedingungen. Verschärft wird die Resistenzentwicklung durch häufig fehlende Verschreibungspflichten für Antibiotika. Besiedlungen bei Reiserückkehrenden führen jedoch verhältnismäßig selten zu einer klinischen Manifestation und meist wird eine spontane Dekolonisation innerhalb eines Monats beobachtet,²⁶ so dass bei dieser Personengruppe das Risiko der MRE-Einschleppung als kontrollierbar einzuschätzen ist.

Im Gegensatz dazu spielen Hospitalisierungen im Ausland für den MRE-Import nach Deutschland eine größere Rolle. Die Kolonisationsrate mit MRE nach Krankenhausaufenthalten in Asien und in Subsahara-Afrika lag zwischen 2010–2019 bei 61%–100%.²⁷

CPE führen dabei häufig zu Ausbrüchen. Exemplarisch wurde ein CPKP-Ausbruch an einer Universitätsklinik vorgestellt, der auf einen Transfer einer im Ausland erkrankten Person zurückzuführen war.²⁸ Bei hospitalisierten Personen kommt es oft zu über mehrere Monate persistierenden MRE-Kolonisationen. Nach großen langen Ausbruchsgeschehen bleibt meist eine Restumweltbelastung übrig, die sich beispielsweise in Abwässern von Krankenhäusern niederschlägt.²⁹

Globale Krisen verstärken Migration und damit die MRE-Verbreitung. Neben MRGN³⁰ treten in Deutschland vermehrt *multi drug resistant*-(MDR-)Tuberkulosestämme auf. 2023 hatten 76,8 % der Tuberkuloseinfizierten einen Migrationshintergrund.³¹ Ein niederschwelliger Zugang zum Gesundheitswesen ist für geflüchtete Personen bzw. Personen mit Migrationsstatus Voraussetzung für die Früherkennung und somit Eindämmung der Ausbreitung.

Seit dem Krieg in der Ukraine kommen verstärkt Kriegsverletzte nach Deutschland – ihre Versorgung bei MRE-Infektionen ist eine komplexe medizinische und infektionshygienische Herausforderung.³² Aufgrund seltener Berichterstattung wird die Gesundheitsgefährdung durch Krisen, Kriege und Fluchtbewegungen von der Bevölkerung jedoch kaum wahrgenommen – Prof. Dr. Lübbert sprach in diesem Zusammenhang von einer „stummen Pan-

demie“ im globalen Kampf gegen antimikrobielle Resistenz.

Infektionspräventive Ansätze zur Eindämmung der MRE-Ausbreitung können nicht losgelöst von sozialpolitischen und sozioökologischen Entscheidungen betrachtet und umgesetzt werden. Global ist das nur durch das Zusammenspiel von sogenannten „Good Governance“-Strategien effektiv und nachhaltig möglich, hierzu gehören beispielsweise Armutsbekämpfung und vorausschauende gesundheitspolitische Entscheidungen.

Ein Update zu Carbapenem-resistenten *Enterobacterales* und deren Hypervirulenz wurde von Prof. Dr. Hamprecht (Universitätsinstitut für Medizinische Mikrobiologie und Virologie, Universitätsmedizin Oldenburg) gegeben. Bei den MRGN *K. pneumoniae* können klassische (*classic*; cKP) und hypervirulente (hvKP) Stämme unterschieden werden. Erste Fälle der hvKP traten in den 1980er-Jahren in Ostasien auf. Nachdem anfangs von einem regional begrenzten Auftreten ausgegangen wurde, kam es zu einer schnellen weltweiten Verbreitung von hvKP, wobei aber zunächst nur wenige Resistenzen auftraten. Selbst bei immungesunden Personen können sich hvKP-Infektionen systemisch ausbreiten und u. a. Leberabszesse und Meningitiden verursachen.^{33,34}

Durch das Vorliegen verschiedener Virulenzgene prägen hvKP besondere Eigenschaften aus (z. B. Siderophore zur Eisenanreicherung, Kapseltypen),³⁵ was prognostische Hinweise im Rahmen der Labor Diagnostik liefern kann. HvKP bilden exzessiv Kapselmateriale, wodurch in der Anzucht ein mukoider Phänotyp auffällt, der zu einem positiv verlaufenden String-Test führt, d. h. dass sich die schleimigen Kolonien in stabile visköse Fäden ziehen lassen (> 5 mm Länge).

Die vorhandene Konvergenz aus Hypervirulenz und Multiresistenz ist besorgniserregend und funktioniert plasmidgesteuert in zwei Richtungen: Zum einen können hvKP Resistenzgene erwerben, zum anderen können multiresistente KP-Stämme Virulenzgene über teilweise gleiche Plasmide aufnehmen. Von besonderer Besorgnis sind insbesondere Carbapenemase-produzierende hvKP, die z. B. Enzyme wie die *K. pneumoniae*-Carbapenemase (KPC), Neu-

Delhi Metallo-Beta-Laktamase (NDM) oder Oxacillinase Typ 48-ähnliche (OXA-48-like) produzieren. Infektionen mit diesen Stämmen gehen mit limitierten Therapiemöglichkeiten und gesteigerter Mortalität einher.

Aufgrund der zunehmenden globalen Ausbreitung von hvKP empfiehlt die WHO ihren Mitgliedsstaaten, Laborkapazitäten für eine differenziertere hvKP-Diagnostik auszubauen.³⁶ Die frühzeitige Surveillance auch von nicht resistenten Spezies erscheint sinnvoll, um das Bedrohungspotenzial dieses Erregers besser erkennen und prospektiv Maßnahmen ableiten zu können, die eine Ausbreitung weiterer (Multi-)Resistenz- und Hypervirulenzmechanismen verhindern.

Dr. Haak (Landesamt für Gesundheit und Soziales, Greifswald) berichtete über einen endoskopassozierten CPKP-Krankenhausausbuch KP (Typ OXA-181) (2022–2023, >400 Betten).³⁷ 32 Patientinnen und Patienten waren betroffen, 13 erlitten schwere Infektionen (Sepsis, Pneumonie, Harnwegs- und Wundinfektionen), sechs verstarben, in mindestens drei Fällen ursächlich durch den Ausbruchserreger. Alle Betroffenen hatten zuvor eine Endoskopie erhalten. Proben von Gastro- und Koloskopen zeigten starke Kontamination mit mehreren Erregern, der Ausbruchserreger wurde in einem Koloskop nachgewiesen. Der Aufarbeitungsprozess zeigte jedoch keine Abweichungen, als Ursache wurde der Verschleiß der teils über zehn Jahre alten Geräte vermutet. Zwei ausgemusterte Gastroskope zeigten Ablagerungen und Mikroläsionen in den Kanälen, zudem wurde Restflüssigkeit nach sechsmonatiger Lagerung festgestellt.

Der Gerätepark wurde komplett erneuert, dennoch wurde der Erreger erneut in einem Gastroskop gefunden, weshalb der Aufbereitungsprozess wieder überprüft wurde. Besonders problematisch sind die sehr kleinen Lumina (1 mm) in den Luft-Wasser-Kanälen, die nur durchspülbar, aber nicht bürstbar sind und eine Biofilmbildung begünstigen. Elektronenmikroskopisch konnte ein Biofilmwachstum nach 30 Tagen klinischer Nutzung nachgewiesen werden.³⁸ CPKP-assoziierte Biofilme zeigen eine hohe Resistenz gegen Desinfektionsmittel; nur erhöhte Konzentrationen von Peressigsäure (PAA)

sind in der Literatur als ausreichend wirksam beschrieben.³⁹ Im vorliegenden Ausbruchsgeschehen konnte erst eine doppelte PAA-Konzentration den Biofilm wirksam inaktivieren.³⁷

Zur Prävention sollte die Biofilmbildung in den Gerätekanälen verhindert werden. Dazu sollte eine zügige und adäquate Vorreinigung und bei bekannter Besiedlung die Anwendung der doppelten PAA-Konzentration im Reinigungs-Desinfektions-Gerät-Endoskop erfolgen sowie geeignete Trocknungsverfahren angewendet werden.⁴⁰ Darüber hinaus sind regelmäßige Endoskop-Beprobungen zur Überprüfung der Aufbereitungsqualität und regelmäßige Begehungen der Endoskopie-Einheiten empfohlen. Der vorgestellte Fall zeigt die komplexen Herausforderungen bei der Endoskop-Aufbereitung. Ob regelmäßige Zustandsprüfungen der Kanäle wirksam sind, ist noch unklar und bedarf weiterer Forschung.^{37,40}

Das Vortragsprogramm endete durch eine gemeinsame Posterbegehung, moderiert von Prof. Dr. Martin Mielke (ehemals Abteilungsleiter 1 Infektionskrankheiten, RKI). Hier wurden Beiträge zu neuen Surveillancesystemen, One-Health-Ansätzen, technischen Entwicklungen zur genomischen Erregersurveillance sowie nosokomialen Ausbruchsgeschehen präsentiert und diskutiert.

Tag 2

Den Auftakt am zweiten Tag des Treffens machte PD Dr. Wiese-Posselt (Institut für Hygiene und Umweltmedizin, Charité – Universitätsmedizin Berlin) mit ihrem Vortrag über *Candidozyma (C.) auris* (ehemals *Candida auris*). Zunächst stellte sie relevante epidemiologische Hintergründe des „Emerging Pathogens“ dar. 2009 wurde *C. auris* erstmals in Japan bei einer Patientin mit Otitis externa beschrieben.⁴¹ Retrospektive Analysen konnten *C. auris* bereits aus Isolaten aus dem Jahr 1996 identifizieren.⁴² Inzwischen hat sich *C. auris* weltweit verbreitet und ist in einigen Ländern bereits endemisch, z. B. in Spanien. In Deutschland kommt es derzeit zu sporadischen Ausbrüchen mit keiner oder nur geringer Weiterverbreitung innerhalb der Gesundheitseinrichtungen. Daten aus dem Nationalen Referenzzentrum für invasive Pilzinfektionen (NRZMyk) in Jena zeigen einen sechsfachen An-

stieg der Fallzahlen im Jahr 2023 im Vergleich zum Vorjahr.⁴³ Eigenschaften, die *C. auris* zu einem „Emerging Pathogen“ von großer Bedeutung machen, beruhen u. a. auf einer effizienten Transmission, hoher Umweltstabilität, erschwerter Diagnostik, Unempfindlichkeit gegenüber Desinfektionsmitteln auf Basis von quartären Ammoniumverbindungen (QAV) und auf Resistenzen gegenüber Antimykotika, insbesondere Fluconazol. *C. auris* ist in der Lage, über lange Zeit auf belebten und unbelebten Oberflächen zu persistieren und über direkte oder indirekte Kontakte übertragen zu werden, wodurch größere Ausbrüche in Gesundheitseinrichtungen verursacht werden können. Bei Patientinnen und Patienten mit Risikofaktoren, wie z. B. Immunsuppression oder vorhandenen medizinischen Devices,⁴⁴ können schwere invasive Candidämien auftreten, die mit einer erhöhten Letalität einhergehen.

Zudem wurden zwei Fälle einer *C. auris*-Infektionen vorgestellt, die im Jahr 2022 primär wegen einer schweren COVID-19-Erkrankung auf einer Intensivstation in der Charité behandelt wurden.⁴⁵ Bei der Indexpatientin wurde an Tag 11 des stationären Aufenthalts *C. auris* nachgewiesen, worauf eine umgehende Isolierung und ein Aufnahmestopp weiterer Patientinnen und Patienten in räumlicher Nähe erfolgte. Der Kontaktpatient erlitt ca. einen Monat nach Erstaufnahme der Indexpatientin eine Sepsis mit Nachweis von *C. auris* in Blutkultur und Trachealsekret.

Als IPC-Maßnahmen wurden einerseits beiden Personen individuell Medizinprodukte zugewiesen (z. B. Medizingeräte wie Röntgen, EKG, Ultraschall). Andererseits wurden Aufbereitungsprozesse (z. B. der Bronchoskope) im Hinblick auf eine eingeschränkte Wirksamkeit von QAV überprüft, laufende Desinfektionsprozesse u. a. auf PAA umgestellt und Schlussdesinfektionen wiederholt. Die Transmission erfolgte vermutlich über das Videolaryngoskop, welches für die Intubation beider Personen verwendet und zwischendurch mit Einmaldesinfektionstüchern manuell aufbereitet wurde. Als Konsequenz aus der potenziellen Transmission via Laryngoskop wurde eine maschinelle Aufbereitung der wiederverwendbaren Spatel in der Aufbereitungseinheit für Medizinprodukte empfohlen. Außerdem wurden diagnostische Prozesse optimiert (z. B. Er-

stellung eines Workflows für die Anforderung von *C. auris*-Diagnostik im mikrobiologischen Labor) und regelmäßige Screenings durchgeführt, wobei in der Kontaktnachverfolgung und im Patientenumfeld der Erreger nicht mehr nachgewiesen werden konnte. In enger Zusammenarbeit mit dem NRZMyk und dem NRZ für Surveillance von NI wurden daraufhin infektionspräventive Expertenempfehlungen zum Umgang mit *C. auris* im Krankenhaus erstellt, mit besonderem Fokus auf Entisolierung und Langzeitsurveillance.⁴⁶

Prof. Dr. von Baum (Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Universitätsklinikum Ulm) hielt ein Vortrag zur Arbeitsweise der KRINKO. Die Kommission wurde im Oktober letzten Jahres neu berufen und sieht sich mit verschiedenen bekannten und neuen Herausforderungen konfrontiert.

Der Vortrag stellte den aufwändigen Erarbeitungsprozess der Empfehlungen dar, der neben zahlreichen Beratungen in den jeweiligen Arbeitsgruppen und in der gesamten Kommission in der Regel auch ein öffentliches Stellungnahmeverfahren beinhaltet, in dem Bundesländer und Fachgesellschaften die Textentwürfe kommentieren können.⁴⁷ Hinzu kommt, dass die IfSG-Änderung 2022 und die damit verbundene Namensänderung der KRINKO (ehemals Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention) zu einer Erweiterung der Aufgabenfelder führt. Einerseits soll die Kommission gemäß § 23 IfSG Abs. 1¹⁰ nunmehr nicht nur Empfehlungen zur Prävention von NI sondern auch von weiteren Infektionen erstellen. Auch müssen gemäß § 35 IfSG¹⁰ nun Einrichtungen und Unternehmen der Pflege und Eingliederungshilfe die Empfehlungen im Rahmen der Durchführung medizinischer oder pflegerischer Maßnahmen berücksichtigen. Da für diese Einrichtungen kaum wissenschaftliche Daten in Bezug auf Infektionsprävention vorliegen, ist es allerdings schwer, evidenzbasierte Empfehlungen abzuleiten. Es gilt hier eine maßvolle Balance zwischen geeigneten IPC-Maßnahmen und Erhalt der Lebensqualität zu finden.

Die KRINKO zeichnet sich durch ihre interdisziplinäre Arbeitsweise aus; die Expertinnen und Experten haben verschiedene fachliche Hintergründe (z. B. Innere Medizin, Krankenhaushygiene und

Umweltmedizin, ÖGD). Die Mitglieder werden in der Regel alle drei Jahre vom Bundesministerium für Gesundheit berufen und arbeiten ausschließlich ehrenamtlich. In jeder Berufsperiode gibt sich die Kommission einen Arbeitsplan und berücksichtigt dabei in ihren Schwerpunkten aktuelle epidemiologische Erfordernisse.⁴⁸ Darüber hinaus ist es erforderlich, bereits existierende Empfehlungen auf Aktualität und Evidenz zu überprüfen und ggf. neu zu bewerten. Die Kommission besteht in der Regel aus bis zu 20 Mitgliedern, viele von ihnen arbeiten parallel in mehreren Arbeitsgruppen. Die Inkongruenz zwischen personellen Ressourcen und Arbeitsaufkommen führt dazu, dass von der ersten Textskizze bis zur Veröffentlichung einer Empfehlung im Bundesgesundheitsblatt teilweise mehrere Jahre liegen können. 2023 wurde die erste KRINKO-Empfehlung in modularer Struktur veröffentlicht,^{49,50} welche es zukünftig erlaubt, Anpassungen unkomplizierter und schneller umzusetzen.

Herausfordernd ist zudem die Heterogenität medizinischer Einrichtungen, welche gemäß § 23 Abs. 3 Satz 1 IfSG¹⁰ die KRINKO-Empfehlungen berücksichtigen sollen (z. B. Arztpraxen vs. maximalversorgende Universitätskliniken). Die Empfehlungen müssen so formuliert werden, dass sie vor Ort unter der Wahrung der Verhältnismäßigkeit zwischen bestmöglichem Infektionsschutz und Gewährleistung der Patientinnen- und Patientenversorgung umsetzungsfähig sind. Hinzu kommt, dass immer komplexere Fachinhalte kommuniziert werden, obwohl in der Praxis vielfach Sprachbarrieren und Fachkräftemangel eine Rolle spielen und vermehrt zu berücksichtigen sind.

Um eine bessere internationale Sichtbarkeit zu erreichen, werden die Empfehlungen zunehmend ins Englische übersetzt (z. B. ^{51,52}). Außerdem greift die KRINKO neue Impulse auf und bezieht beispielsweise verstärkt Nachhaltigkeitsgedanken unter Aufrechterhaltung optimaler infektionshygienischer Standards für Patientinnen und Patienten und Personal mit in ihre Texte ein.⁵³

Das Programm beinhaltete an diesem Tag außerdem drei Workshop-Angebote.

Der erste Workshop befasste sich mit organisatorischen und strukturellen Faktoren für die Netzwerkarbeit sowie deren Evaluationsansätzen und wurde von Prof. Dr. Starke (Akademie für Öffentliches Gesundheitswesen, Düsseldorf), Dr. Jäger (Landesamt für Arbeitsschutz, Verbraucherschutz und Gesundheit Brandenburg) sowie Dr. Ziech als Koordinator des LÄK gestaltet.

Die vorgestellten Beispiele veranschaulichten die heterogenen Strukturen einzelner Netzwerke und dass bei der Optimierung von Organisationsbedingungen keine „*One size fits all*“-Lösung zu finden ist. U. a. wurde eine Motivationssammlung angestoßen, aber auch diskutiert, wie die Länder die regionalen Netzwerke besser unterstützen können. Die Netzwerkarbeit konnte während der COVID-19-Pandemie vielerorts nur eingeschränkt stattfinden. Viele Netzwerke sehen einen Bedarf für eine Erweiterung klassischer MRE-Arbeitsschwerpunkte, z. B. um weitere IPC-Themen wie verbessertes Überleitungsmanagement zwischen Rettungsdienst und Pflegeeinrichtungen. Dies macht zusätzliche Ressourcen nötig (personelle/finanzielle Ausstattung, Fortbildungsbedarfe, Ausbau von Kommunikationskanälen, neue Projektmanagement-Tools etc.).

Es wird deutlich, dass der Austausch zwischen den MRE-Netzwerken, aber auch mit anderen Netzwerken (z. B. die sich vorrangig anderen Facetten der Resistenzproblematik widmen^{54,55}) auf- bzw. ausgebaut werden muss, um stärker von Synergieeffekten zu profitieren und zukunftsfähiger aufgestellt zu sein.

Im zweiten Workshop stellten die beiden RKI-Mitarbeiterinnen der ÖGD-Kontaktstelle des FG 32, Frau Brüll und Frau Grajcar, die Nutzung der digitalen Austausch- und Kollaborationsplattform [Agora](#) für MRE- und Infektionspräventionsnetzwerke vor. Hier wurden Möglichkeiten der Kollaboration über [Agora](#) erörtert.

Einen Einblick in die Materie der Panton-Valentine-Leukozidin-(PVL-)positiven *S. aureus* ermöglichte der Workshop von Dr. Layer-Nicolaou (FG 13, RKI) und Prof. Dr. Leistner (Medizinische Klinik für Gastroenterologie, Infektiologie und Rheumatologie Charité – Universitätsmedizin Berlin), in wel-

chem Herausforderungen für Patientinnen und Patienten, Ärztinnen und Ärzte und den ÖGD erörtert wurden. Das am häufigsten mit PVL-positiven *S. aureus* assoziierte Krankheitsbild ist rezidivierende Abszesse bei gesunden jungen Menschen. Vorgestellt wurden die Epidemiologie dieser Erreger sowie klinische Fallbeispiele und Konzepte zur Therapie und Prävention. Ergänzend teilten Frau Helbig (Gesundheitsamt [GA] Leipzig) und Dr. Schultz (GA Görlitz) ihre Daten und Erfahrungen zum Umgang mit der Meldepflicht für PVL-positive MRSA in Sachsen. Hervorzuheben waren hier vor allem die ansteigenden Meldezahlen und der hohe Aufwand in der Ermittlung und Beratung der entsprechenden Fälle. Die rege Beteiligung an dem Workshop zeigte, dass es in Deutschland immer noch einen großen Bedarf gibt, über die Krankheitsbilder, Diagnostik und Therapie von PVL-positiven *S. aureus* aufzuklären. Die Patientinnen- und Patientenversorgung im ambulanten Bereich gestaltet sich dabei oft komplex und herausfordernd.

Fazit

Insgesamt wurde nach der zweitägigen Veranstaltung deutlich, welchen wichtigen Beitrag MRE- und Infektionspräventionsnetzwerke zur Gesundheitsversorgung leisten. Die MRE-Netzwerkarbeit in Deutschland muss zunehmend einen Balanceakt vollführen: Altbewährte MRE-Expertisen müssen erhalten bzw. ausgebaut und neue Themen vorausschauend und bedarfsorientiert aufgegriffen werden, ohne Gefahr zu laufen, dass eine Verwässerung der Aufgaben und unklare Zuständigkeiten die erfolgreiche Netzwerkarbeit behindern. Es braucht Kümmerer für die Netzwerkarbeit. Das öffentliche Interesse an der Netzwerkarbeit ist vorhanden, es sollte aber weiter insbesondere auf die Herausforderungen der Netzwerkarbeit sensibilisiert werden, denn Netzwerkarbeit stärkt auch die *Pandemic Preparedness*. Dafür muss auch die Gesundheitspolitik anstelle einer reaktiven eine vorausschauende Basis stellen. Das nächste Treffen findet voraussichtlich 2027 statt.

Literatur

- 1 European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) (2023) Surveillance Atlas of Infectious Diseases. <https://atlas.ecdc.europa.eu/public/index.aspx>. Zugriffen: 19.08.2025
- 2 One Health Trust (Resistance Map Antibiotic Resistance. <https://resistancemap.onehealthtrust.org/AntibioticResistance.php>. Zugriffen: 19.08.2025
- 3 van Hal SJ, Willems RJL, Gouliouris T et al (2021) The global dissemination of hospital clones of *Enterococcus faecium*. *Genome Med* 13(1):52
- 4 Peirano G, Chen L, Kreiswirth BN, Pitout JDD (2020) Emerging Antimicrobial-Resistant High-Risk *Klebsiella pneumoniae* Clones ST307 and ST147. *Antimicrob Agents Chemother* 64(10)
- 5 Maugeri G, Calvo M, Bongiorno D et al (2025) Sequencing Analysis of Invasive Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Isolates Secondary to Gastrointestinal Colonization. *Microorganisms* 13(1)
- 6 Loconsole D, Accogli M, De Robertis AL et al (2020) Emerging high-risk ST101 and ST307 carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* clones from bloodstream infections in Southern Italy. *Ann Clin Microbiol Antimicrob* 19(1):24
- 7 Cai M, Song K, Wang R, Wang S, Chen H, Wang H (2024) Tracking intra-species and inter-genus transmission of KPC through global plasmids mining. *Cell Rep* 43(6):114351
- 8 Pfennigwerth N, Cremanns M, Eisfeld J, Hans J, Anders A, Gatermann S (2025) Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Kranken-

- hauserreger – Zeitraum 1. Januar 2023 bis 31. Dezember 2023. *Epid Bull* 2025;2:3–11
- 9 Haley RW, Quade D, Freeman HE, Bennett JV (1980) The SENIC Project. Study on the efficacy of nosocomial infection control (SENIC Project). Summary of study design. *Am J Epidemiol* 111(5):472–485
- 10 Infektionsschutzgesetz vom 20. Juli 2000 (BGBl. I S. 1045), das zuletzt durch Artikel 8v des Gesetzes vom 12. Dezember 2023 (BGBl. 2023 I Nr. 359) geändert worden ist.
- 11 Bekanntmachung des Robert Koch-Institutes (2013) Surveillance nosokomialer Infektionen sowie die Erfassung von Krankheitserregern mit speziellen Resistenzen und Multiresistenzen. Fortschreibung der Liste der gemäß § 4 Abs. 2 Nr. 2 Buchstabe b in Verbindung mit § 23 Abs. 4 IfSG zu erfassenden nosokomialen Infektionen und Krankheitserreger mit speziellen Resistenzen und Multiresistenzen. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 56(4):580–583
- 12 Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen (2024) Informationen zum KISS. <https://www.nrz-hygiene.de/kiss>. Zugegriffen: 19.08.2025
- 13 Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen (2017) Definitionen nosokomialer Infektionen für die Surveillance im Krankenhaus Infektions-Surveillance-System (KISS-Definitionen). https://www.nrz-hygiene.de/files/KISS-Definitionen/KISS_Definitionen_E-Book_Neuauflage_06_2017.pdf. Zugegriffen: 19.08.2025
- 14 Hayakawa K, Marchaim D, Bathina P et al (2013) Independent risk factors for the co-colonization of vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis* and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in the region most endemic for vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* isolation. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 32(6):815–820
- 15 Reyes K, Malik R, Moore C et al (2010) Evaluation of risk factors for coinfection or cocolonization with vancomycin-resistant enterococcus and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 48(2):628–630
- 16 Wang Z, Cao B, Liu YM, Gu L, Wang C (2009) Investigation of the prevalence of patients co-colonized or infected with methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and vancomycin-resistant enterococci in China: a hospital-based study. *Chin Med J (Engl)* 122(11):1283–1288
- 17 Westgeest AC, Hanssen LJ, de Boer MGJ, Schippers EF, Lambregts MMC (2025) Eradication of community-onset Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carriage: a narrative review. *Clin Microbiol Infect* 31(2):173–181
- 18 Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) (2014) Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 57(6):695–732
- 19 Righi E, Muters NT, Guirao X et al (2024) European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases/European Committee on infection control clinical guidelines on pre-operative decolonization and targeted prophylaxis in patients colonized by multidrug-resistant Gram-positive bacteria before surgery. *Clin Microbiol Infect* 30(12):1537–1550
- 20 Lübbert C, Fauchoux S, Becker-Rux D et al (2013) Rapid emergence of secondary resistance to gentamicin and colistin following selective digestive decontamination in patients with KPC-2-producing *Klebsiella pneumoniae*: a single-centre experience. *Int J Antimicrob Agents* 42(6):565–570
- 21 Macareño-Castro J, Solano-Salazar A, Dong LT, Mohiuddin M, Espinoza JL (2022) Fecal microbiota transplantation for Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae: A systematic review. *J Infect* 84(6):749–759
- 22 Arcilla MS, van Hattem JM, Haverkate MR et al (2017) Import and spread of extended-spectrum β -lactamase-producing Enterobacteriaceae by international travellers (COMBAT study): a prospective, multicentre cohort study. *Lancet Infect Dis* 17(1):78–85
- 23 Wendt S, Böhm P, Daniel J, Lippmann N, Lübbert C (2020) How are travellers colonized with antimicrobial-resistant bacteria? *J Travel Med* 27(1)
- 24 Lübbert C, Straube L, Stein C et al (2015) Colonization with extended-spectrum beta-lactamase-producing and carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in international travelers returning to Germany. *Int J Med Microbiol* 305(1):148–156
- 25 Lübbert C, Baars C, Dayakar A et al (2017) Environmental pollution with antimicrobial agents from bulk drug manufacturing industries in Hyderabad, South India, is associated with dissemination of extended-spectrum beta-lactamase and carbapene-

- mase-producing pathogens. *Infection* 45(4):479–491
- 26 Walter J, Lübbert C (2020) Rückkehr aus den Tropen und Subtropen: Risiko der Kolonisation mit ESBL-Bildnern. *Krankenhaushygiene uo2date*(15):63–74
- 27 Kajova M, Khawaja T, Kangas J, Mäkinen H, Kantele A (2021) Import of multidrug-resistant bacteria from abroad through interhospital transfers, Finland, 2010–2019. *Euro Surveill* 26(39)
- 28 Lübbert C, Lippmann N, Busch T et al (2014) Long-term carriage of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase-2-producing K pneumoniae after a large single-center outbreak in Germany. *Am J Infect Control* 42(4):376–380
- 29 Hoffmann M, Fischer MA, Neumann B et al (2023) Carbapenemase-producing Gram-negative bacteria in hospital wastewater, wastewater treatment plants and surface waters in a metropolitan area in Germany, 2020. *Sci Total Environ* 890:164179
- 30 Hermesen ED, Amos J, Townsend A, Becker T, Hargreaves S (2025) Antimicrobial resistance among refugees and asylum seekers: a global systematic review and meta-analysis. *Lancet Infect Dis* 25(1):e34–e43
- 31 Altmann D, Bös L, Brodhun B et al (2025) Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2023.
- 32 Dietze N, Trawinski H, Schönherr SG et al (2022) Infektionsmedizinische und chirurgische Herausforderungen durch Carbapenem-resistente bakterielle Erreger bei der Versorgung Kriegsverletzter aus der Ukraine. *Epid Bull* 2022;36:3-10
- 33 Shon AS, S. BRP, and Russo TA (2013) Hypervirulent (hypermucoviscous) *Klebsiella pneumoniae*. *Virulence* 4(2):107–118
- 34 Chan T, Lauscher J, Chan A, Law C, Karanickolas P (2018) Hypermucoviscous *Klebsiella pneumoniae* liver abscess requiring liver resection. *BMJ Case Rep* 2018
- 35 Russo TA, Marr CM (2019) Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. *Clin Microbiol Rev* 32(3)
- 36 WHO (2024) Disease Outbreak News; Antimicrobial Resistance, Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* - Global situation. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON527>. Zugegriffen: 19.08.2025
- 37 Haak J, Klempien I, Hans JB et al (2025) Endoscope-associated outbreak of OXA-181-carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* and its implications for hygiene management. *J Hosp Infect* 158:19–28
- 38 Primo MGB, Tipple AFV, Costa DM et al (2022) Biofilm accumulation in new flexible gastroscopie channels in clinical use. *Infect Control Hosp Epidemiol* 43(2):174–180
- 39 Brunke MS, Konrat K, Schaudinn C et al (2022) Tolerance of biofilm of a carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* involved in a duodenoscopy-associated outbreak to the disinfectant used in reprocessing. *Antimicrob Resist Infect Control* 11(1):81
- 40 Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) (2024) Anlage 8: Anforderungen an die Hygiene bei der Aufbereitung thermolabiler Endoskope. *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz* 67(12):1410–1468
- 41 Satoh K, Makimura K, Hasumi Y, Nishiyama Y, Uchida K, Yamaguchi H (2009) *Candida auris* sp. nov., a novel ascomycetous yeast isolated from the external ear canal of an inpatient in a Japanese hospital. *Microbiol Immunol* 53(1):41–44
- 42 Byun SA, Kwon YJ, Lee GY et al (2023) Virulence Traits and Azole Resistance in Korean *Candida auris* Isolates. *J Fungi (Basel)* 9(10)
- 43 Aldejohann AM, Hecht J, Martin R, Walther G, Kurzai O (2024) Zunahme von *Candida auris* in Deutschland im Jahr 2023. *Epid Bull* 2024;18:3-7
- 44 Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (2024) *Candida auris*. <https://www.cdc.gov/candida-auris/about/index.html>. Zugegriffen: 19.08.2025
- 45 Hinrichs C, Wiese-Posselt M, Graf B et al (2022) Successful control of *Candida auris* transmission in a German COVID-19 intensive care unit. *Mycoses* 65(6):643–649
- 46 Aldejohann AM, Wiese-Posselt M, Gastmeier P, Kurzai O (2022) Expert recommendations for prevention and management of *Candida auris* transmission. *Mycoses* 65(6):590–598
- 47 Simon A, Christiansen B (2012) Zur Fortentwicklung der Arbeiten bei den Empfehlungen der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO). *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz* 55(11):1427–1431

- 48 Geschäftsordnung der Kommission für Infektionsprävention in medizinischen Einrichtungen und in Einrichtungen und Unternehmen der Pflege und Eingliederungshilfe (2014) <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Krankenhaushygiene/KRINKO/Geschaeftsordnung/geschaeftsordnung-node.html>. Zugegriffen: 19.08.2025
- 49 Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) (2023) Erläuterungen zur neuen modularen Struktur der Empfehlungen der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 66(11):1278–1278
- 50 Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) (2023) Integration von SARS-CoV-2 als Erreger von Infektionen in der endemischen Situation in die Empfehlungen der KRINKO „Infektionsprävention im Rahmen der Pflege und Behandlung von Patienten mit übertragbaren Krankheiten“. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 66(11):1279–1301
- 51 Commission for Hospital Hygiene and Infection Prevention (KRINKO) (2024) Hygiene requirements for cleaning and disinfection of surfaces: recommendation of the Commission for Hospital Hygiene and Infection Prevention (KRINKO) at the Robert Koch Institute. GMS Hyg Infect Control 19:Doc13
- 52 Commission for Hospital Hygiene and Infection Prevention (KRINKO) (2024) Commentary by the Commission for Hospital Hygiene and Infection Prevention (KRINKO) on the indication-based use of disposable medical gloves in the healthcare sector. GMS Hyg Infect Control 19:Doc55
- 53 Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) (2024) Kommentar der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) zum indikationsgerechten Einsatz medizinischer Einmalhandschuhe im Gesundheitswesen. [Epid Bull 2024;10:3-15](#)
- 54 Scherer C, Düsing C, Cimiano P et al (2025) Modellprojekt zur Antibiotikaresistenz-Surveillance in Ostwestfalen-Lippe. [Epid Bull 2025;8:10-22](#)
- 55 Hildebrandt A, Lanckohr C, Brinkmann F, Tillmann R, Bornemann R (2023) Netzwerkgründung Antibiotic Stewardship in Westfalen-Lippe. [Epid Bull 2023;10:3-10](#)

Autorinnen

^{a)} Dr. Franziska Lexow | ^{a)} Dr. Jana Maidhof |

^{b)} Dr. Franziska Layer-Nicolaou

^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, Fachgebiet 14 Angewandte Infektions- und Krankenhaushygiene

^{b)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, Fachgebiet 13 Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotikaresistenzen

Korrespondenz: SekretariatFG14@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen geben an, dass kein Interessenkonflikt vorliegt.

Vorgeschlagene Zitierweise

Lexow F, Maidhof J, Layer-Nicolaou F: Bericht über das achte Treffen der Moderatorinnen und Moderatoren der MRE- und Infektionspräventionsnetzwerke am RKI

Epid Bull 2025;40:4-14 | 10.25646/13398

Danksagung

Die Autorinnen bedanken sich bei Dr. Ziech und Dr. Rocker (NLGA) für die Zuarbeit zur Passage des LÄK-Treffens und bei Frau Brüll und Frau Grajcar für die Zusammenfassung der Inhalte des Agora-Workshops. Besonderer Dank geht an Prof. Dr. Arvand (RKI) und Prof. Dr. Werner (FG 13, RKI) für die Veranstaltungsorganisation. Auch danken wir Prof. Dr. Mielke für sein anhaltendes Engagement und seine Impulse bei der Mitgestaltung der MRE- und Infektionspräventions-Netzwerktreffen. Großer Dank geht außerdem an Frau Trieb (FG 14) und Herrn Eichler (FG 13) für ihre Unterstützung bei der Vor- und Nachbereitung des Treffens sowie an alle anderen Beteiligten für die gelungene Tagung.

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](#)

HPV-Schulimpfprogramm im hessischen Landkreis Bergstraße: Effekt auf die Impfquoten in den ersten zehn Jahren nach Einführung

Hintergrund

Auch mehr als 15 Jahre nach Einführung der Impfung gegen Humane Papillomviren (HPV) in Deutschland und einer zeitnahen Empfehlung der Ständigen Impfkommission (STIKO) im Jahr 2007 für Mädchen¹ und 2018 für Jungen² bleiben die HPV-Impfquoten niedrig. So waren 2023 bundesweit nur etwa die Hälfte der 15-jährigen Mädchen und rund ein Drittel der gleichaltrigen Jungen vollständig gegen HPV geimpft.³ Empfohlen ist die Impfung derzeit mit zwei Impfstoffdosen für alle Kinder im Alter von 9–14 Jahren sowie als Nachholimpfung bis einschließlich 17 Jahre.⁴ Studien zeigen, dass die Wirksamkeit der Impfung stark vom Alter bei der ersten Impfung abhängt: So betrug beispielsweise die Impfeffektivität gegen Gebärmutterhalskrebs bei einer Impfung im Alter von 12–13 Jahren 87 %, gegenüber 62 % im Alter von 14–16 Jahren und 34 % im Alter von 16–18 Jahren.⁵ Grund dafür ist, dass die Impfung am besten wirkt, wenn sie vor dem ersten Kontakt mit HPV gegeben wird, der Anteil an HPV-naiven Personen aber relativ schnell mit zunehmendem Alter abnimmt.

Als wirksame Maßnahme zur Impfquotensteigerung wird immer wieder auf den Erfolg nationaler HPV-Schulimpfprogramme in Ländern mit hohen HPV-Impfquoten hingewiesen.^{6–8} Die Akzeptanz von Impfungen und von Maßnahmen zur Impfquotensteigerung ist aber oftmals sehr vom jeweiligen Kontext abhängig. Ob sich HPV-Schulimpfprogramme daher auf Länder ohne etablierte Infrastruktur für Schulimpfungen oder Schulgesundheitsvorsorge erfolgreich übertragen lassen, ist bisher kaum untersucht.^{9–12} Deswegen ist es wichtig, den Effekt von HPV-Schulimpfprogrammen im deutschen Kontext weiter zu evaluieren. Derzeit existieren (Pilot-) HPV-Schulimpfprogramme in der Stadt Bremen,¹³ in Leipzig¹⁴ und im Landkreis (LK) Bergstraße.¹⁵ Jedoch unterscheiden sie sich z. B. hinsichtlich Alter der Zielgruppe oder Programmumfang.¹⁶

Im Jahr 2022 veröffentlichte das Robert Koch-Institut (RKI) im *Epidemiologischen Bulletin* eine erste Evaluation des HPV-Schulimpfprogramms im LK Bergstraße im Hinblick auf den Effekt auf die HPV-Impfquoten im LK, basierend auf Abrechnungsdaten der Kassenärztlichen Vereinigungen (KV) für die Jahre 2014–2020.¹⁷ Das Schulimpfprogramm im LK Bergstraße begann im Schuljahr 2015/16 mit zunächst sechs Schulen und richtete sich an Mädchen der 4. Klassen.¹⁵ Bis zu den Schuljahren 2018/19 und 2019/20 erreichte das Schulimpfangebot rund die Hälfte aller Viertklässlerinnen im LK,¹⁷ bevor es pandemiebedingt ab 2020 pausierte. Ab 2023 fanden wieder erste Schulimpfungen statt.¹⁸ Anhand der Analyse von KV-Abrechnungsdaten im Rahmen der o. g. Evaluation konnte gezeigt werden, dass im LK Bergstraße Mädchen deutlich früher gegen HPV geimpft wurden als in anderen hessischen LK (altersmäßige „Linksverschiebung“), und dass die Impfserie dort häufiger innerhalb eines Jahres abgeschlossen wurde.¹⁷ Da die KV-Daten bisher jedoch nur bis 2020 vorlagen, konnte nicht abschließend beurteilt werden, ob im LK Bergstraße bei Mädchen bis zum Alter von 15 Jahren – also nach Ende des von der STIKO empfohlenen Impfzeitraums – höhere Impfquoten erreicht wurden als in anderen hessischen LK ohne Schulimpfangebot. Inzwischen liegen KV-Daten bis einschließlich 2024 vor, sodass eine abschließende Evaluation möglich ist.

Methodik

Die um die Jahre 2021–2024 erweiterten Impfstutenauswertungen basieren erneut auf Daten der KV Hessen. Die Methodik entspricht der früheren Evaluation.¹¹ Für die Auswertung lag der Fokus auf den weiblichen Jahrgängen mit Schulimpfangebot in den Schuljahren 2017/18, 2018/19 und 2019/20. Die Impfquoten dieser Jahrgänge wurden jeweils vom Zeitpunkt des Impfangebots (im Alter von 10 Jahren) im Jahr 2017, 2018 bzw. 2019 bis zu den

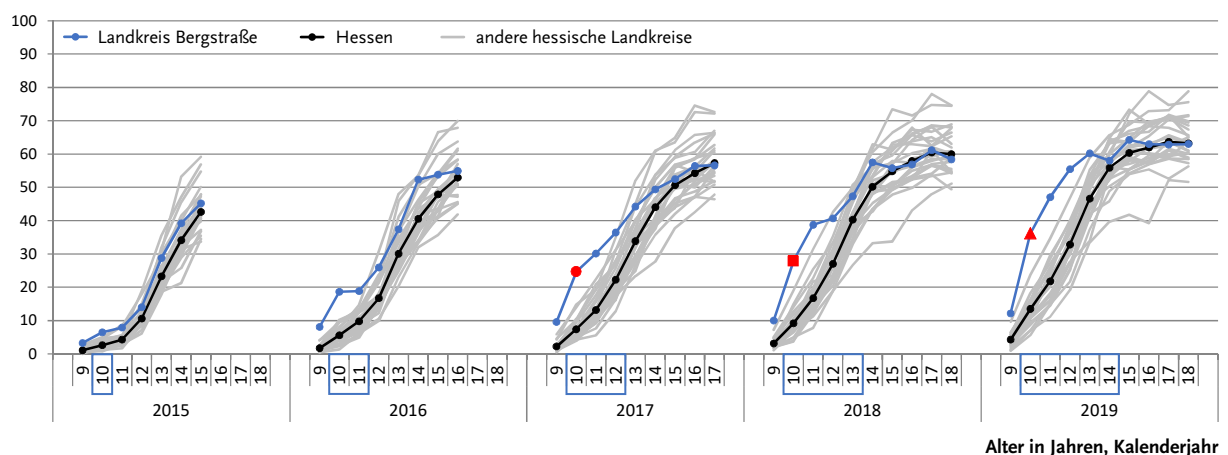
Jahren 2022, 2023 bzw. 2024 (dann jeweils als 15-Jährige) nachverfolgt. Für jeden der Jahrgänge konnte damit die Impfquotenentwicklung über insgesamt fünf Jahre verfolgt werden.

Ergebnisse

Abbildung 1 zeigt die HPV-Impfquoten (1. Impfstoffdosis) bei 9- bis 18-jährigen Mädchen im LK Bergstraße (blau) im Vergleich zu den übrigen hessischen LK (grau) und gesamt Hessen (schwarz) für die Jahre 2015–2024. Allgemein ist eine frühere Impfung im LK Bergstraße als im hessischen

Durchschnitt erkennbar. Dies trifft sowohl auf den ursprünglichen Beobachtungszeitraum (2015–2020) als auch auf den erweiterten Beobachtungszeitraum (2021–2024) zu, wenn auch im letzteren weniger deutlich ausgeprägt. Gleichzeitig zeigen die Daten, dass über die Jahre auch in den übrigen hessischen LK zunehmend früher geimpft wurde. Durch diese generelle Linksverschiebung der Impfquotenverläufe in den hessischen LK nähern sich die Kurven für den LK Bergstraße und gesamt Hessen zunehmend an. Ein Rückgang der HPV-Impfquoten während des Pandemiezeitraums ist in den hessischen LK nicht zu erkennen.

Impfquote in %



Impfquote in %

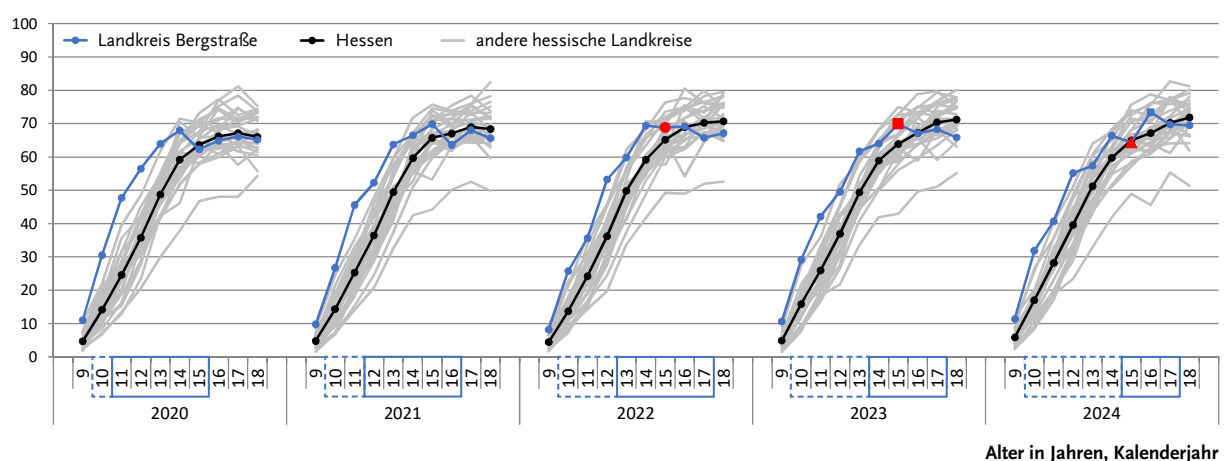


Abb. 1 | HPV-Impfquoten (1. Impfstoffdosis) für 9- bis 18-jährige Mädchen im Landkreis (LK) Bergstraße (blau) im Vergleich mit den anderen hessischen LK (grau) und gesamt Hessen (schwarz) für die Jahre 2015–2024. Die unterschiedlichen roten Markierungen kennzeichnen die HPV-Impfquoten bei 10-jährigen Mädchen mit Schulimpfangebot im LK Bergstraße für die Jahre 2017 (Kreis), 2018 (Quadrat) und 2019 (Dreieck) und erneut im Alter von 15 Jahren (Kalenderjahre 2022, 2023 und 2024). Blau umrahmt an der x-Achse: Altersgruppen der Mädchen, die im jeweiligen Jahr oder den Vorjahren vom seit 2015 bestehenden Schulimpfprogramm theoretisch erfasst werden konnten. Gestrichelt umrahmt an der x-Achse: vom Aussetzen/von Reduzierung des Schulimpfprogramms betroffene Altersgruppen in der COVID-19-Pandemie und danach.

In den Jahren, in denen das Schulimpfprogramm im LK Bergstraße bis zu 50 % aller Mädchen erreichte, lag die HPV-Impfquote für die 1. Impfstoffdosis bei den 10-Jährigen bei 25 % (2017, roter Punkt), 28 % (2018, rotes Quadrat) und 36 % (2019, rotes Dreieck). Fünf Jahre später, mit 15 Jahren, waren die Impfquoten auf 69 % (2022), 70 % (2023) und 64 % (2024) angestiegen. Alle drei Werte lagen leicht über oder entsprachen der Impfquote für ganz Hessen (2022: 65 %, 2023: 64 % und 2024: 65 %). Verglichen mit den anderen 25 hessischen LK lag der LK Bergstraße mit diesen HPV-Impfquoten zwischen 2022 und 2024 an 9., 6. und 14. Stelle der hessischen LK. Ähnliche Ränge nahm der LK Bergstraße auch bereits in den Jahren vor dem Schulimpfangebot ein: Hier bewegte er sich bei den 15-jährigen Mädchen im Zeitraum 2015–2019 ebenfalls zwischen dem 6. und 13. Rang ohne erkennbaren Trend.

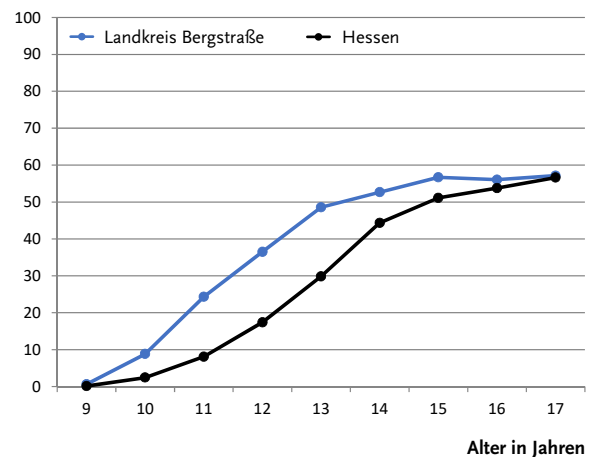
Abbildung 2 stellt den Verlauf der HPV-Impfquoten (vollständige Impfsérie) für die drei Geburtskohorten 2007–2009 (s. Abb. 2A–C) für den LK Bergstraße und gesamt Hessen dar. Die drei Gruppen entsprechen den in Abbildung 1 rot mit einem Punkt (2007), Quadrat (2008) und Dreieck (2009) markierten Geburtskohorten im LK Bergstraße. Während im LK Bergstraße die Impfquoten zunächst schnell ansteigen, flacht dieser Anstieg mit zunehmendem Alter ab. Für gesamt Hessen zeigt sich das umgekehrte Muster: ein anfänglich flacher, später steilerer Anstieg. Ab dem Alter von 15 Jahren gleichen sich die Impfquoten an und unterscheiden sich nur noch geringfügig. Ein geringer weiterer Zuwachs erfolgt bei den 15- bis 17-jährigen noch im Rahmen der Nachholimpfempfehlung sowohl im LK Bergstraße als auch in gesamt Hessen.

Diskussion

Die hier vorgestellte Evaluation untersucht vorrangig den Effekt des HPV-Schulimpfprogramms auf die HPV-Impfquoten als primäres Ziel der Interventionsmaßnahme. Aspekte wie Kosten (insbesondere bei fehlender schulischer Infrastruktur) und organisatorischer Aufwand (z. B. das Einholen von Einwilligungserklärungen, Umgang mit Sprachbarrieren) wurden nicht berücksichtigt.

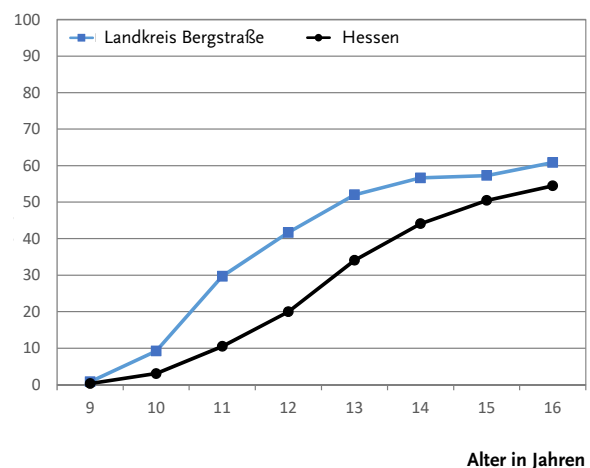
Impfquote in %

A Geburtsjahrgang 2007, 2016–2024



Impfquote in %

B Geburtsjahrgang 2008, 2017–2024



Impfquote in %

C Geburtsjahrgang 2009, 2018–2024

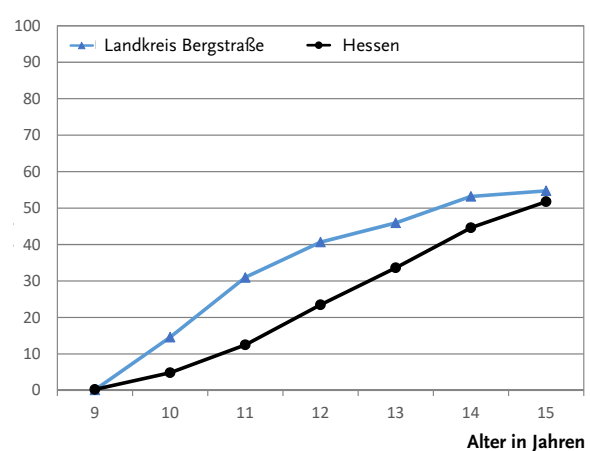


Abb. 2 | HPV-Impfquote (vollständige Impfsérie) für Mädchen im Landkreis Bergstraße (blau) und gesamt Hessen (schwarz) nach Alter, jeweils nach unterschiedlichen Geburtsjahrgängen und Beobachtungszeiträumen.

Zusammenfassend zeigen die Daten aus dem nun längeren Beobachtungszeitraum von insgesamt zehn Jahren, dass das Schulimpfangebot im LK Bergstraße die Inanspruchnahme der HPV-Impfung insgesamt nicht deutlich steigern konnte. Dies lässt vermuten, dass durch das Schulimpfangebot vor allem Familien erreicht wurden, die ohnehin zur Impfung bereit waren, während neue Elterngruppen nicht hinzugewonnen wurden.

In den hessischen LK ist im Zeitraum der COVID-19-Pandemie kein Rückgang der HPV-Impfquoten erkennbar. Daher ist es unwahrscheinlich, dass die Pandemie der Grund dafür ist, dass die Impfquoten im LK Bergstraße in den drei Geburtskohorten kaum über dem hessischen Durchschnitt lagen.

Auch während das Schulimpfprogramm 2020–2022 pandemiebedingt ausgesetzt war, war im LK Bergstraße noch eine altersmäßige Linksverschiebung bei den Impfquoten der jüngeren Mädchen zu erkennen. Da das Programm von freiwilligen Impfärztinnen und -ärzten aus dem niedergelassenen Bereich getragen wird, ist anzunehmen, dass diese Ärztinnen und Ärzte auch während der COVID-19-Pandemie in ihren Praxen weiterhin eher jüngere Mädchen gegen HPV geimpft haben.

Dazu zeigte sich in den letzten Jahren erfreulicherweise eine generelle Tendenz zu früheren Impfungen in ganz Hessen, sodass sich die Unterschiede zwischen der altersmäßigen Linksverschiebung im LK Bergstraße und dem Landesdurchschnitt zunehmend anglichen.

Fazit

Die Evaluation des hessischen Modellprojekts zeigt, dass das HPV-Schulimpfprogramm im LK Bergstraße den Impfzeitpunkt vorverlagern konnte, jedoch insgesamt nicht zu wesentlich höheren Impfquoten im Vergleich zu gesamt Hessen geführt hat. Für eine differenzierte Bewertung von Schulimpfprogrammen in Deutschland ist daher wichtig zu verstehen, welche Bevölkerungsgruppen tatsächlich erreicht werden und bei welchen weiterhin Barrieren bestehen. Entscheidend ist dabei die Frage, ob es sich überwiegend um Eltern handelt, die ihre Kinder ohnehin hätten impfen lassen, ob auch Eltern erreicht werden, die sonst von bestimmten Barrieren abgehalten würden, oder ob auch bisher skeptische Familien durch das Angebot einer Schulimpfung angesprochen werden. Eine genauere Analyse dieser Aspekte würde erlauben, den möglichen Beitrag von Schulimpfprogrammen zur Steigerung der HPV-Impfquoten im deutschen Kontext klarer einordnen zu können.

Literatur

- 1 Ständige Impfkommision (STIKO) (2007) Impfung gegen humane Papillomaviren (HPV) für Mädchen von 12 bis 17 Jahren – Empfehlung und Begründung. *Epid Bull* 2007;12:97–103.
- 2 AG HPV der Ständigen Impfkommision (STIKO) (2018) Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung der HPV-Impfung für Jungen im Alter von 9 bis 14 Jahren. *Epid Bull* 2018;26:233–250. 10.17886/EpiBull-2018-032.1
- 3 Robert Koch-Institut (2021) VacMap. Humane Papillomviren (HPV). https://public.data.rki.de/t/public/views/VacMap/HPV_Impfspez_Dashboard-Templatev2?%3Aembed=y&%3AisGuestRedirect-FromVizportal=y. Zugegriffen: 25. September 2025
- 4 Ständige Impfkommision: Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2025. *Epid Bull* 2025;4:1-75 | DOI 10.25646/12971.5
- 5 Falcaro M, Castanon A, Ndlela B et al. (2021) The effects of the national HPV vaccination programme

- in England, UK, on cervical cancer and grade 3 cervical intraepithelial neoplasia incidence: a register-based observational study. *Lancet* 398(10316):2084-2092. DOI 10.1016/S0140-6736(21)02178-4
- 6 Deutsches Ärzteblatt (2024) STIKO-Chef für Schulimpfungen zur Steigerung der HPV-Impfquote unter Kindern. <https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/150222/STIKO-Chef-fuer-Schulimpfungen-zur-Steigerung-der-HPV-Impfquote-unter-Kindern>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 7 Frankfurter Allgemeine Zeitung (2024) Deutschland bleibt nur die Schulimpfung. <https://www.faz.net/aktuell/wissen/krebsmedizin/vorsorge-impfung-gegen-krebs-wird-bald-in-der-schule-geimpft-19793303.html>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 8 Freie Demokraten (FDP) Landtagsfraktion Nordrhein-Westfalen (2024) Initiative. HPV-Impfungen fördern – freiwillige Schulimpfungen einführen! <https://fdp.fraktion.nrw/initiative/hpv-impfungen-foerdern-freiwillige-schulimpfungen-einfuehren>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 9 Singer R, Hübötter I, Hölzner F et al (2024) School vaccination programmes to increase HPV vaccination coverage – experiences from Bremen, Germany. *Vaccine* 45:126636. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2024.126636>
- 10 Takla A, Singer R, Hübötter I et al (2025) Das HPV-Schulimpfprogramm der Stadt Bremen und seine Effekte auf die Inanspruchnahme der HPV-Impfung 2015–2023. *Epid Bull* 2025;7:3-11. <https://doi.org/10.25646/13010>
- 11 Stark S, Rodemerk H, Hösemann C et al (2022) Aktuelle Ergebnisse des HPV-Schulimpfprojektes in Sachsen. *Geburtshilfe Frauenheilkd* 82(6):e15
- 12 Stark S, Rodemerk H, Dornhöfer N et al (2024) HPV-Impfung in Deutschland: Aktueller Stand und Herausforderungen. *Ärzteblatt Sachsen* 4:23-29
- 13 Gesundheitsamt Bremen Impfungen von Kindern und Jugendlichen/Schulimpfungen. <https://www.gesundheitsamt.bremen.de/infektionsschutz/impfungen-und-reisemedizin/impfungen-von-kindern-und-jugendlichen-schulimpfungen-1647>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 14 HPV-Schulimpfprojekt (2019) HPV-Impfung in der Schule! <http://www.hpv-schulimpfprojekt.de/>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 15 preventa Stiftung Freiwillige HPV-Schulimpfung. <https://ja-ich-auch.imwi.de/beschreibung/>. Zugegriffen: 25. September 2025
- 16 Takla A, Schmid-Küpke N, Wichmann O (2025) Potenzial und Limitationen von Schulimpfprogrammen zur Steigerung der HPV-Impfquoten in Deutschland. *Bundesgesundheitsbl* 68:416–425. <https://doi.org/10.1007/s00103-025-04029-1>
- 17 Takla A, Schmid-Küpke N, Wichmann O et al (2022) Schulimpfprogramme als Lösung zur Steigerung der HPV-Impfquoten in Deutschland? Entwicklung der Impfquoten in einer hessischen Modellregion mit Schulimpfprogramm. *Epid Bull* 2022;20:3-11. DOI: 10.25646/10039
- 18 preventa Stiftung (2025) Aktuelles. <https://ja-ich-auch.imwi.de/category/aktuelles/>. Zugegriffen: 25. September 2025

Autoren

Anja Takla | Thorsten Rieck

Fachgebiet Impfprävention, STIKO, Abteilung für Infektionsepidemiologie, Robert Koch-Institut

Korrespondenz: TaklaA@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autoren geben an, dass keine Interessenskonflikte bestehen.

Vorgeschlagene Zitierweise

Takla A, Rieck T: HPV-Schulimpfprogramm im hessischen Landkreis Bergstraße: Effekt auf die Impfquoten in den ersten zehn Jahren nach Einführung
Epid Bull 2025;40:15-19 | 10.25646/13468

Danksagung

Wir danken der KV Hessen für die Bereitstellung der Abrechnungsdaten im Rahmen der KV-Impfsurveillance.

Open access



Creative Commons Namensnennung 4.0 International

Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen, 2025

Seit Ende August 2025 untersuchen die zuständigen Behörden des Landes Mecklenburg-Vorpommern und der dortigen Stadt- und Landkreise mit Unterstützung des Robert Koch-Instituts (RKI) eine Häufung von Erkrankungsfällen mit Infektionen durch enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC).¹ Größtenteils sind Kinder unter 10 Jahren betroffen, z. T. mit Ausprägung eines hämolytisch-urämisches Syndroms (HUS), einer schweren systemischen Komplikation einer EHEC-Infektion.

Im RKI, am Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger wurde der ursächliche Erreger für diesen Ausbruch als EHEC des Serotyps O45:H2 identifiziert. Der Ausbruchsstamm trägt das Shigatoxin-Gen *stx2a*, das Intimin-Gen *eaeA* und das Enterohämolysin-Gen *ehxA*.²

Epidemiologische Lage

Mit Stand 1.10.2025 werden dem Ausbruch 137 bestätigte EHEC-/HUS-Erkrankungsfälle zugerechnet. Von den bestätigten Fällen sind 38/137 HUS-Fälle, 93/137 EHEC-Fälle und bei 6/137 Fällen ist dies unbekannt. Zusätzlich zu den bestätigten Fällen werden 6 wahrscheinliche Ausbruchsfälle und 112 mögliche Ausbruchsfälle gezählt, bei denen noch unklar ist, ob sie wirklich Teil des Ausbruchs sind. Hier steht das Laborergebnis der Spezialdiagnostik noch aus. Insgesamt werden somit 255 EHEC-/HUS-Fälle mit dem Ausbruchsgeschehen in Zusammenhang gebracht. Es wurde kein bestätigter Fall als verstorben übermittelt, eine über 90-jährige Patientin mit HUS (wahrscheinlicher Fall ohne Laborbestätigung) verstarb.

Die Erkrankungsbeginne der bestätigten Fälle liegen zwischen dem 11.8.2025 und dem 19.9.2025 (s. Abb. 1). Zwischen dem 17.8.2025 und 12.9.2025 traten täglich 2–9 Erkrankungsfälle auf. Da die Prozesse für Diagnostik, Meldung und Versand der

Isolate einige Zeit in Anspruch nehmen, sind die Daten der letzten Tage noch unvollständig.

Der Altersmedian der bestätigten Fälle liegt bei 4 Jahren (Altersspanne 0–94 Jahre). Unter den bestätigten Fällen, für die entsprechende Angaben vorliegen, sind 51 % weiblich.

Es gibt bei diesem Ausbruch zwei geografische Schwerpunkte. In den ersten zwei Wochen waren fast ausschließlich Personen betroffen, die sich in den Tagen vor Erkrankungsbeginn in Mecklenburg-Vorpommern aufgehalten hatten, z. B. als Urlauber, oder die Einwohner Mecklenburg-Vorpommerns sind. Es sind aber auch sporadisch einige Personen in anderen Bundesländern im Nordosten Deutschlands erkrankt (z. B. Schleswig-Holstein, Brandenburg), die keinen offensichtlichen Bezug zu Mecklenburg-Vorpommern hatten. Die späteren Ausbruchsfälle sind vor allem Personen mit Wohn- oder Aufenthaltsort in Nordrhein-Westfalen. In Nordrhein-Westfalen scheint der Regierungsbezirk Düsseldorf am stärksten betroffen zu sein (s. Abb. 2). Zusätzlich gingen dem RKI über EU-Netzwerke der Infektionsschutzbehörden Informationen zu drei weiteren Fällen mit dem Ausbruchsstamm zu: Sie betrafen eine erkrankte US-Amerikanerin mit Reiseaufenthalt in Mecklenburg-Vorpommern und je ein erkranktes Kind aus Luxemburg und den Niederlanden, die nicht nach Deutschland gereist waren.

Mikrobiologische und genomische Analysen

EHEC des Serovars O45:H2 werden in Deutschland bei Erkrankungen des Menschen selten nachgewiesen. Von Januar 2015 bis Juni 2025 hat das NRZ in der genombasierten nationalen Surveillance von klinischen EHEC nur 13 Stämme dieses Serovars unter 10.633 analysierten Proben detektiert, davon vier im Zusammenhang mit HUS-Erkrankungen.²

Anzahl bestätigte Ausbruchsfälle

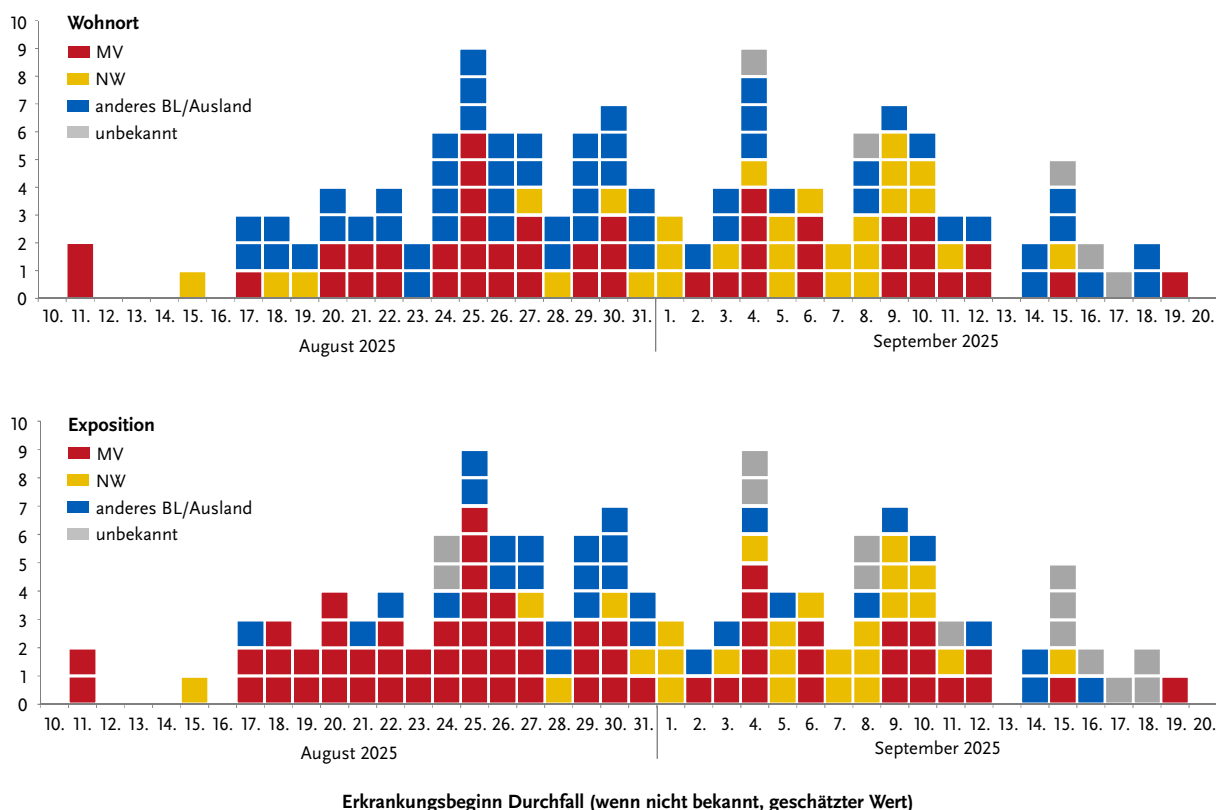


Abb. 1 | Epidemiologische Kurve zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern (MV) und Nordrhein-Westfalen (NW) nach Erkrankungsbeginn (Symptom Durchfall). Oben die Anzahl der bestätigten Ausbruchsfälle (gemäß Falldefinition) nach Landkreis der Meldung. Unten die Anzahl der Ausbruchsfälle nach Ort der wahrscheinlichen Exposition (Stand: 1.10.2025)

Diese Isolate sind mit dem Ausbruchsstamm genetisch nicht nah verwandt. Im Rahmen der Integrierten Genomischen Surveillance (IGS) werden alle am NRZ eingehenden EHEC genomsequenziert. Für den Austausch mit weiteren Partnern, u. a. Konsiliarlabor (KL) HUS an der Universität Münster, Landesbehörden und Behörden der Lebensmittelseite, werden die Sequenzen in die Datenbank des Genomnetzwerkes MiGenomeSurv (www.migenomesurv.org) eingespeist und auf übereinstimmende Sequenzen untersucht. Es konnte bei 58 von 137 bestätigten Fällen über die Analyse der Erregergenome und mittels cgMLST (MLST = multilocus Sequenztypisierung des Kerngenoms), wo diese auf Basis des Kerngenoms (engl. core genome) miteinander verglichen werden,³ eine Zuordnung zu demselben genetischen Erkrankungskuster erfolgen (s. Abb. 3). Die Ausbruchsisolate bilden ein deutlich abgrenzbares genomisches Cluster, welches von weiteren

EHEC O45:H2-Isolaten, die zeitlich und räumlich nicht mit dem aktuellen Geschehen assoziieren, klar abgegrenzt ist. Innerhalb des genomischen Clusters wird im Vergleich zu anderen bekannten EHEC-/HUS-Ausbrüchen eine größere genomische Variabilität beobachtet (s. Abb. 3). Zusätzlich wurden Erregersequenzen über internationale Austauschplattformen zum Abgleich zur Verfügung gestellt. Hierbei konnten die o. g. Fälle in anderen Ländern in die Untersuchungen einbezogen und zugeordnet werden.

Epidemiologische Untersuchungen im aktuellen Ausbruch

Das RKI erstellt zur Beschreibung des Ausbruchsgeschehens seit Beginn der Ausbruchsuntersuchung Listen mit Fällen, die dem Ausbruch zugeordnet werden (Fallliste, „Linelist“). Hier werden die

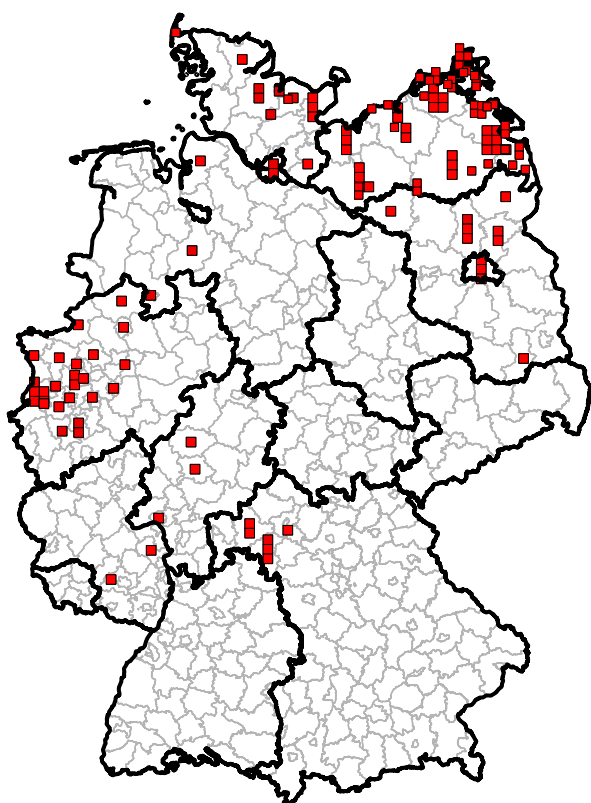
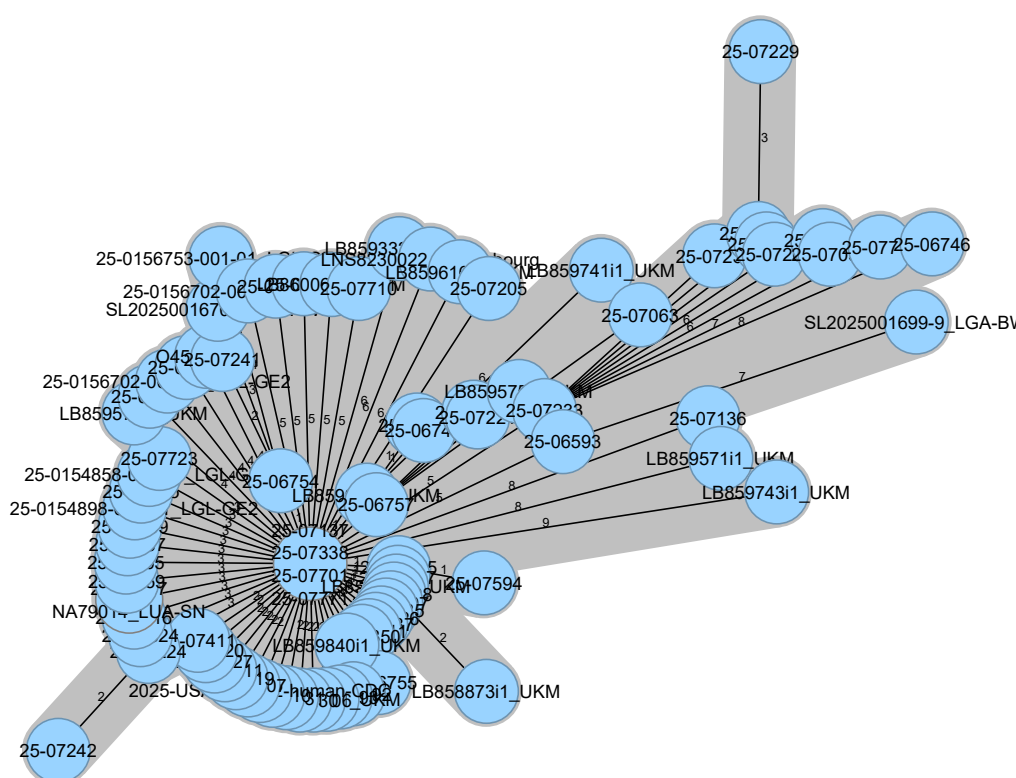


Abb. 2 | Geografische Verbreitung von Ausbruchsfällen des EHEC-/HUS-Ausbruchs in Deutschland. Anzahl der Ausbruchsfälle nach Ort der wahrscheinlichen Exposition. Ist der Ort der Exposition nicht ermittelbar gewesen, so ist der Wohnort dargestellt. (Stand: 1.10.2025)

Informationen u. a. aus den Meldungen von Erkrankungsfällen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), den Ergebnissen der Spezialdiagnostik aus dem NRZ und KL HUS und den weiteren Informationen aus den Landesbehörden für Gesundheit zentral zusammengeführt. Auf Grundlage der Spezialdiagnostik werden Erkrankungsfälle, bei denen der EHEC O45:H2-Ausbruchserreger labordiagnostisch nachgewiesen wird, dem Ausbruch sicher zugeordnet („bestätigte Ausbruchsfälle“). Andere Erkrankungsfälle, bei denen die Spezialdiagnostik noch nicht ausreichend ist und für die kein Erregerisolat am NRZ, KL HUS bzw. an den Landesbehörden vorliegt, werden zunächst als Verdachtsfälle (wahrscheinliche bzw. mögliche Ausbruchsfälle) eingestuft. Diese Falldefinition wird kontinuierlich an die neuen Erkenntnisse im Ausbruchsgeschehen angepasst. Auch Informationen, die über Befragungen von Patientinnen oder Patienten bzw. deren Angehörige ermittelt werden, fließen in die Falllisten ein.

Diese werden werktäglich an alle beteiligten Organisationen versendet.

Übergeordnetes Ziel aller darauf basierenden nachfolgenden Untersuchungen in diesem Ausbruch ist die Aufdeckung von Gemeinsamkeiten unter den Erkrankten, z. B. hinsichtlich Lebensmittelverzehr, Einkaufsorten, Restaurantbesuchen, Trinkwasser, Tierkontakten (z. B. Streichelzoobesuche) oder Baden in Gewässern. Dafür befragt das RKI Erkrankte bzw. deren Eltern telefonisch mit einem sogenannten „explorativen“ Fragebogen (engl. trawling questionnaire). Solche Fragebögen werden auch international bei EHEC-/HUS- und anderen Ausbrüchen verwendet, um Hinweise (Hypothesen) zu möglichen Ursachen und Infektionsquellen zu erhalten. Von den Befragten wird mit einem strukturierten Fragebogen eine Vielzahl möglicher Ansteckungsquellen erhoben. Die detaillierte und auf die jeweiligen Ausbruchsbedingungen zugeschnittene Zusammenstellung eines solchen Fragebogens ist in einem Ausbruchsgeschehen von großer Bedeutung. Auch biologische und epidemiologische Vorkenntnisse zu EHEC-Infektionen fließen ein. Die Befragungen dauern in der Regel mindestens eine Stunde. Dabei muss auch berücksichtigt werden, dass die Befragungen für die Patientinnen und Patienten sowie Eltern von schwerkranken Kindern sehr belastend sein können. Zurzeit werden vor allem bestätigte Erkrankungsfälle von mehreren RKI-Mitarbeiterinnen und -Mitarbeitern telefonisch unter anderem zum Verzehr einer Vielzahl von Lebensmitteln und zu den Einkaufsorten von Lebensmitteln in der Zeit vor ihrem Erkrankungsbeginn befragt. Wenn sich Personen nicht genau an den Verzehr bestimmter Lebensmittel erinnern können, wird der typische Lebensmittelverzehr, inklusive bevorzugter Produkte und Produktnamen, abgefragt. Zusätzlich werden die einzelnen Tage vor dem Erkrankungsbeginn im Detail besprochen und besondere Aktivitäten wie Restaurantbesuche erhoben. Auf Grundlage dieser Angaben kann die Häufigkeit des Verzehrs bestimmter Lebensmittel oder anderer möglicher Expositionen berechnet und epidemiologisch bewertet werden. Bei der Auswertung von Freitextangaben kommt nach Anonymisierung auch künstliche Intelligenz zum Einsatz.



Ergebnisse, Bewertung und Interpretation

Der aktuelle EHEC-/HUS-Ausbruch ist das größte derartige Geschehen seit dem EHEC-/HUS-Ausbruch 2011 (Serotyp O104:H4),⁴ der mit dem Verzehr von Sprossen assoziiert wurde. Der Ausbruch 2011 war jedoch durch eine deutlich höhere und schneller ansteigende Fallzahl sowie durch eine erhebliche Anzahl von Todesfällen gekennzeichnet.

Bezüglich der konkreten Anzahl von Erkrankungsfällen in der Bevölkerung ist auch in dem aktuellen Ausbruch von einer Untererfassung auszugehen, da weiterhin nicht bei allen Patientinnen und Patienten mit blutigem Durchfall oder HUS eine bakterielle Labordiagnostik eingeleitet wird, die die Basis der Infektionssurveillance darstellt. Außerdem wird nur bei einem Anteil der laborbestätigten EHEC-/HUS-Patientinnen und -Patienten eine Erregerisolierung und Spezialdiagnostik eingeleitet, die dann für die Überwachung dieses Ausbruchs genutzt werden kann (siehe IGS).

Bisher wurden über 60 ausführliche Befragungen von bestätigten Erkrankungsfällen oder Angehörigen zu Lebensmitteln und Einkaufsorten durchgeführt. Übertragungen durch Tierkontakte, Kontakte mit Gewässern oder Trinkwasser erscheinen unauffällig in den Auswertungen und als Ausbruchsursache sehr unwahrscheinlich. Es gibt auch keine Gemeinsamkeiten bei den Aufenthaltsorten. Ein großer Anteil der in den Fragebogen eingeschlossenen Lebensmittel werden selten genannt und erscheinen deshalb als Ursache unwahrscheinlich.

Im Gesamtbild der Untersuchungen ist bisher kein einzelnes konkretes Lebensmittel aufgefallen. Zum jetzigen Zeitpunkt der Untersuchungen können auch bestimmte Gruppen von Lebensmittel noch nicht sicher ausgeschlossen werden. Informationen über auffällige Gemeinsamkeiten zwischen Fällen werden regelmäßig den verantwortlichen Behörden kommuniziert und für weitere zielgerichtete Untersuchungen im Bereich der Lebensmittelüberwachung genutzt.

Man muss derzeit davon ausgehen, dass die Ansteckungsquellen noch aktiv sein könnten, d. h. das kontaminierte Lebensmittel noch im Umlauf sind. Die Untersuchungen laufen deshalb intensiv weiter.

Die Dynamik des Gesamtgeschehens hat sich innerhalb der letzten drei Wochen nicht grundlegend geändert, weder nachgelassen noch intensiviert. Es hat aber eine geografische Verlagerung von Mecklenburg-Vorpommern nach Nordrhein-Westfalen stattgefunden. Durch die Vergrößerung des Ausbruchsgebiets werden auch mehr Erkrankte als mögliche Fälle definiert. Diese Definitionsänderung hat die Gesamtfallzahlen inkl. möglicher Fälle am 30.9.2025 deutlich erhöht.

Die Länge des Ausbruchs weist auf eine zeitlich protrahierte Ursache und keine Punktquelle hin. Außerdem deutet die Abwesenheit eines auffälligen Datensignals für ein bestimmtes Lebensmittel als Ergebnis der Befragungen darauf hin, dass mehrere Lebensmittel Ansteckungsquellen für die Patientinnen und Patienten sein könnten und daher nicht erkannt werden. Dies könnte Folge einer Kontamination am Anfang der Lebensmittelproduktionsketten sein. Erkrankungshäufungen, assoziiert z. B. mit Restaurantbesuchen, wurden in diesem Ausbruch bislang nicht bekannt, so dass es vermutlich Lebensmittel aus dem Einzelhandel sind. Es ist auch nicht auszuschließen, dass in Mecklenburg-Vorpommern andere Lebensmittel Infektionsquellen waren bzw. sind, als in Nordrhein-Westfalen. Alternativ oder zusätzlich könnte der Verzehr des auslösenden Lebensmittels aber auch für Menschen außerordentlich schlecht erinnerbar sein („Stealth food vehicle“), wie zum Beispiel Garnierungen, Saucen oder Gewürze und somit von den Befragten nicht genannt werden. Das RKI und die Behörden des Infektionsschutzes der betroffenen Länder sind mit den Behörden der Lebensmittelüberwachung im engen Kontakt.

Integrierte Genomischen Surveillance (IGS) und Ausbruchsuntersuchungen

In diesem Ausbruch wurde mit Hilfe der IGS, welche am RKI für verschiedene Erreger durchgeführt wird, eine hohe genetische Ähnlichkeit der Bakterienisolate festgestellt und ein Ausbruchscluster definiert. Die Grundlage für diese Untersuchung bildet die Sequenzierung der bakteriellen Genome der Erregerisolate, welche anschließend der cgMLST-Analyse unterzogen werden.

Je höher die Übereinstimmung zwischen den Erregern ist, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass diese Bakterienisolate zu einem Ausbruch gehören und sich die zugeordneten Erkrankungsfälle auf eine gemeinsame Ansteckungsquelle zurückführen lassen. Diese Ergebnisse werden Informationen aus den Meldungen einzelner Erkrankungsfälle zugeordnet. Im nächsten Schritt werden detektierte Zuordnungen an die Gesundheitsbehörden der Bundesländer kommuniziert und so für die öffentliche Gesundheit nutzbar gemacht.

Mittels IGS konnten in den letzten Jahren durch das RKI bei lebensmittelübertragenen Erregern bereits sehr erfolgreich bundesweite Ausbrüche detektiert werden und durch epidemiologische Datenerhebungen wertvolle Hinweise auf Ansteckungsquellen gefunden werden. Nachfolgend konnten die Ursachen in Zusammenarbeit mit anderen Behörden abgestellt werden. Dies war z. B. bei einem Listeriose-Ausbruch in Deutschland in Verbindung mit dem Verzehr von Blutwurst⁵ der Fall oder kürzlich bei einem Salmonellose-Ausbruch (*Salmonella* Infantis) bei Säuglingen und Kleinkindern, der durch kontaminiertes Cashewmus verursacht wurde.⁶

Informationen zum Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen sind zum Beispiel beim Bundesinstitut für Risikobewertung abrufbar, in Antworten auf häufig gestellte Fragen „[STEC/EHEC-Infektionen durch Lebensmittel: Risiken erkennen und vorbeugen](#)“, und beim Landesamt für Gesundheit und Soziales in Mecklenburg-Vorpommern: „[EHEC – Hygienetipps und Hinweise](#)“.

Hinweis für diagnostizierende Labore

Diagnostizierende Labore werden gebeten, bei positivem Nachweis von *stx*-Genen in Stuhlproben bzw. der Analyse von HUS-Fällen, Proben zu sichern und unter Weitergabe der DEMIS-Meldungs-ID (Notification-ID) (vgl. <https://wiki.gematik.de/x/ellaHw> und <https://wiki.gematik.de/x/clAwI>) einer vollständigen Typisierung, z. B. im NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger (RKI-Standort Wernigerode) oder dem KL für HUS (Universität Münster) zuzuführen.

Literatur

- 1 RKI: Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern. *Epid Bull* 2025;38:24-28 | 10.25646/13459
- 2 RKI: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC) O45:H2 assoziiert mit Ausbruch in Mecklenburg-Vorpommern. *Epid Bull* 2025;37:19-20
- 3 Zhou Z, Alikhan NF, Mohamed K, Fan Y; Agama Study Group; Achtman M. The EnteroBase user's guide, with case studies on *Salmonella* transmissions, *Yersinia pestis* phylogeny, and *Escherichia* core genomic diversity. *Genome Res.* 2020 Jan;30(1):138-152. doi: 10.1101/gr.251678.119. Epub 2019 Dec 6. PMID: 31809257; PMCID: PMC6961584.
- 4 EHEC O104:H4 Ausbruch Deutschland 2011; <https://edoc.rki.de/bitstream/handle/176904/162/262b4Pk2TGGs.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- 5 Halbedel S, Wilking H, Holzer A, Kleta S, Fischer MA, Luth S et al.: Large Nationwide Outbreak of Invasive Listeriosis Associated with Blood Sausage, Germany, 2018–2019. *Emerging infectious diseases.* 2020;26(7):1456-64
- 6 RKI: *Salmonella* Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere. *Epid Bull* 2025;25:12-15 | 10.25646/13200

Autorinnen und Autoren

Robert Koch-Institut

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen, 2025

Epid Bull 2025;40:20-26 | 10.25646/13472

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](#)

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

39. Woche 2025 (Datenstand: 1. Oktober 2025)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.
Baden-Württemberg	66	3.114	3.282	37	919	1.148	19	335	240	29	5.056	3.686	18	1.906	1.300
Bayern	112	5.031	4.825	62	1.422	1.388	11	436	257	55	7.633	8.419	36	3.598	2.150
Berlin	31	1.637	1.357	5	267	492	4	213	111	17	2.584	3.289	3	1.503	1.051
Brandenburg	37	1.359	1.211	8	228	334	7	153	91	19	2.825	3.462	9	2.236	1.210
Bremen	5	294	248	1	34	51	0	47	14	2	400	283	0	151	86
Hamburg	4	906	845	1	141	178	4	132	63	21	1.410	1.664	1	759	592
Hessen	43	2.564	2.537	18	626	692	15	413	251	22	4.125	2.945	7	1.827	1.207
Mecklenburg-Vorpommern	40	1.110	931	9	170	226	20	239	98	12	1.856	1.866	12	1.358	534
Niedersachsen	68	3.098	3.288	13	594	860	21	698	542	33	5.386	4.850	7	3.769	1.293
Nordrhein-Westfalen	168	8.868	8.429	37	1.453	1.783	47	1.073	870	91	13.855	12.436	25	5.746	3.373
Rheinland-Pfalz	40	2.250	2.223	11	440	494	11	230	190	20	3.709	2.809	8	1.907	827
Saarland	11	626	555	3	96	105	2	69	16	1	884	617	3	770	227
Sachsen	77	2.824	2.708	17	471	581	7	233	228	50	5.690	6.219	28	2.695	1.845
Sachsen-Anhalt	37	1.189	1.036	11	274	368	2	121	134	33	3.134	3.421	10	2.080	661
Schleswig-Holstein	19	1.166	1.118	4	168	201	6	223	136	16	1.803	1.921	13	803	500
Thüringen	32	1.241	1.220	11	461	613	4	160	81	26	2.950	3.165	10	1.837	1.475
Deutschland	790	37.277	35.813	248	7.764	9.514	180	4.775	3.322	447	63.300	61.052	190	32.945	18.331

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.
Baden-Württemberg	3	86	69	39	1.528	1.957	15	802	916	6	401	465	22	33.402	23.929
Bayern	2	120	94	49	2.411	3.069	18	1.066	1.215	12	416	482	41	71.938	45.628
Berlin	0	46	47	24	1.041	1.087	7	394	403	1	239	247	8	15.442	5.779
Brandenburg	1	29	28	6	208	338	3	124	127	8	78	95	5	18.165	7.020
Bremen	0	8	7	3	213	255	1	70	134	0	54	49	0	1.191	787
Hamburg	1	30	24	11	941	1.077	3	191	274	0	125	159	11	9.961	4.044
Hessen	1	71	68	15	912	1.384	15	428	539	8	333	417	4	20.845	11.725
Mecklenburg-Vorpommern	0	14	12	1	104	198	0	68	114	1	41	47	2	13.296	6.541
Niedersachsen	0	84	60	30	1.355	1.537	8	539	630	5	210	220	9	28.507	12.449
Nordrhein-Westfalen	11	175	178	61	3.136	3.818	27	1.465	1.828	10	649	717	35	63.849	28.907
Rheinland-Pfalz	3	45	27	12	748	1.124	3	277	316	1	148	141	10	16.858	10.224
Saarland	1	14	12	4	173	262	1	117	153	1	34	44	2	3.212	1.587
Sachsen	0	34	25	4	283	354	4	172	197	1	107	132	24	43.214	20.456
Sachsen-Anhalt	0	11	20	6	283	293	1	97	125	0	59	70	7	26.033	12.120
Schleswig-Holstein	1	20	20	7	383	531	5	229	316	1	66	93	4	10.651	4.394
Thüringen	0	21	17	3	146	181	4	99	104	0	63	69	4	17.798	8.365
Deutschland	24	808	708	275	13.865	17.465	115	6.138	7.391	55	3.023	3.447	188	394.362	203.955

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.
Baden-Württemberg	0	22	24	0	14	31	1	1	1	10	643	3.729	42	2.465	2.291
Bayern	0	41	63	1	48	59	0	0	4	9	962	3.916	35	4.378	3.158
Berlin	0	12	94	0	17	17	0	0	1	0	157	706	7	789	875
Brandenburg	0	4	4	0	10	4	0	0	1	0	228	1.124	5	514	443
Bremen	0	1	2	0	2	5	0	0	0	0	19	66	3	119	131
Hamburg	0	3	16	0	4	15	0	0	1	0	117	373	4	542	377
Hessen	0	19	36	0	19	22	0	1	0	3	314	746	17	730	707
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	153	182	6	196	178
Niedersachsen	0	18	44	2	29	24	0	0	0	3	312	1.008	34	1.054	968
Nordrhein-Westfalen	0	42	234	0	83	96	0	1	1	19	768	3.107	53	2.913	2.558
Rheinland-Pfalz	0	12	8	0	13	23	0	0	1	4	283	724	13	628	449
Saarland	0	1	9	0	1	2	0	0	0	3	127	253	3	101	88
Sachsen	0	11	21	0	15	8	0	0	0	25	630	1.333	14	1.478	1.541
Sachsen-Anhalt	0	3	1	0	2	3	0	0	0	6	544	706	3	159	171
Schleswig-Holstein	0	0	3	0	8	15	0	0	0	3	119	412	5	413	375
Thüringen	0	1	6	0	3	8	0	0	0	6	467	982	5	304	276
Deutschland	0	191	565	3	268	332	1	3	10	93	5.843	19.367	249	16.783	14.586

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		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.	39.	1.–39.	1.–39.
Baden-Württemberg	2	68	82	19	935	855	1	79	79	0	79	75	330	4.977	14.421
Bayern	4	80	95	20	901	1.035	5	201	178	1	98	99	627	8.492	27.271
Berlin	2	52	86	10	569	524	1	37	40	1	44	60	149	3.087	5.194
Brandenburg	0	11	17	5	162	175	1	77	64	0	24	23	135	2.103	3.557
Bremen	0	3	1	0	20	30	0	13	6	0	0	3	19	313	893
Hamburg	1	18	18	3	332	304	0	34	28	0	40	34	98	1.644	3.674
Hessen	1	55	62	17	882	909	1	74	86	3	81	86	268	4.034	10.547
Mecklenburg-Vorpommern	0	9	9	0	89	145	4	43	20	0	18	14	88	1.537	3.601
Niedersachsen	0	28	56	10	598	616	3	133	143	2	80	80	212	3.834	12.359
Nordrhein-Westfalen	2	146	113	39	1.882	1.663	8	498	470	8	217	242	811	11.404	32.555
Rheinland-Pfalz	1	17	16	6	367	323	1	81	55	0	27	20	188	2.753	6.900
Saarland	0	7	3	0	50	36	0	20	11	0	7	15	41	800	1.785
Sachsen	0	10	16	2	241	206	2	248	229	1	48	54	246	4.329	9.134
Sachsen-Anhalt	0	13	10	6	143	155	3	61	70	2	37	42	105	2.239	5.655
Schleswig-Holstein	0	24	19	5	191	196	2	41	38	0	17	23	75	2.029	5.237
Thüringen	0	14	9	3	138	92	2	38	48	0	24	37	78	1.324	3.498
Deutschland	13	555	612	145	7.500	7.264	34	1.678	1.565	18	841	907	3.470	54.899	146.281

¹ Infektion und Kolonisation (bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach jeweils geltender Falldefinition, s. www.rki.de/falldefinitionen)

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	2025		2024
	39.	1.–39.	1.–39.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	261	265
Bornavirus-Erkrankung	0	3	3
Botulismus	0	5	8
Brucellose	0	38	43
Candida auris, invasive Infektion	0	8	17
Chikungunyavirus-Erkrankung	3	128	32
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	89	99
Denguefieber	12	699	1.459
Diphtherie	0	33	44
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	7	574	559
Giardiasis	55	2.217	2.141
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	26	1.199	1.299
Hantavirus-Erkrankung	5	226	356
Hepatitis D	0	8	94
Hepatitis E	77	4.064	3.614
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	6	134	51
Kryptosporidiose	67	1.946	2.221
Legionellose	67	1.678	1.683
Lepra	0	2	1
Leptospirose	0	103	243
Listeriose	8	473	519
Malaria	24	707	713
Meningokokken, invasive Infektion	2	245	262
Mpox	5	402	127
Nicht-Cholera-Vibrien-Erkrankung	0	3	5
Ornithose	0	7	32
Paratyphus	0	16	40
Pneumokokken, invasive Infektion	98	8.264	6.240
Q-Fieber	0	64	74
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	84	65.531	42.586
Shigellose	86	2.128	1.472
Trichinellose	0	2	3
Tularämie	0	122	138
Typhus abdominalis	0	52	63
West-Nil-Fieber*	0	7	36
Yersiniose	64	2.887	2.414
Zikavirus-Erkrankung	0	14	30

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).

* reiseassoziierte und autochthone WNV-Fälle

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: Juli 2025 (Datenstand: 1. Oktober 2025)

	Syphilis*			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli	
Baden-Württemberg	–	–	–	41	245	247	3	22	26	0	0	0
Bayern	–	–	–	53	313	349	2	20	29	0	0	2
Berlin	–	–	–	12	141	177	1	6	11	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	3	39	50	0	1	4	0	1	0
Bremen	–	–	–	7	38	40	0	2	1	0	0	0
Hamburg	–	–	–	13	118	136	0	2	6	0	0	0
Hessen	–	–	–	20	110	114	0	9	6	0	0	1
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	5	34	33	0	1	0	0	0	0
Niedersachsen	–	–	–	22	168	174	0	2	8	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	54	300	331	2	12	15	0	0	2
Rheinland-Pfalz	–	–	–	11	49	91	1	3	4	0	0	1
Saarland	–	–	–	6	19	14	0	0	0	0	0	0
Sachsen	–	–	–	14	92	74	1	3	6	0	1	2
Sachsen-Anhalt	–	–	–	6	36	43	0	1	0	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	9	51	78	0	2	3	0	0	0
Thüringen	–	–	–	6	30	31	0	0	1	0	0	0
Deutschland	–	–	–	279	2.123	2.172	11	119	127	1	8	4

(Hinweise zu dieser Statistik s. Epid Bull 41/2001: 311-314)

* Derzeit stehen keine aktualisierten Daten zur Syphilis zur Verfügung.