



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN  
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

19  
2026

7. Mai 2026

# Epidemiologisches Bulletin

**30-jähriges Jubiläum: NRZ und KL stellen  
sich vor (Teil 2) | *Ralstonia mannitolilytica*:  
nosokomialer Ausbruch**

# Inhalt

---

## 30-jähriges Jubiläum: Die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore stellen sich vor (Teil 2)

Anlässlich des 30-jährigen Jubiläums der Etablierung der Nationalen Referenzzentren (NRZ) und Konsiliarlabore (KL) wurde im Epidemiologischen Bulletin 14/2026 eine Vorstellungsserie der NRZ und KL gestartet, die sich in dieser Ausgabe fortsetzt. NRZ und KL übernehmen zahlreiche Aufgaben zum Schutz der Bevölkerung vor Infektionskrankheiten, von der Erregeridentifikation über die Qualitätssicherung und Beratung bis hin zur Forschung. Im zweiten Teil der Vorstellungsserie werden NRZ und KL mit Schwerpunkt gastro-intestinaler Infektionen und Krankenhauserreger vorgestellt.

## 30th Anniversary: The National Reference Centres and Consultant Laboratories Introduce Themselves (Part 2)

To mark the 30th anniversary of the establishment of the National Reference Centres (NRC) and Consultant Laboratories (CL), a series introducing the NRC and CL was launched in the Epidemiologisches Bulletin 14/2026 and is continued in this issue. NRC and CL perform a wide range of tasks to protect the population from infectious diseases, including pathogen identification, quality assurance, advisory services, and research. In the second part of the introduction series, NRC and CL will be presented, with a focus on gastrointestinal infections and hospital pathogens.

(All articles in German)

<b>Konsiliarlabor für Noroviren</b>	<b>4</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für <i>Helicobacter pylori</i></b>	<b>6</b>
<b>Konsiliarlabor für Listerien</b>	<b>8</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger</b>	<b>11</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für <i>Clostridioides difficile</i></b>	<b>14</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken</b>	<b>16</b>
<b>Konsiliarlaboratorium für Hämolytisch-Urämisches Syndrom (HUS)</b>	<b>18</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für gramnegative Krankenhauserreger</b>	<b>21</b>
<b>Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen</b>	<b>24</b>
<hr/>	
<b>Nosokomialer Ausbruch von <i>Ralstonia mannitolilytica</i>-Infektionen</b>	<b>26</b>
<hr/>	
<b>Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 18. Woche 2025</b>	<b>27</b>
<hr/>	
<b>Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Februar 2026</b>	<b>30</b>

## Impressum

### Herausgeber

Robert Koch-Institut  
Nordufer 20, 13353 Berlin  
Telefon: 030 18754-0  
E-Mail: [EpidBull@rki.de](mailto:EpidBull@rki.de)

### Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat  
(Ltd. Redakteurin)

Sabine Trömer  
(Stellv. Redakteurin)

### Redaktionsassistentz

Nadja Harendt  
Sabine Schleusener  
(Stellv. Redaktionsassistentin)

### Allgemeine Hinweise/Nachdruck

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

## Konsiliarlabor für Noroviren

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Konsiliarlabor für Noroviren](#)
- ▶ **Leitung**  
Dr. Sandra Niendorf  
Dr. Sonja Jacobsen (Vertretung)
- ▶ **Institut**  
Robert Koch-Institut  
Fachgebiet 15: Virale Gastroenteritis- und Hepatitisviren und Enteroviren
- ▶ **Adresse**  
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**  
[KL-Noroviren@rki.de](mailto:KL-Noroviren@rki.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 30 18754-2375

Plötzliche Fälle von Erbrechen in einer Kita oder in einem Pflegeheim, vermehrtes Auftreten von Durchfällen bei Passagieren auf einem Kreuzfahrtschiff – oft steckt das Norovirus dahinter. Kaum ein Erreger verbreitet sich so effektiv. Zum einen sind die Viren hochgradig ansteckend, zum anderen sind sie sehr leicht übertragbar durch Schmierinfektionen, kontaminierte Lebensmittel oder Tröpfchen, die beim Erbrechen entstehen. Die Viruspartikel werden in kurzer Zeit in großer Zahl ausgeschieden und weisen eine große Stabilität unter verschiedenen Umweltbedingungen auf. Die meisten Infizierten erholen sich nach wenigen Tagen vollständig; neue Infektionen können aufgrund von Genomveränderungen der Viren und zeitlich begrenzter Immunität auftreten. Persistierende Norovirus-Infektionen treten insbesondere bei immunsupprimierten Patientinnen und Patienten auf. Da bislang keine Impfstoffe zugelassen sind und eine antivirale Therapie nicht zur Verfügung steht, kommt der Prävention und der Aufklärung von Infektionsketten und Ausbrüchen eine entscheidende Bedeutung zu.

Das Konsiliarlabor ist auf die molekularbiologische Charakterisierung von Norovirus-bedingten Aus-

brüchen spezialisiert. Treten beispielsweise in einer Gemeinschaftseinrichtung gehäuft Norovirus-Fälle auf, helfen die Analysen des Konsiliarlabors bei der Beantwortung der Frage, ob es sich um einen einzigen Ausbruch oder um mehrere unabhängige Infektionsereignisse handelt. Die genetische Analyse zeigt, ob mehrere Patientinnen und Patienten mit dem gleichen Virustyp infiziert sind und damit Teil derselben Infektionskette sind. So konnte z. B. ein Norovirus-bedingter Ausbruch in Deutschland im Jahr 2012 mit nahezu 11.000 Fällen erfolgreich aufgeklärt werden. In Zusammenarbeit mit zahlreichen Kooperationspartnern in Deutschland wurde gezeigt, dass tiefgekühlte Erdbeeren das Hauptvehikel dieses Ausbruchs waren.

Das Leistungsspektrum des Konsiliarlabors umfasst auch Verfahren zur molekularen Charakterisierung verschiedener weiterer viraler Gastroenteritiserreger (Sapoviren, Aichiviren und Astroviren) und hält eine Stammsammlung von charakterisierten Referenzmaterialien viraler Gastroenteritiserreger zur Abgabe an Diagnostiklabore bereit. Die Arbeitsprozesse des Konsiliarlabors sind nach EN ISO 15189 sowie EN/IEC 17025 akkreditiert.

Mit Hilfe verschiedener akkreditierter Untersuchungsverfahren können Aussagen zur Diversität zirkulierender Noroviren und Genomveränderungen (Antigendrift, Rekombination) getroffen werden sowie neue Rekombinanten und Genotypen nachgewiesen werden. Diese Daten werden in internationalen Netzwerken ausgetauscht, um frühzeitig Informationen über neu zirkulierende Virusvarianten zu erhalten. Weiterhin werden Studien dazu in internationalen Fachzeitschriften publiziert.

Weitere Arbeitsschwerpunkte sind:

- ▶ Mitarbeit an drittmittelgeförderten Projekten wie z. B. im Bereich One Health
- ▶ Entwicklung von Verfahren zur Erregercharakterisierung, beispielsweise im Bereich Zellkultur
- ▶ Unterstützung von internationalen Partnern bei Studien zur Verbreitung viraler Gastroenteritiserreger

Seit 2001 existiert das Konsiliarlabor für Noroviren am Robert Koch-Institut (RKI) und kooperiert eng mit einsendenden Ärztinnen und Ärzten, Kliniken und Laboren, Gesundheitsämtern und Landesbehörden sowie mit der Abteilung für Infektions-epidemiologie am RKI. Angesichts der wachsenden regulatorischen Anforderungen und des steigenden Bedarfs an einer effektiven Zusammenführung von epidemiologischen Daten und Genomdaten setzt

das Labor auf eine kontinuierliche methodische Weiterentwicklung. Techniken wie *Next Generation Sequencing* stehen dabei im derzeitigen Fokus. Mit einem interdisziplinären, hochmotivierten Team und dem breiten Methodenspektrum leistet das Labor einen essenziellen Beitrag zur molekularbiologischen Surveillance, bei der Beratung und Unterstützung zur Erregerdiagnostik und der Qualitätssicherung der Diagnostik und zur Forschung.

---

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Jacobsen S, Faber M, Altmann B, Mas Marques A, Bock CT, Niendorf S (2024): Impact of the COVID-19 pandemic on norovirus circulation in Germany. *Int J Med Microbiol.* 314:151600. doi: 10.1016/j.ijmm.2024.151600. Epub 2024 Jan 18. PMID: 38246091.
- ▶ Niendorf S, Mas Marques A, Bock CT, Jacobsen S (2022): Diversity of human astroviruses in Germany 2018 and 2019 *Virology Journal* 19 (1): 5. doi: 10.1186/s12985-022-01955-3.
- ▶ Niendorf S, Faber M, Tröger A, Hackler J, Jacobsen S (2020): Diversity of noroviruses throughout outbreaks in Germany 2018. *Viruses* 12 (10): 1157. Epub Oct 13. doi: 10.3390/v12101157.
- ▶ Niendorf S, Faber M, Tröger A, Noack C, Jacobsen S (2020): Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019. *Epid Bull* (24): 3–9. doi: 10.25646/6885.

## Nationales Referenzzentrum für *Helicobacter pylori*

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für \*Helicobacter pylori\*](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. med. Sebastian Suerbaum
- ▶ **Institut**  
Max von Pettenkofer-Institut
- ▶ **Adresse**  
Pettenkoferstraße 9a, 80336 München
- ▶ **E-Mail**  
[nrzhpylori@mvp.uni-muenchen.de](mailto:nrzhpylori@mvp.uni-muenchen.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 89 2180 72801

*Helicobacter pylori* ist ein Gram-negatives Stäbchenbakterium. Es infiziert bei mehr als der Hälfte der Weltbevölkerung die Schleimhaut des Magens und gehört daher zu den häufigsten bakteriellen Infektionserregern überhaupt. Die Infektion wird in der Regel in der Kindheit erworben und bleibt über Jahrzehnte oder lebenslang bestehen, wenn sie nicht aktiv behandelt wird.

Die Infektion mit *H. pylori* ruft immer eine Entzündungsreaktion der Magenschleimhaut (Gastritis) hervor, die man bei einer feingeweblichen Untersuchung des Magens nachweisen kann. Sie muss aber keine Symptome verursachen, mehr als 80 % der Infizierten bleiben symptomlos. Auf dem Boden der *H. pylori*-Gastritis können sich jedoch schwere Folgeerkrankungen entwickeln. Die wichtigsten Folgeerkrankungen sind:

- ▶ Peptische Ulkuskrankheit (Magen- oder Zwölffingerdarmgeschwür)
- ▶ Magenkrebs (Adenokarzinom)
- ▶ Malignes MALT-Lymphom des Magens

Der diagnostische Nachweis einer *H. pylori*-Infektion erfolgt meistens im Verlauf einer Magenspiegelung, bei der Proben (Biopsien) entnommen und

auf *H. pylori* untersucht werden. Ebenfalls möglich ist der Nachweis einer *H. pylori*-Infektion durch einen Atemtest, den Antikörpernachweis im Blut oder durch einen Antigentest im Stuhl.

Eine Impfung gegen *H. pylori* steht aktuell nicht zur Verfügung.

Die Therapie erfolgt durch eine Kombination aus Antibiotika und Säuresekretehemmern. Ziel der Therapie ist die vollständige Beseitigung der Erreger aus dem Körper des Patienten/der Patientin (Eradikation). Aufgrund des insgesamt geringen Infektionsrisikos für Erwachsene in Deutschland ist auch das Risiko einer erneuten *H. pylori*-Infektion nach erfolgreicher Eradikationstherapie sehr gering (unter 1 % pro Jahr).

### ***Helicobacter pylori* und Krebs**

Eine bestehende Infektion mit *H. pylori* erhöht das Magenkrebsrisiko um das 4- bis 6-fache. *H. pylori* ist seit 1994 von der Weltgesundheitsorganisation (WHO)/International Agency for Research on Cancer (IARC) offiziell als Krebsauslöser eingestuft; diese Bewertung wurde im Jahr 2009 bestätigt.

Wie auch bei vielen anderen Karzinogenen, führt die *H. pylori*-Infektion nur bei einem kleinen Teil der Infizierten zum Krebs, und zwischen Infektion und Auftreten der Krebserkrankungen liegen meist Jahrzehnte. Dies machte es anfangs schwierig, den Effekt einer Therapie auf die Krebshäufigkeit nachzuweisen. Mittlerweile liegen aber zahlreiche Studien aus Ländern mit hoher *H. pylori*-Infektionsrate und hoher Magenkrebshäufigkeit vor, die nachweisen, dass in solchen Ländern eine konsequente Behandlung von *H. pylori*-Infektionen die Magenkrebssterblichkeit senken kann. In vielen Ländern wird daher mittlerweile die Behandlung jeder *H. pylori*-Infektion zur Krebsprophylaxe empfohlen. In Deutschland empfiehlt die aktuelle Leitlinie der DGVS, auch bei asymptomatischer *H. pylori*-Infektion den Patienten/Patientinnen eine Eradikationstherapie anzubieten.

Seit dem 1.1.2017 ist das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für *Helicobacter pylori* unter der Leitung von Prof. Dr. med. Sebastian Suerbaum am Max von Pettenkofer-Institut der Ludwig-Maximilians-Universität München beheimatet. Bei Fragen zur Diagnostik, Therapie und Epidemiologie von *H. pylori* ist das NRZ der Ansprechpartner für mikrobiologische Labore und behandelnde Ärztinnen und Ärzte aus ganz Deutschland. Das NRZ stellt darüber hinaus auch auf seinen [Webseiten](#) Informationen

für Patientinnen und Patienten sowie andere Interessierte zur Verfügung. Neben der Beratung bietet das NRZ auch mikrobiologische Spezialdiagnostik für *H. pylori* an. *Last but not least* unterstützt das NRZ aktiv Forschungsprojekte, die von der Grundlagenforschung über die Entwicklung neuer diagnostischer Methoden und Therapien reichen und hoffentlich in der Zukunft auch die Entwicklung von Impfstoffen gegen *H. pylori* ermöglichen werden.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Ailloud F, Lu D, Spiessberger B, Pamar D, Kazeroonian A, Flossdorf M, Oleastro M, Schulz C, Gerhard M, Menden MP, Suerbaum S. Decoding *Helicobacter pylori* Resistance: Machine Learning – Enhanced Prediction of Antibiotic Susceptibility using Whole-Genome Sequencing. *bioRxiv* 2025.08.07.669068; doi: <https://doi.org/10.1101/2025.08.07.669068>
- ▶ Malfertheiner P, Camargo MC, El-Omar E, Liou JM, Peek R, Schulz C, Smith SI, Suerbaum S (2023) *Helicobacter pylori* infection. *Nat Rev Dis Primers* 9:19. doi: 10.1038/s41572-023-00431-8.
- ▶ Schulz C, Liou JM, Alborai M, Bornschein J, Campos Nunez C, Coelho LG, Quach DT, Fallone CA, Chen YC, Gerhard M, Gisbert JP, Jung HY, Katelaris PH, Kim JG, Lu H, Macke L, Mahachai V, Moss SF, Remes Troche JM, Riquelme A, Romano M, Setshedi M, Smith S, Suerbaum S, Tshibangu-Kabamba E, Vilaichone RK, Yadegar A, Yamaoka Y, Mégraud F, El-Omar EM, Sugano K, Malfertheiner P. *Helicobacter pylori* antibiotic resistance: a global challenge in search of solutions. *Gut*. 2025 Sep 8;74(10):1561-1570. doi: 10.1136/gutjnl-2025-335523. PMID: 40645767.
- ▶ Vasapolli R, Ailloud F, Spießberger B, Malfertheiner P, Suerbaum S, Schulz C. Real-Time Assessment of *H. pylori* Infection to Guide Molecular Antibiotic Resistance Testing: A Combined Endoscopy-Gastric Juice Analysis Approach. *Aliment Pharmacol Ther*. 2025 Feb;61(3):465-471. doi: 10.1111/apt.18378.
- ▶ Malfertheiner P, Megraud F, Rokkas T, Gisbert JP, Liou JM, Schulz C, Gasbarrini A, Hunt RH, Leja M, O'Morain C, Rugge M, Suerbaum S, Tilg H, Sugano K, El-Omar EM; European Helicobacter and Microbiota Study group. Management of *Helicobacter pylori* infection: the Maastricht VI/Florence consensus report. *Gut*. 2022 Aug 8;gutjnl-2022-327745. doi: 10.1136/gutjnl-2022-327745.

## Konsiliarlabor für Listerien

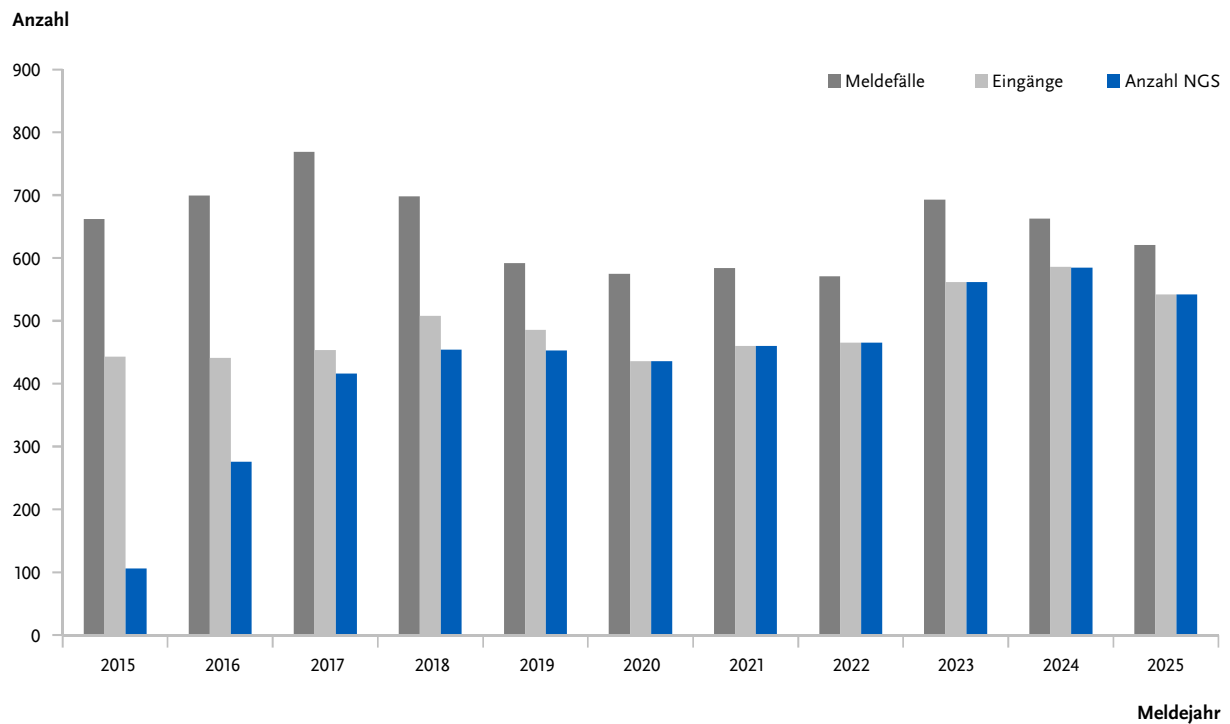
### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Konsiliarlabor für Listerien](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. Sven Halbedel  
Prof. Dr. Antje Flieger (Vertretung)
- ▶ **Institut**  
Robert Koch-Institut  
Fachgebiet 11 – Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen
- ▶ **Adresse**  
Burgstraße 37, 38855 Wernigerode
- ▶ **E-Mail**  
[KL-List-FG11@rki.de](mailto:KL-List-FG11@rki.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 30 18754-4323

Die Listeriose ist eine meldepflichtige Infektionskrankheit mit außerordentlich hoher Fallsterblichkeit (30–40%). Die Erkrankung wird durch den Verzehr von Lebensmitteln hervorgerufen, welche mit dem Gram-positiven Bakterium *Listeria* (*L.*) *monocytogenes* kontaminiert sind. Während sich die Listeriose bei immunkompetenten Menschen als selbstlimitierende Gastroenteritis äußert, können bei älteren oder immunsupprimierten Personen sowie bei schwangeren Frauen und Neugeborenen schwere invasive Verläufe auftreten, welche zu Bakteriämie und Sepsis, zu Infektionen des zentralen Nervensystems sowie zu Fehl-, Früh- und Totgeburten führen können.

In Deutschland werden jährlich zwischen 500–800 invasive Listeriosen gemeldet (s. [Abbildung](#)). Häufig treten diese Erkrankungen in Form von Ausbrüchen auf, die zum Teil über längere Zeiträume aktiv sein können. Zum Zweck der Ausbruchserkennung analysiert das Konsiliarlabor für Listerien (KL *Listeria*), welches am Fachgebiet 11 (Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen) des Robert Koch-Instituts (RKI) in Wernigerode eingerichtet

ist, *L. monocytogenes*-Isolate aus humanem Probenmaterial aus ganz Deutschland. Pro Jahr erreichen ca. 450–600 klinische *L. monocytogenes*-Isolate das KL *Listeria* (s. [Abbildung](#)). Alle Isolate werden einer Multiplex-PCR unterzogen, welche die Bestätigung der Spezies und die Einteilung in molekulare Serogruppen erlaubt. Seit 2017 werden die Genome aller Isolate sequenziert (s. [Abbildung](#)). Aus diesen Genomsequenzdaten werden mit Hilfe von MBio-Seq Ridom Typer molekulare Serogruppen, auf *multi locus sequence typing* (MLST) beruhende Sequenztypen (ST) und auf 1701-Lokus *core genome* MLST (cgMLST) basierende Clustertypen (CT) ermittelt. Anhand dieser Information werden Cluster von phylogenetisch sehr nah verwandten *L. monocytogenes*-Isolaten identifiziert und nach einer RKI-internen Nomenklaturregel eindeutig benannt. Bislang wurden mehr als 470 solcher Cluster identifiziert (Stand März 2026). Diese Cluster gehen i. d. R. auf echte Listerioseausbrüche zurück und stellen die Basis für Ausbruchsuntersuchungen infektions-epidemiologischer Struktureinheiten des RKI und anderer Einrichtungen dar, welche gemeinsam durch Patientinnen- und Patientenbefragungen Hypothesen zum ursächlichen Lebensmittel generieren. Informationen zu Ausbruchscloster und genomische Referenzdaten werden durch das KL *Listeria* der Fachöffentlichkeit über verschiedene Kanäle für Abgleiche mit Lebensmittelisolaten bereitgestellt. Dazu gehören die Epidemic Intelligence Information System (EPIS)-Plattform des European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), das Nationale Referenzzentrum für *L. monocytogenes* am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) und das Microbial Genomic Surveillance-Netzwerk (mi-GenomeSurv), in dem sequenzierende Laboratorien der Lebensmittelseite und des klinischen Sektors mit dem KL *Listeria* verbunden sind. Auf diese Weise konnten in der Vergangenheit die Vehikel zahlreicher, teils großer Listerioseausbrüche identifiziert und die entsprechenden Ausbrüche beendet werden. Regelmäßig veröffentlicht das KL *Listeria* Ergebnisse von Ausbruchserkennungen, Genomsequenzen prävalenter Subtypen und ihre infektionsbiologische



**Abbildung |** Jährliche Meldezahlen von Listeriosefällen in Deutschland im Zeitraum von 2015 bis 2025. Demgegenüber gestellt wurde die Anzahl der jährlichen Einsendungen von *L. monocytogenes*-Isolaten an das KL *Listeria* und die Anzahl durchgeführter Genomsequenzierungen (NGS).

Charakterisierung in einschlägigen Fachjournalen und stellt im Zuge der Veröffentlichung umfangreiche genomische Datensätze klinischer *L. monocytogenes*-Isolate in Sequenzrepositorien zur Verfügung. Die Arbeit des KL *Listeria* wird ergänzt um drittmittelfinanzierte Begleitforschung zu Fragen der Antibiotikaresistenz von *L. monocytogenes*-

Subtypen sowie der Virulenz und Physiologie von *L. monocytogenes* im Allgemeinen. Das KL *Listeria* nimmt regelmäßig an Ringversuchen zur Qualitätskontrolle von Genomsequenzierungen des ECDC teil. Ausgewählte Analyseverfahren des KL *Listeria* sind nach DIN EN ISO 15189 akkreditiert.

## Ausgewählte Publikationen

- ▶ Wamp S, Wagner R, Schuler F, Krüttgen A, Flieger A, Halbedel S. A *pbpB1* mutation causing reduced  $\beta$ -lactam susceptibility in clinical *Listeria monocytogenes* isolates. *Emerg Microbes Infect.* 2026 Dec;15(1):2616949. doi: 10.1080/22221751.2026.2616949.
- ▶ Halbedel S<sup>\*,#</sup>, Wamp S<sup>#</sup>, Lachmann R, Holzer A, Pietzka A, Ruppitsch W, Wilking H, Flieger A<sup>\*</sup>. High density genomic surveillance and risk profiling of clinical *Listeria monocytogenes* subtypes in Germany. *Genome Med.* 2024 Oct 7;16(1):115. doi: 10.1186/s13073-024-01389-2.  
\* korrespondierende Autoren; # gleichwertiger Beitrag
- ▶ Leclercq A, Tourdjman M, Mattheus W, Friesema I, van Sorge NM, Halbedel S, Wilking H, Lecuit M (2024): Outbreak of Listeriosis Associated with Consumption of Vegan Cheese. *N. Engl. J. Med.* 2024 Apr 18 390 (15): 1439-1440. doi: 10.1056/NEJMc2400665.
- ▶ Lachmann R<sup>\*,\*</sup>, Halbedel S<sup>#</sup>, Adler M, Becker N, Allerberger F, Holzer A, Boone I, Falkenhorst G, Kleta S, Al Dahouk S, Stark K, Luber P, Flieger A<sup>§</sup>, Wilking H<sup>§</sup> (2021): Nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with consumption of meat products in health care facilities, Germany, 2014–2019. *Clin. Microbiol. Infect.* 27 (7): 1035.e1-1035.e5. doi: 10.1016/j.cmi.2020.09.020.  
\* korrespondierende Autorin; #, § gleichwertiger Beitrag
- ▶ Halbedel S<sup>\*,#</sup>, Wilking H<sup>#</sup>, Holzer A, Kleta S, Fischer MA, Lüth S, Pietzka A, Huhulescu S, Lachmann R, Krings A, Ruppitsch W, Leclercq A, Kamphausen R, Meincke M, Wagner-Wiening C, Contzen M, Kraemer IB, Al Dahouk S, Allerberger F, Stark K<sup>§</sup>, Flieger A<sup>§,\*</sup> (2020): Large nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with blood sausage, Germany, 2018–2019. *Emerg. Infect. Dis.* 26 (7): 1456–1464. doi: 10.3201/eid2607.200225.  
\* korrespondierende Autoren; #, § gleichwertiger Beitrag

## Nationales Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. Antje Flieger
- ▶ **Institut**  
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**  
Burgstraße 37, 38855 Wernigerode
- ▶ **E-Mail**  
[NRZ-Salm-FG11@rki.de](mailto:NRZ-Salm-FG11@rki.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 30 18754-4206

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger ist im Fachgebiet (FG) „Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen“ des Robert Koch-Instituts (RKI) angesiedelt und legt den Schwerpunkt auf die molekulare Surveillance, Ausbruchsanalysen sowie das *Risk Profiling* der bearbeiteten Erreger. Es wird ein breites Erregerspektrum bearbeitet, welches wichtige humanpathogene und gemäß §7 Infektionsschutzgesetz (IfSG) meldepflichtige Erreger betrifft. Im Fokus der Arbeiten stehen durch Lebensmittel übertragene Bakterien.

*Campylobacter* und Salmonellen gelten mit ca. 13.000 bzw. 50.000 gemeldeten Infektionen pro Jahr als die häufigsten Ursachen für eine bakterielle Enteritis in Deutschland. Die erfassten Fallzahlen für Enterohämorrhagische *Escherichia coli*-(EHEC-) Infektionen stiegen in den letzten Jahren auf über 4.000 pro Jahr. In der Größenordnung von ca. 3.000 Fällen liegen die gemeldeten Infektionszahlen für *Yersinia-enterocolitica*- und *Shigella*-Infektionen, mit einer steigenden Tendenz.

Die Möglichkeit schwerer Komplikationen in Form von Blutstrominfektionen bei Typhus- und Paratyphus-Erregern (seltener auch bei Enteritis-Salmonellen), hämolytisch-urämischem Syndrom (HUS) bei EHEC, Arthritiden bei *Y. enterocolitica* und Guillain-Barré-Syndrom bei *Campylobacter* erfordert eine eingehende Charakterisierung und Erforschung der Eigenschaften, insbesondere der Pathogenität und Resistenz dieser Erreger.

Das methodische Profil am NRZ ist entsprechend dem Erregerportfolio breit. Vorrangig werden molekulargenetische Methoden (Schnelltests/Polymere-Kettenreaktion) und Genomanalysen (*Next Generation Sequencing*; NGS) angewendet. In den vergangenen zehn Jahren erfolgte die schrittweise Umstellung und der Ausbau der Stammcharakterisierung sowie der Surveillance auf genom-basierte Methoden mit dem Ziel einer integrierten genomischen Surveillance (IGS) entsprechend der Liste prioritärer Erreger (Weltgesundheitsorganisation, WHO; European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC). Die phänotypische Basistypisierung der Erregerisolate, auf deren Grundlage die Auswahl zur genom-basierten Typisierung erfolgt (Serotypie), wird für Salmonellen eingesetzt. Im Rahmen dieser Transformation ist die Kontinuität der molekular-epidemiologischen Überwachung, insbesondere die Vergleichbarkeit der Daten im zeitlichen Verlauf, von Bedeutung. Vom Bundesministerium für Gesundheit und der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) geförderte Projekte und Programme (GenoSalmSurv, IGS-Zoo, 9-Punkte-Plan, IMS-NRZ/KL, IMS-RKI, Mission, SASSA) wie auch das mikrobielle Genomnetzwerk miGenomeSurv haben zur erfolgreichen methodischen Umstellung beigetragen. Das NRZ ist akkreditiert nach DIN EN ISO 15189.

Die Zusammenarbeit mit dem FG 35 der Abteilung für Infektionsepidemiologie am RKI sowie den Nationalen Referenzlaboren des Bundesinstitutes

## Nationales Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

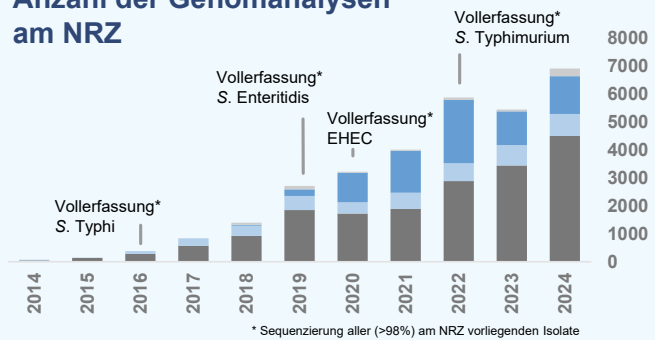
### Bearbeitete Erreger am NRZ



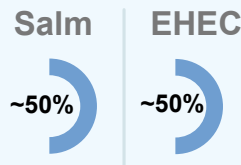
~5.000 *Salmonella*  
 ~1.800 EHEC  
 ~1.500 *Campylobacter*  
 ~ 300 *Shigella*  
 ~ 300 *Yersinia*

Stammsammlung: 270.000 Isolate

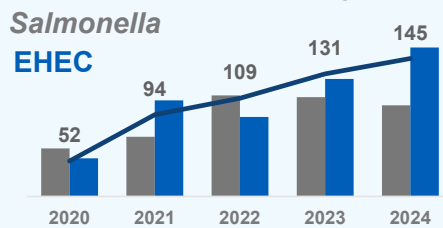
### Anzahl der Genomanalysen am NRZ



### Verhältnis NRZ-Einsendungen zu Meldezahlen



### Cluster- und Ausbruchsanalysen\*\*



\*\* nach Clusterdefinition, # Clustergröße *Salmonella* n=4-140 und EHEC n=2-10



### Netzwerke und Zusammenarbeit

Genomnetzwerk miGenomeSurv  
 MoISurv EHEC-Netzwerk  
 Netzwerk *Campylobacter*  
 ECDC, NRLs, BfR, BVL, FLI, KL HUS



### QM

Akkreditierung nach DIN EN ISO 15189,  
 Ringversuche/Laborvergleiche

### Abbildung | Infobox zu den analysierten Erregern am NRZ Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

Salm = Salmonella; EHEC = Enterohämorrhagische *Escherichia coli*; QM = Qualitätsmanagement; ECDC = Europäisches Zentrum für die Prävention und Kontrolle von Krankheiten; NRL = Nationale Referenzlabore; BfR = Bundesinstitut für Risikobewertung; BVL = Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit; FLI = Friedrich-Loeffler-Institut; KL = Konsiliarlabor; HUS = hämolytisch urämisches Syndrom

für Risikobewertung, dem Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit und dem Konsiliarlabor HUS der Westfälischen Universität Münster ist ein zentraler Punkt der Tätigkeit, der insbesondere bei Ausbruchuntersuchungen sowie der Aufklärung von Infektionsclustern und -ketten zum Tragen kommt. Alle aus Einsendungen an das NRZ gewonnenen Reinkulturen der bearbeiteten Erreger werden der Stammsammlung hinzugefügt und mindestens zehn Jahre asserviert. Die im Rahmen der routinemäßigen Erregertypisierung gewonnenen Daten werden aggregiert für die Analyse von Trends in den Erregerpopulationen herangezogen, z. B. zur Einschätzung der Antibiotikaresistenz-Situation (u. a. Beteiligung an gemeinsamen *European Union summary reports* von ECDC und der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit).

Im Rahmen der Beratungstätigkeit werden unter Beteiligung von Kolleginnen und Kollegen des NRZ und weiterer FG am RKI sowie des Öffentlichen Gesundheitsdienstes die RKI-Ratgeber zu Infektionskrankheiten und klinischen Leitlinien regelmäßig aktualisiert. Weiterführende Forschungsarbeiten mit Drittmitteln, u. a. der DFG, werden durchgeführt.

In der Zukunft stellt sich das NRZ das Ziel, im Rahmen der verfügbaren Ressourcen die IGS für priorisierte Erreger auszubauen und deren Einbindung in die elektronischen Melde- und Informationssysteme weiter voranzubringen, Kooperationsnetzwerke zu festigen und die Erregerisolatgewinnung zu stabilisieren, um eine möglichst zeitnahe Identifikation wichtiger Erreger, Krankheitsgeschehen und deren Quellen sowie auch eine Priorisierung der Arbeiten zu ermöglichen.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Rosner BM, Simon S, Nielsen S, Köberl-Jelovcan S, Gyomose P, Werber D, Meinen A, Pietsch M, Flieger A, Fischer J, Lamparter MC, Küffel F, Költringer F, Kornschöber C, Müller L, Falkenhorst G, Maritschnik S. Multinational investigation of a *Salmonella* Umbilo outbreak reveals rocket salad and baby spinach as the likely infection vehicles, Europe, 2024. *Euro Surveill.* 2024;29(46):pii=2400728. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.46.2400728>
- ▶ Enkelmann J, Trost E, Simon S, Stark K, Frank C. Epidemiological characteristics and trends of notified enteric fevers in Germany, 2001-2023. *Euro Surveill.* 2025;30(14):pii=2400314. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.14.2400314>
- ▶ Fruth A, Lang C, Größl T, Garn T, Flieger A. Genomic surveillance of STEC/EHEC infections in Germany 2020 to 2022 permits insight into virulence gene profiles and novel O-antigen gene clusters. *Int J Med Microbiol.* 2024 Feb 1;314:151610. doi: 10.1016/j.ijmm.2024.151610.
- ▶ Lang C, Fruth A, Campbell IW, Jenkins C, Smith P, Strockbine N, Weill FX, Nübel U, Grad YH, Waldor MK, Flieger A. O-Antigen Diversification Masks Identification of Highly Pathogenic Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* O104:H4-Like Strains. *Microbiol Spectr.* 2023 Jun 15;11(3):e0098723. doi: 10.1128/spectrum.00987-23.
- ▶ Ramming I, Lang C, Hauf S, Krüger M, Worbs S, Peukert C, Fruth A, Dorner BG, Brönstrup M, Flieger A. Rapid Enzymatic Detection of Shiga-Toxin-Producing *E. coli* Using Fluorescence-Labeled Oligonucleotide Substrates. *ACS Infect Dis.* 2024 Nov 22. doi: 10.1021/acsinfectdis.4c00221.

## Nationales Referenzzentrum für *Clostridioides difficile*

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für \*Clostridioides difficile\*](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. Barbara Gärtner
- ▶ **Institut**  
Universitätsklinikum des Saarlandes,  
Institut für Mikrobiologie und Hygiene
- ▶ **Adresse**  
Kirrbergerstr. 100, Gebäude 43,  
66421 Homburg/Saar
- ▶ **E-Mail**  
[c.difficile@uks.eu](mailto:c.difficile@uks.eu)
- ▶ **Telefon**  
+49 6841 1623900

*Clostridioides (C.) difficile* ist die häufigste Ursache von antibiotikaassoziierten Durchfallerkrankungen. Substanzen mit einem hohen Potenzial für *C.-difficile*-Infektionen (CDI) sind Clindamycin, Chinolone und Cephalosporine. *C. difficile* ist ein anaerober Sporenbildner und die Toxine (TcdA, TcdB) sind wichtige Pathogenitätsmarker. Einige Stämme, z. B. der hypervirulente Ribotyp (RT) 027, tragen darüber hinaus noch das binäre Toxin CDT und weisen eine erhöhte Pathogenität auf. Auch wenn die Infektionszahlen in den letzten Jahren leicht rückläufig sind – wahrscheinlich durch den zunehmend bewussteren Umgang mit Antibiotika und verbesserte Hygienemaßnahmen – erkranken jährlich geschätzt 50–100 pro 100.000 Einwohner in Deutschland; ca. 500–1.000 Personen versterben laut Meldedaten im Zusammenhang mit einer CDI. Neben einzelnen Erkrankungen kommen immer wieder Ausbrüche in Gesundheitseinrichtungen vor, hier gelten dann zusätzliche hygienische Anforderungen, da die Übertragung durch besonders umweltresistente Sporen erfolgt.

Am Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für *C. difficile* ist ein breites Methodenspektrum zur Anzucht,

Typisierung und Pathogenitätstestung von *C. difficile* vorhanden. Neben der (Bestätigungs-) Diagnostik zum Nachweis einer *C.-difficile*-Infektion führen wir von allen Isolaten eine phänotypische Empfindlichkeitsprüfung gegenüber therapie relevanten und epidemiologisch interessanten Substanzen durch. Zu ersteren zählen die Substanzen Fidaxomicin, Vancomycin und Metronidazol. Während bisher Resistenzen gegen Fidaxomicin und Vancomycin noch absolute Raritäten sind, kommen sie gegen Metronidazol, abhängig vom Subtyp, durchaus vor. Aus epidemiologischen Gründen testen wir auch die Empfindlichkeiten gegen andere häufig eingesetzte Antibiotika, da diese die Selektion von *C. difficile* beeinflussen können.

Darüber hinaus werden v. a. genotypische Spezialuntersuchungen durchgeführt. Die Gesamtgenomsequenzierung (WGS), die für jedes Isolat durchgeführt wird, liefert umfangreiche Daten darüber, ob beispielsweise ein Isolat im Rahmen einer Ausbruchsuntersuchung einem klonalen Geschehen zuzuordnen ist oder bei einem Resistenzphänotyp bestimmte Resistenzgene vorliegen. Zudem ermöglichen die genomweiten Vergleichsuntersuchungen auch molekularepidemiologische Untersuchungen mit höchster Genauigkeit, um das Auftreten und die Verbreitung bestimmter Erregersubtypen erkennen zu können. Zur Verbesserung der Vergleichbarkeit auch mit historischen Daten kann aus den WGS-Daten eine Zuordnung der Erreger zu RT(gruppen) vorgenommen werden.

Um eine Surveillance der Resistenzen und der *C.-difficile*-Subtypen aufzubauen, haben wir ein Netzwerk aus über 40 Kliniken und Laboren etabliert, in dem seit 2019 kontinuierlich klinische Isolate gesammelt und charakterisiert werden. Dabei zeigte sich bei der Empfindlichkeitsprüfung der Erreger, dass sich die Resistenzlage im zeitlichen Verlauf insgesamt verbessert hat, was möglicherweise mit dem Rückgang einiger Erregertypen zusammenhängt, da deren Resistenzmuster häufig stammspezifisch sind. Die Erregersubtypisierung ergab eine Vielzahl von Varianten, die im zeitlichen

und räumlichen Verlauf unterschiedlich verteilt waren. So konnte beispielsweise in den letzten Jahren ein Rückgang des hypervirulenten RT027 verzeichnet werden.

Neben den Beratungsleistungen und Unterstützungen im Rahmen der diagnostischen Tätigkeiten, die u. a. auch qualitätssichernde Maßnahmen wie Ringversuche umfassen, werden am NRZ für *C. difficile*

neue Methoden etabliert, um die Erreger noch schneller und spezifischer zu detektieren und zu charakterisieren. Darüber hinaus werden mögliche Reservoirs von Infektionen und Infektionsausbrüchen beispielsweise anhand von Umweltproben untersucht, um ein besseres Verständnis für die Verbreitung von CDI zu erlangen und spezifischere Gegenmaßnahmen zur CDI-Bekämpfung zu entwickeln.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Bischoff M, Gärtner BC; German speaking *C. difficile* laboratory study group. Quality assurance for genotyping and resistance testing of *Clostridium (Clostridioides) difficile* isolates – Experiences from the first inter-laboratory ring trial in four German speaking countries. *Anaerobe*. 2020 Feb; 61:102093. doi: 10.1016/j.anaerobe.2019.102093.
- ▶ 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.
- ▶ Bletz S, Janezic S, Harmsen D, Rupnik M, Mellmann A. Defining and Evaluating a Core Genome Multilocus Sequence Typing Scheme for Genome-Wide Typing of *Clostridium difficile*. *J Clin Microbiol*. 2018 May 25; 56(6):e01987-17. doi: 10.1128/JCM.01987-17.
- ▶ Brestrich G, Angulo FJ, Berger FK, Brösamle C, Hagel S, Leischker A, Lübbert C, Maechler F, Merbecks SS, Minarovic N, Moisi JC, von Müller L, Reuken PA, Weinke T, Yu H, Mellmann A. Epidemiology of *Clostridioides difficile* Infections in Germany, 2010-2019: A Review from Four Public Databases. *Infect Dis Ther*. 2023 Apr; 12(4):1057-1072. doi: 10.1007/s40121-023-00785-2.
- ▶ Effelsberg N, Buchholz M, Kampmeier S, Lücke A, Schwierzeck V, Angulo FJ, Brestrich G, Martin C, Moisi JC, von Eiff C, Mellmann A, von Müller L. Frequency of Diarrhea, Stool Specimen Collection and Testing, and Detection of *Clostridioides Difficile* Infection Among Hospitalized Adults in the Muenster/Coesfeld Area, Germany. *Curr Microbiol*. 2022 Dec 16; 80(1):37. doi: 10.1007/s00284-022-03143-6.

# Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken

## KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für Staphylokokken und Enterokokken](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. Guido Werner
- ▶ **Institut**  
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**  
Burgstraße 37, 38855 Wernigerode
- ▶ **E-Mail**  
[FG13@rki.de](mailto:FG13@rki.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 30 18754-4292

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Staphylokokken und Enterokokken ist am Robert Koch-Institut angesiedelt und beschäftigt sich mit der Diagnostik und mikrobiologischen Analyse der beiden genannten bakteriellen Erreger. Sie gehören zu den häufigsten Infektionserregern, sowohl im Krankenhaus als auch in der Allgemeinbevölkerung, und sind besonders relevant, weil einzelne Stämme antibiotikaresistent sind. Das NRZ hat seinen Sitz in Wernigerode (Sachsen-Anhalt), wo es phänotypische als auch molekularbiologische Untersuchungen durchführt, um übergreifende Erkenntnisse zur Verbreitung, Resistenzentwicklung und Infektionsdynamik dieser Erreger zu erlangen.

### Aufgaben und Zweck

Die Hauptaufgabe des NRZ ist die epidemiologische Überwachung von Staphylokokken- und Enterokokken-Infektionen sowie die Erfassung und Analyse von Resistenzen und Virulenzfaktoren. Hierzu sammelt und analysiert das Zentrum klinische Isolate, die von Krankenhäusern, diagnostischen Laboren, Institutionen des öffentlichen Gesundheitswesens und Forschungseinrichtungen auf freiwilliger Basis eingesandt werden, und nutzt dafür sowohl klassi-

sche mikrobiologische Verfahren als auch molekulare Methoden wie PCR-Tests und *Whole Genome Sequencing* (WGS).

Ein Schwerpunkt liegt dabei auf Erregern mit besonderen Antibiotikaresistenzen, etwa Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) oder Vancomycin-resistenten Enterokokken (VRE). Diese Erreger sind klinisch besonders problematisch, weil sie mit den verfügbaren Antibiotika nur schwer zu behandeln sind und eine ernsthafte Herausforderung für die Infektionsprävention und -kontrolle darstellen.

### Diagnostik, Typisierung und Beratung

Das NRZ bietet ein breites Spektrum an diagnostischen und analytischen Leistungen an. Dazu gehören die Speziesbestimmung und Antibiotikatestung, die phänotypische und genotypische Charakterisierung von Stämmen sowie die molekulare Typisierung – etwa über *spa*-Typisierung, MLST (*Multi Locus Sequence Typing*) oder PCR-Nachweise bestimmter Resistenz- und Virulenzgene. Auf dieser Grundlage kann das NRZ auch Infektionsketten aufklären und Rückschlüsse auf die Verbreitung bestimmter Stämme ziehen.

Darüber hinaus ist das NRZ ein wichtiger Ansprechpartner für diagnostische Labore, klinische Einrichtungen und Gesundheitsbehörden, wenn es um die Interpretation von Testergebnissen geht oder wenn besondere Fragestellungen zu Diagnostik, Resistenzmustern und Infektionsprävention bestehen. Es bietet beratende Unterstützung und fachlichen Austausch, z. B. bei widersprüchlichen oder unklaren Laborergebnissen.

### Netzwerk und Kooperationen

Ein wesentliches Merkmal der Arbeit des NRZ ist seine Einbindung in ein nationales und internationales Netzwerk aus vergleichbaren Referenzlaboren, Universitätsinstituten und öffentlichen Gesundheitseinrichtungen. Diese Kooperationen ermögli-

chen einen Austausch von Daten, Methoden und Probenmaterial und tragen zur gemeinsamen Bewertung der epidemiologischen Lage bei.

### Bedeutung für die öffentliche Gesundheit

Insgesamt leistet das NRZ für Staphylokokken und Enterokokken einen wichtigen Beitrag zur Infektionsüberwachung, Antibiotikaresistenzforschung und Infektionsprävention in Deutschland. Indem es Daten über Resistenzen, virulente Stämme und

epidemiologische Muster sammelt und analysiert, liefert es essenzielle Informationen zur Verbesserung der Diagnostik, Behandlung und Prävention von Staphylokokken- und Enterokokkeninfektionen.

**Anmerkung:** Der Autor nutzte ChatGPT Version 5.3 für die Erstellung und Überarbeitung einzelner Abschnitte und Textpassagen.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Bender JK, Baufeld E, Becker K, Claus H, Dudakova A, Dörre A, Fila N, Fleige C, Hamprecht A, Hoffmann A, Hogardt M, Kaasch AJ, Kola A, Kriebel N, Layer-Nicolaou F, Marschal M, Molitor E, Mutters NT, Liese J, Nelkenbrecher C, Neumann B, Rohde H, Steinmann J, Sörensen M, Thelen P, Weig M, Zautner AE, Werner G. CHROMAgar LIN-R as an efficient screening tool to assess the prevalence of linezolid-resistant enterococci in German hospital patients—a multicentre study approach, 2021-2022. *J Antimicrob Chemother.* 2023 Sep 5;78(9):2185-2191. doi: 10.1093/jac/dkad218. PMID: 37473450
- ▶ Sommer A, Fuchs S, Layer F, Schaudinn C, Weber RE, Richard H, Erdmann MB, Laue M, Schuster CF, Werner G, Strommenger B. Mutations in the *gdpP* gene are a clinically relevant mechanism for beta-lactam resistance in meticillin-resistant *Staphylococcus aureus* lacking *mec* determinants. *Microb Genom.* 2021 Sep;7(9):000623. doi: 10.1099/mgen.0.000623.
- ▶ Weber RE, Fuchs S, Layer F, Sommer A, Bender JK, Thürmer A, Werner G, Strommenger B. Genome-Wide Association Studies for the Detection of Genetic Variants Associated With Daptomycin and Ceftaroline Resistance in *Staphylococcus aureus*. *Front Microbiol.* 2021 Feb 15;12:639660. doi: 10.3389/fmicb.2021.639660. eCollection 2021.
- ▶ Werner G, Neumann B, Weber RE, Kresken M, Wendt C, Bender JK; VRE study group. Thirty years of VRE in Germany – “expect the unexpected”: The view from the National Reference Centre for Staphylococci and Enterococci. *Drug Resist Updat.* 2020 Dec;53:100732. doi: 10.1016/j.drup.2020.100732. Epub 2020 Oct 27. PMID: 33189998
- ▶ Bender JK, Cattoir V, Hegstad K, Sadowy E, Coque TM, Westh H, Hammerum AM, Schaffer K, Burns K, Murchan S, Novais C, Freitas AR, Peixe L, Del Grosso M, Pantosti A, Werner G. Update on prevalence and mechanisms of resistance to linezolid, tigecycline and daptomycin in enterococci in Europe: Towards a common nomenclature. *Drug Resist Updat.* 2018 Sep;40:25-39. doi: 10.1016/j.drup.2018.10.002. Epub 2018 Nov 2. PMID: 30447411

## Konsiliarlaboratorium für Hämolytisch-Urämisches Syndrom (HUS)

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Konsiliarlaboratorium für Hämolytisch-Urämisches Syndrom \(HUS\)](#)
- ▶ **Leitung**  
Univ.-Prof. Dr. med. Alexander Mellmann
- ▶ **Institut**  
Institut für Hygiene, Universitätsklinikum Münster
- ▶ **Adresse**  
Domagkstraße 40, 48149 Münster
- ▶ **E-Mail**  
[mellmann@uni-muenster.de](mailto:mellmann@uni-muenster.de)  
[ehc@ukmuenster.de](mailto:ehc@ukmuenster.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 251 83-55361/-56952

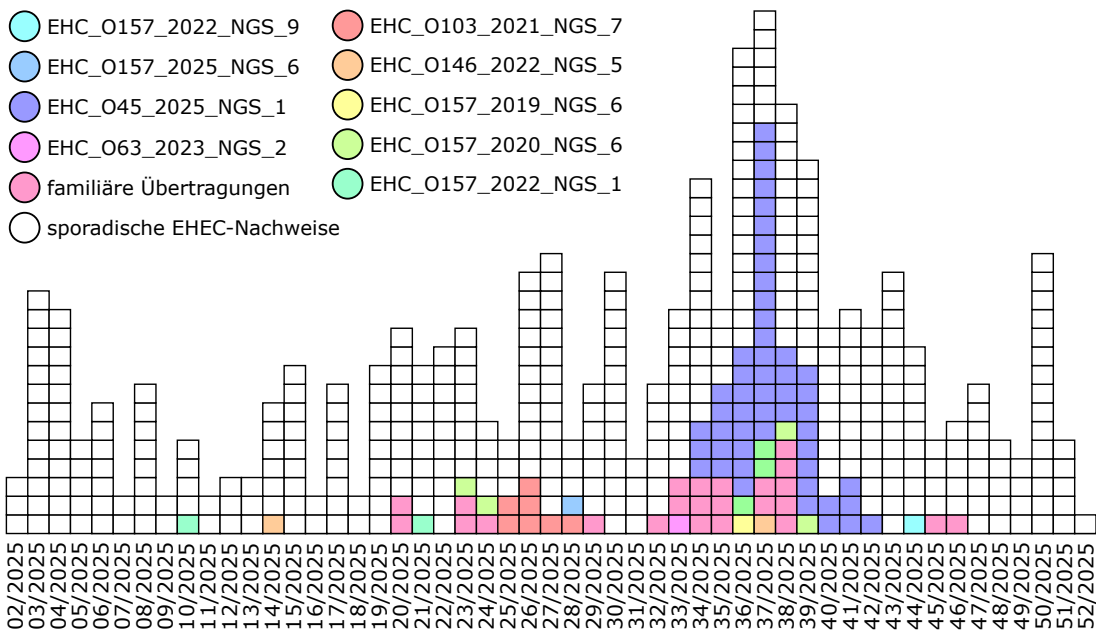
Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC) sind typische Erreger zoonotischer Infektionen, d. h. Erreger, die zwischen Tier und Mensch übertragen werden. Eine Infektion des Menschen erfolgt beispielsweise über kontaminierte Lebensmittel. EHEC verursachen vor allem bei Kleinkindern wässrige Durchfallssymptome, eine hämorrhagische Kolitis und das Hämolytisch-Urämische Syndrom (HUS). Dieses ist durch eine mikroangiopathische, hämolytische Anämie, eine Thrombozytopenie und eine Organbeteiligung, meist einer akuten Nierenfunktionseinschränkung, gekennzeichnet. Das HUS stellt eine lebensbedrohliche Erkrankung dar, die häufig eine intensivmedizinische Betreuung einschließlich Nierenersatzverfahren erfordert. Langzeitstudien bei Kindern haben gezeigt, dass selbst fünf Jahre nach der akuten Erkrankung ca. 30 % der Patientinnen und Patienten an schweren Spätfolgen wie einer chronischen Niereninsuffizienz oder zerebralen Schädigungen leiden. Erschwerend kommt hinzu, dass es bisher keine kausale Therapie gibt. Eine Antibiotikatherapie zur Behandlung von EHEC-Infektionen ohne HUS ist beispielsweise kontra-

indiziert, da die Entwicklung eines HUS begünstigt werden kann.

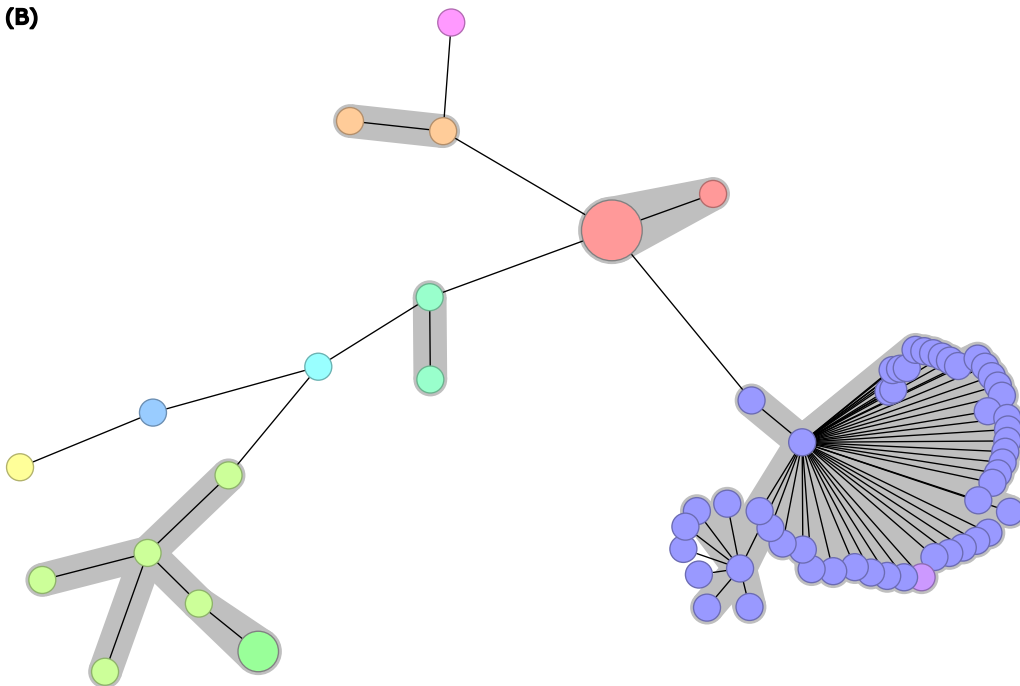
Der mikrobiologische Erregernachweis bei Patientinnen und Patienten mit HUS stellt eine große Herausforderung dar. Zum einen werden die Erreger in der Akutphase nur noch in sehr geringer Konzentration mit dem Stuhl ausgeschieden, zum anderen wird eine große Erreger-Heterogenität beobachtet, die die Diagnostik erheblich erschwert. Besonders hohe Ansprüche an eine zeitnahe Identifizierung und Charakterisierung der Erreger stellen Häufungsgeschehen und Ausbrüche von HUS dar, zum Beispiel der große EHEC O104:H4-Ausbruch im Jahr 2011 und der EHEC O45:H2-Ausbruch mit Schwerpunkten in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen im Jahr 2025. Ausbruchsgeschehen, lokal beschränkte Häufungsgeschehen und die jährlich kontinuierlich auftretenden Einzelfälle stellen die Wichtigkeit des Konsiliarlaboratoriums (KL) für HUS mit EHEC-Spezialisten nachdrücklich unter Beweis.

Diagnostisch bietet das KL HUS den Erregernachweis v. a. bei HUS-Erkrankungen und im Rahmen von Häufungsgeschehen und bestätigten Ausbrüchen an. Die Tätigkeiten des KL HUS konzentrieren sich insbesondere auf die kontinuierliche Weiterentwicklung und Neuentwicklung diagnostischer Verfahren, um EHEC-Erreger möglichst schnell und zuverlässig zu detektieren. Die anschließende Typisierung der EHEC-Isolate ermöglicht, epidemiologische Zusammenhänge so früh wie möglich zu erkennen, um Gegenmaßnahmen ergreifen zu können. Seit über 10 Jahren werden dazu alle Genome von HUS-verursachenden EHEC mittels modernster Sequenzierungsmethoden entschlüsselt, woraus sich detaillierte Charakteristika der Erreger ableiten lassen. Alle Genomsequenzen werden in Echtzeit in das „miGenomeSurv“-Netzwerk ([www.migenomesurv.org](http://www.migenomesurv.org)) eingespeist. Die Digitalisierung dieser Daten ermöglicht die sektorübergreifende Detektion regionaler, nationaler und internationaler

(A)



(B)



**Abbildung |** Epidemiekurve und molekulare Typisierung von sporadischen und Häufungs- bzw. Ausbruchs-assoziierten EHEC aus dem Jahr 2025.

**(A)** Epidemiekurve aller EHEC-Isolate ( $n=482$ ), die im Jahr 2025 (Angabe der Kalenderwoche) aus den Einsendungen des KL HUS isoliert und charakterisiert wurden. Jedes Kästchen entspricht einem EHEC-Isolat. Farblich gekennzeichnet sind die Zuordnungen der EHEC-Isolate zu den nationalen Häufungs- bzw. Ausbruchsgeschehen ( $n=75$ , davon 52 Isolate aus dem O45:H2-Ausbruch in blau eingefärbt und mit „EHC\_O45\_2025\_NGS1“ gekennzeichnet entsprechend der nationalen Nomenklatur).

**(B)** *Minimum-spanning-tree* zur Darstellung der Verwandtschaftsverhältnisse der Häufungs- bzw. Ausbruchs-assoziierten EHEC ( $n=75$ ). Jeder Kreis entsprechend einem Genotyp basierend auf *core genome* MLST Allelprofilen von bis zu 2.513 Genen, grau unterlegt sind genotypisch nah verwandte Isolate, die anhand von Genotyp und epidemiologischen Daten einem Häufungsgeschehen bzw. einer Übertragung zugeordnet werden können. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl von Isolaten mit einem identischen Genotyp.

Übertragungen von HUS-assoziierten EHEC-Erregern in Echtzeit. Darüber hinaus werden die EHEC-Genomdaten genutzt, um neue Algorithmen zur Risikoabschätzung für den Krankheitsverlauf zu entwickeln.

Daneben berät das KL HUS umfangreich zu verschiedenen Fragestellungen im Zusammenhang mit EHEC- und HUS-Erkrankungen. Neben Fragen zur Diagnostik stehen beispielsweise Fragen zur Infektionsprävention sowohl im Krankenhaus als auch im häuslichen Umfeld und zur Behandlung

von Langzeitträgern im Mittelpunkt. Beraten werden Ärztinnen und Ärzte im stationären und ambulanten Sektor sowie Mitarbeitende des öffentlichen Gesundheitsdienstes und betroffene Patientinnen und Patienten. Aufgrund der möglichen Übertragung durch kontaminierte Lebensmittel ist die enge sektorübergreifende Zusammenarbeit zwischen Human- und Veterinärmedizin sowie der Lebensmittelüberwachung im Sinne eines One-Health-Gedankens essenziell und wird seit der ersten Berufung zum KL für HUS im Jahr 2003 praktiziert.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Mellmann A, Bielaszewska M, Zimmerhackl LB, Prager R, Harmsen D, Tschäpe H, Karch H. (2005) Enterohemorrhagic *Escherichia coli* in human infection: *in vivo* evolution of a bacterial pathogen. *Clin Infect Dis*. 2005 Sep 15;41(6):785-92. doi: 10.1086/432722.
- ▶ Mellmann A, Bielaszewska M, Köck R, Friedrich AW, Fruth A, Middendorf B, Harmsen D, Schmidt MA, Karch H. (2008) Analysis of collection of hemolytic uremic syndrome-associated enterohemorrhagic *Escherichia coli*. *Emerg Infect Dis*. 2008 Aug;14(8):1287-90. doi: 10.3201/eid1408.071082.
- ▶ Bielaszewska M, Mellmann A, Zhang W, Köck R, Fruth A, Bauwens A, Peters G, Karch H. (2011) Characterisation of the *Escherichia coli* strain associated with an outbreak of haemolytic uraemic syndrome in Germany, 2011: a microbiological study. *Lancet Infect Dis*. 2011 Sep;11(9):671-6. doi: 10.1016/S1473-3099(11)70165-7.
- ▶ Mellmann A, Harmsen D, Cummings CA, Zentz EB, Leopold SR, Rico A, Prior K, Szczepanowski R, Ji Y, Zhang W, McLaughlin SF, Henkhaus JK, Leopold B, Bielaszewska M, Prager R, Brzoska PM, Moore RL, Guenther S, Rothberg JM, Karch H. (2011) Prospective genomic characterization of the German enterohemorrhagic *Escherichia coli* O104:H4 outbreak by rapid next generation sequencing technology. *PLoS One*. 2011;6(7):e22751. doi: 10.1371/journal.pone.0022751.
- ▶ Berger P, Dumevi RM, Berger M, Hastor I, Treffon J, Kouzel IU, Kehl A, Scherff N, Dobrindt U, Mellmann A. (2024) RpoS acts as a global repressor of virulence gene expression in *Escherichia coli* O104:H4 and enteroaggregative *E. coli*. *J Infect Dis*. 2024 Oct 16;230(4):840-851. doi: 10.1093/infdis/jiae151.

## Nationales Referenzzentrum für gramnegative Krankenhauserreger

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für gramnegative Krankenhauserreger](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. med. Sören G. Gatermann  
Dr. rer. nat. Niels Pfennigwerth (Vertretung)
- ▶ **Institut**  
Abteilung für Medizinische Mikrobiologie,  
Ruhr-Universität Bochum
- ▶ **Adresse**  
Universitätsstraße 150, 44801 Bochum
- ▶ **E-Mail**  
[nrz@rub.de](mailto:nrz@rub.de)
- ▶ **Telefon**  
+49 234 32-27467

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger befasst sich mit der Diagnostik, Epidemiologie und Surveillance von multiresistenten klinischen gramnegativen Bakterienstämmen in Deutschland. Der Fokus liegt dabei auf der Analyse von Carbapenemase. Dies sind Betalaktamasen, die auch die Reserveantibiotika der Carbapeneme inaktivieren können. Das NRZ bietet eine kostenfreie Carbapenemase-Abklärung an und mikrobiologische Labore in Deutschland können Isolate, bei denen aufgrund phänotypischer oder genotypischer Testergebnisse ein Carbapenemase-Verdacht besteht, an das NRZ zur weiteren Abklärung und Typisierung einsenden. Nach Bearbeitung des Isolates erhält das Einsenderlabor einen detaillierten Befund, die Bearbeitungszeit nach Eingang des Isolats beträgt dabei im Normalfall nur zwei bis drei Werktage.

Im NRZ erfolgt die Analyse der eingesendeten Isolate mittels verschiedener phänotypischer Tests zur Carbapenemase-Detektion und PCR auf die in der jeweiligen Spezies häufigsten Carbapenemase-

Gene. Bei phänotypischen Hinweisen auf eine Carbapenemase, aber negativ ausfallender PCR erfolgen schrittweise weitere PCR auf seltene Carbapenemase-Gene oder eine Ganzgenomsequenzierung.

Weitere Angebote des NRZ sind Stammvergleichsanalysen mittels Ganzgenomsequenzierung, Sensitivitätstestungen für Reserveantibiotika, Virulenzgenanalysen oder Speziesidentifizierungen. Des Weiteren unterhält das NRZ eine Stammsammlung von inzwischen über 100.000 klinischen Bakterienisolaten, die einen nahezu vollständigen Überblick über die Epidemiologie von Resistenzgenen bei gramnegativen Bakterienstämmen in Deutschland bietet. Als Teil des vom European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) koordinierten Europäischen Netzwerkes zur Antibiotikaresistenzgen-Surveillance (EURGen-Net) ist das NRZ zudem aktiv an EU-weiten Analysen zur Epidemiologie und Prävalenz von relevanten Antibiotikaresistenzgenen beteiligt.

Das NRZ steht zudem für Fragen zur Diagnostik und Bedeutung von Resistenzmechanismen bei gramnegativen Bakterien und für Fortbildungsvorträge zu diesen Themen zur Verfügung.

Seitdem das NRZ 2009 ernannt wurde, hat sich die Zahl der Einsendungen massiv erhöht, sodass im Jahr 2024 nun über 10.500 Isolate bearbeitet wurden (s. [Abbildung](#)). Der Großteil der jährlichen Einsendungen erfolgt dabei für die Carbapenemase-Abklärung, am zweithäufigsten werden Stammvergleichsanalysen nachgefragt.

Im März 2025 war das NRZ angesichts der immer weiter zunehmenden Einsendezahlen gezwungen, seine Einsendekriterien zu verschärfen. Dies erfolgte mit dem Ziel, die Zahl der bearbeiteten Carbapenemase-negativen Isolate zu reduzieren, um bei seit 2017 unveränderter finanzieller Förderung handlungsfähig zu bleiben und die kurze Bearbeitungs-

## Anzahl Einsendungen

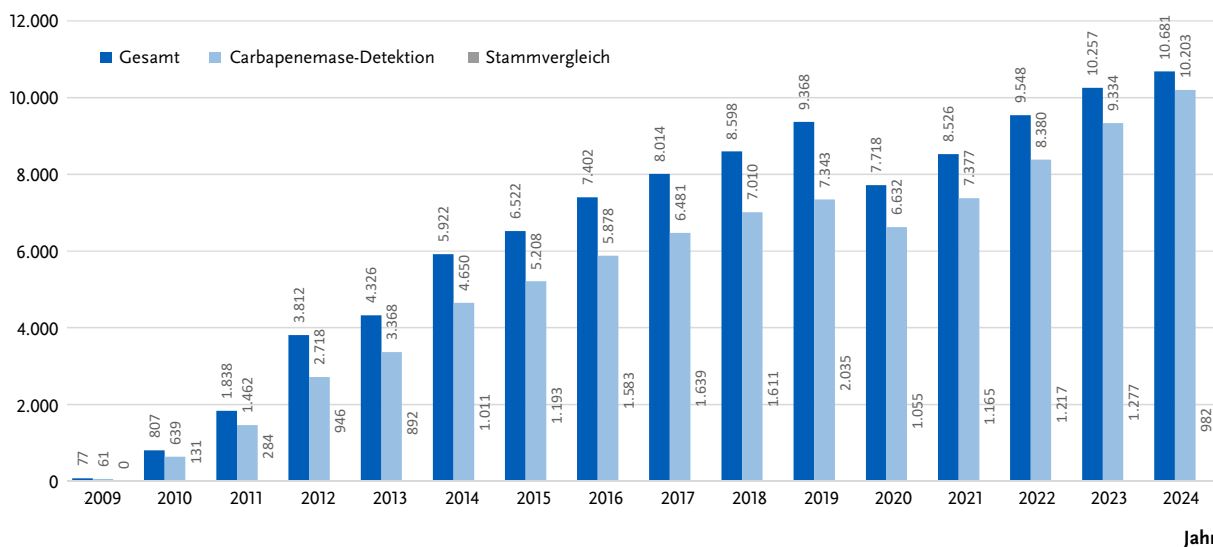


Abbildung | Anzahl der jährlichen Einsendungen an das Nationale Referenzzentrum für gramnegative Krankenhauskeimer, 2009–2024.

zeit aufrecht erhalten zu können. Seit März 2025 ist für Einsendungen von Carbapenem-resistenten *Enterobacterales* und *Pseudomonas aeruginosa* für die Carbapenemase-Abklärung nun ein positiver phänotypischer oder genotypischer Carbapenemase-Test erforderlich.

Angesichts einer konstanten Zunahme von Infektionen und Kolonisationen mit multiresistenten gramnegativen Erregern in Deutschland und der Tatsache, dass Carbapenem-resistente *Enterobac-*

*terales* und *Acinetobacter baumannii* von der Weltgesundheitsorganisation in die höchste Kategorie der Relevanz für die öffentliche Gesundheit eingeordnet werden, ist die Arbeit des NRZ von höchster Bedeutung für den Öffentlichen Gesundheitsdienst in Deutschland. Die Analysen des NRZ haben dabei unter anderem zur Aufdeckung und Untersuchung verschiedener, auch europaweiter Ausbrüche multiresistenter Erreger sowie zur Beschreibung von Einträgen in Zusammenhang mit dem russischen Überfall auf die Ukraine geführt.

## Ausgewählte Publikationen

- ▶ Spread of carbapenemase-producing *Morganella* spp from 2013 to 2021: a comparative genomic study. Bonnin RA, Creton E, Perrin A, Girlich D, Emeraud C, Jousset AB, Duque M, Jacquemin A, Hopkins K, Bogaerts P, Glupczynski Y, Pfennigwerth N, Gniadkowski M, Hendrickx APA, van der Zwaluw K, Apfalter P, Hartl R, Studentova V, Hrabak J, Larrouy-Maumus G, Rocha EPC, Naas T, Dortet L. *Lancet Microbe*. 2024 Jun;5(6):e547-e558. doi: 10.1016/S2666-5247(23)00407-X. Epub 2024 Apr 25.
- ▶ Rapid cross-border emergence of NDM-5-producing *Escherichia coli* in the European Union/ European Economic Area, 2012 to June 2022. Linkevicius M, Bonnin RA, Alm E, Svartström O, Apfalter P, Hartl R, Hasman H, Roer L, Räisänen K, Dortet L, Pfennigwerth N, Hans JB, Tóth Á, Buzgó L, Cormican M, Delappe N, Monaco M, Giufrè M, Hendrickx AP, Samuelsen Ø, Pöntinen AK, Caniça M, Manageiro V, Oteo-Iglesias J, Pérez-Vázquez M, Westmo K, Mäkitalo B, Palm D, Monnet DL, Kohlenberg A. *Euro Surveill*. 2023

May;28(19):2300209. doi: 10.2807/1560-7917.

ES.2023.28.19.2300209.

- ▶ Molecular surveillance reveals the emergence and dissemination of NDM-5-producing *Escherichia coli* high-risk clones in Germany, 2013 to 2019. Hans JB, Pfennigwerth N, Neumann B, Pfeifer Y, Fischer MA, Einfeld J, Schauer J, Haller S, Eckmanns T, Gatermann S, Werner G. Euro Surveill. 2023 Mar;28(10):2200509. doi: 10.2807/1560-7917. ES.2023.28.10.2200509.
- ▶ Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing *Klebsiella pneumoniae* in Germany associated with the war in Ukraine, 2022. Sandfort M, Hans JB, Fischer MA, Reichert F, Cremanns M, Einfeld J, Pfeifer Y, Heck A, Eckmanns T, Werner G, Gatermann S, Haller S, Pfennigwerth N. Euro Surveill. 2022 Dec;27(50):2200926. doi: 10.2807/1560-7917. ES.2022.27.50.2200926.
- ▶ Detection of OXA-181-producing *Pseudomonas aeruginosa* in Germany. Schauer J, Gatermann SG, Einfeld J, Hans J, Pfennigwerth N. Int J Med Microbiol. 2022 Jul;312(5):151557. doi: 10.1016/j.ijmm.2022.151557. Epub 2022 Jul 8.

## Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen

### KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**  
[Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen](#)
- ▶ **Leitung**  
Prof. Dr. med. Christine Geffers
- ▶ **Institut**  
Institut für Hygiene und Umweltmedizin,  
Charité – Universitätsmedizin Berlin
- ▶ **Adresse**  
Campus Benjamin Franklin,  
Hindenburgdamm 27, 12203 Berlin
- ▶ **E-Mail**  
[nrz@charite.de](mailto:nrz@charite.de)  
(Sekretariat: [sekretariat-hygiene@charite.de](mailto:sekretariat-hygiene@charite.de))
- ▶ **Telefon**  
+49 30 450 577 612

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Surveillance nosokomialer Infektionen entwickelt für medizinische Einrichtungen Surveillance-Methoden zur standardisierten Erhebung, Dokumentation, Auswertung, Analyse und Interpretation von nosokomialen Infektionen, multiresistenten Erregern, Antibiotikaawendungen und Händehygieneparametern. Die Surveillance findet im Rahmen des Krankenhaus-Infektions-Surveillance-Systems (KISS) statt, welches bereits seit 1997 besteht. Die Surveillance-Methoden sind dabei jeweils an die unterschiedlichen Bereiche bzw. Populationen angepasst und werden fortlaufend evaluiert und ggf. modifiziert.

An einer Surveillance interessierte medizinische Einrichtungen haben die Möglichkeit, nach der vom KISS vorgegebenen und veröffentlichten Methode eine Surveillance eigenverantwortlich durchzuführen. Da die KISS-Methode öffentlich einsehbar ist, kann sie grundsätzlich auch ohne eigene Teilnahme am KISS zur Anwendung kommen. Die aktive Beteiligung bietet jedoch einige zusätzliche Vorteile.

Aktiv am KISS beteiligte Einrichtungen erhalten z. B. kostenfreien Zugang zu einem webbasierten Datenmanagementsystem (webKess). In webKess dokumentieren die Teilnehmenden ihre Daten und können jederzeit eigenständig Auswertungen erstellen. Aggregierte Daten fungieren als Referenzwerte für Deutschland und werden regelmäßig veröffentlicht. Der Vergleich der eigenen Daten mit den KISS-Referenzwerten hilft bei der Interpretation der eigenen infektionsrelevanten Parameter. Dies ist eine Voraussetzung für eine effektive Nutzung von Surveillance-Daten im Rahmen der internen Qualitätssicherung. Das KISS unterstützt die unterschiedlichen medizinischen Einrichtungen. So auch bei der Durchführung der gesetzlich geforderten Surveillance von nosokomialen Infektionen, der Surveillance von Erregern mit besonderen Resistenzen sowie der Antibiotikaawendung bei Frühgeborenen, bei denen die sonst geforderte Methode zur Antibiotikaverbrauchs-Surveillance über die Erhebung definierter Tagesdosen nicht zur Anwendung kommen kann. Das KISS ist modular aufgebaut und medizinische Einrichtungen können den Umfang ihrer Beteiligung an die eigene Struktur und Erfordernisse anpassen. Aktuell stehen neun KISS-Module zur Verfügung und es beteiligen sich über 1.000 Akutkrankenhäuser an mindestens einem Modul.

Zur Sicherstellung der Datenqualität ist eine KISS-Teilnahme für die Infektionssurveillance erst nach Schulung von Vertreterinnen und Vertretern der Einrichtung möglich. Zudem findet auf Eingabe-ebene über diverse Validierungsregeln innerhalb von webKess bereits eine Plausibilitätsüberprüfung statt. Neben den schriftlichen Festlegungen zur Methodik bietet das NRZ einen telefonischen und schriftlichen Support für administrative, technische und inhaltliche Fragestellungen an. Einmal jährlich werden vom NRZ zudem Treffen mit den KISS-Teilnehmenden zu den unterschiedlichen Modulen organisiert. An diesen Veranstaltungen nehmen regelmäßig über 800 Teilnehmende aus den Ein-

richtungen teil. Die Treffen dienen in erster Linie dem Informationsaustausch zwischen NRZ und KISS-Teilnehmenden. Die aktuellen Daten der einzelnen Module werden vorgestellt, Änderungen der Methodik werden kommuniziert und wichtige Aspekte der KISS-Methodik werden interaktiv trainiert, was der Auffrischung und Selbstkontrolle der Methodenkenntnis dient. Seit der COVID-19-Pandemie finden diese Treffen als Online-Veranstaltung statt.

Das NRZ liefert somit nicht nur standardisierte Methoden zur Durchführung einer Surveillance und stellt Vergleichsdaten wichtiger infektiologi-

scher Kenndaten bereit, sondern versteht sich auch als großes infektionspräventives Netzwerk. Durch regelmäßige Analysen insbesondere auch von zeitlichen Trends werden der interessierten Fachöffentlichkeit und der Politik zudem wichtige Informationen zu nosokomialen Infektionen und multiresistenten Erregern zur Verfügung gestellt. Die Anwendung der KISS-Methode wird außerdem in den Empfehlungen der Kommission für Infektionsprävention in medizinischen Einrichtungen und in Einrichtungen und Unternehmen der Pflege und Eingliederungshilfe (KRINKO) zur Surveillance von nosokomialen Infektionen empfohlen.

### Ausgewählte Publikationen

- ▶ Kramer TS, Salm F, Schwab F, Geffers C, Behnke M, Gastmeier P, Piening B. Reduction of antibacterial use in patients with very low birth weight on German NICUs after implementation of a mandatory surveillance system. A longitudinal study with national data from 2013 to 2019. *J Infect.* 2022 Jul;85(1):8-16. doi: 10.1016/j.jinf.2022.05.009. Epub 2022 May 14. PMID: 35580752.
- ▶ Geffers C, Schwab F, Behnke M, Gastmeier P. No increase of device associated infections in German intensive care units during the start of the COVID-19 pandemic in 2020. *Antimicrob Resist Infect Control.* 2022 May 7;11(1):67. doi: 10.1186/s13756-022-01108-9. PMID: 35526018; PMCID: PMC9077980.
- ▶ Aghdassi SJS, Gastmeier P, Hoffmann P, Schwab F. Increase in surgical site infections caused by gram-negative bacteria in warmer temperatures: Results from a retrospective observational study. *Infect Control Hosp Epidemiol.* 2021 Apr;42(4):417-424. doi: 10.1017/ice.2020.463. Epub 2020 Oct 7. PMID: 33023687.
- ▶ Schwab F, Geffers C, Behnke M, Gastmeier P. ICU mortality following ICU-acquired primary bloodstream infections according to the type of pathogen: A prospective cohort study in 937 Germany ICUs (2006-2015). *PLoS One.* 2018 Mar 8;13(3):e0194210. doi: 10.1371/journal.pone.0194210. PMID: 29518133; PMCID: PMC5843291.
- ▶ Schröder C, Schwab F, Behnke M, Breier AC, Maechler F, Piening B, Dettenkofer M, Geffers C, Gastmeier P. Epidemiology of healthcare associated infections in Germany: Nearly 20 years of surveillance. *Int J Med Microbiol.* 2015 Oct;305(7):799-806. doi: 10.1016/j.ijmm.2015.08.034. Epub 2015 Aug 24. PMID: 26358916.

## Nosokomialer Ausbruch von *Ralstonia mannitolilytica*-Infektionen

Im April 2026 wurde das Robert Koch-Institut (RKI) über einen Ausbruch von *Ralstonia mannitolilytica*-Infektionen in Deutschland informiert. Seit März 2026 sind 10 Fälle von *R. mannitolilytica*-Infektionen in 4 Krankenhäusern in Deutschland bekannt, 8 Isolate in 2 Krankenhäusern sind verfügbar und werden nun mittels Ganzgenomsequenzierung untersucht. Alle Nachweise erfolgten aus Blutkultur.

*R. mannitolilytica* ist ein gramnegatives Bakterium und opportunistisch pathogen. Infektionen treten vorwiegend bei Immunsuppression auf. Das Bakterium kommt im Boden und Wasser vor. Veröffentlichte Ausbrüche wurden oft auf kontaminierte Arzneimittel oder Medizinprodukte zurückgeführt.

Bisher wurde kein eindeutiger epidemiologischer Zusammenhang zwischen den Fällen identifiziert. Die Fälle haben unterschiedliche Krankheitsbilder, waren auf unterschiedlichen Stationen und sind zwischen 1 und 93 Jahre alt. Eine gemeinsame Exposition zu einem kontaminierten Arzneimittel oder Medizinprodukt ist als Quelle wahrscheinlich.

Es handelt sich um einen überregionalen nosokomialen Ausbruch gemäß § 6 Abs. 3 Infektionsschutzgesetz (IfSG). Alle *R. mannitolilytica*-Nach-

weise unabhängig vom Untersuchungsmaterial sind an das zuständige Gesundheitsamt zu melden. Wir bitten Labore, alle *R. mannitolilytica*-Isolate mit Probenentnahme seit Januar 2026 zur Typisierung an das RKI zu senden. Dieser Aufruf und die Meldepflicht gelten zunächst bis einschließlich 30.8.2026.

Für Rückfragen und Informationen zum Isolatversand stehen wir Ihnen unter [Nosokomiale-Ausbrueche@rki.de](mailto:Nosokomiale-Ausbrueche@rki.de) gerne zur Verfügung.

---

### Autoren

Robert Koch-Institut

---

### Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Nosokomialer Ausbruch von *Ralstonia mannitolilytica*-Infektionen

Epid Bull 2026;19:26 | DOI 10.25646/14228

---

### Open access



Creative Commons Namensnennung  
4.0 International

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

18. Woche 2025 (Datenstand: 6. Mai 2026) – abrufbar auch als interaktives [Dashboard](#)

### Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	39	1.073	965	12	235	230	12	147	101	61	2.685	4.042	19	610	965
Bayern	65	1.730	1.423	18	393	339	6	179	118	100	4.559	5.781	54	1.133	1.980
Berlin	13	644	533	6	98	108	2	73	69	43	2.972	1.971	44	679	891
Brandenburg	34	508	400	4	85	83	0	47	51	84	2.907	2.280	77	994	1.598
Bremen	6	138	109	0	9	9	0	17	21	9	395	312	5	231	78
Hamburg	8	316	336	1	37	52	1	50	41	40	1.422	1.008	13	330	427
Hessen	25	872	768	3	171	220	6	160	148	41	2.496	3.241	31	819	973
Mecklenburg-Vorpommern	26	413	299	0	66	53	4	65	61	40	1.591	1.383	66	458	568
Niedersachsen	39	1.163	984	7	224	192	7	255	172	120	3.334	4.158	70	1.041	2.398
Nordrhein-Westfalen	124	3.643	2.944	14	454	459	16	341	298	146	6.628	11.219	132	1.688	3.221
Rheinland-Pfalz	25	746	698	3	137	143	6	100	72	52	1.676	2.851	19	399	914
Saarland	4	203	183	1	26	27	2	40	28	5	414	734	0	39	493
Sachsen	53	1.007	803	5	155	188	3	90	80	111	3.605	4.427	139	1.826	1.352
Sachsen-Anhalt	20	439	395	2	121	123	4	50	41	62	2.029	2.375	18	510	1.448
Schleswig-Holstein	17	530	380	2	61	59	4	94	70	72	1.949	1.302	31	391	414
Thüringen	32	545	354	3	234	154	5	68	56	66	1.914	2.229	33	634	1.048
<b>Deutschland</b>	<b>530</b>	<b>13.970</b>	<b>11.574</b>	<b>81</b>	<b>2.506</b>	<b>2.439</b>	<b>78</b>	<b>1.776</b>	<b>1.427</b>	<b>1.052</b>	<b>40.576</b>	<b>49.313</b>	<b>751</b>	<b>11.782</b>	<b>18.768</b>

### Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	3	34	39	36	675	784	17	318	402	2	143	197	15	21.201	33.010
Bayern	3	33	64	49	890	1.253	27	423	552	12	161	190	28	31.106	71.325
Berlin	0	11	20	18	325	521	15	178	184	3	98	104	5	7.870	15.256
Brandenburg	0	8	12	6	73	108	2	38	57	3	41	22	4	11.188	18.011
Bremen	0	2	3	3	71	111	4	26	39	2	25	23	3	992	1.186
Hamburg	1	6	11	9	211	511	2	81	101	2	54	84	6	4.523	9.628
Hessen	2	25	24	13	325	542	5	183	214	6	138	145	38	10.751	20.667
Mecklenburg-Vorpommern	1	11	4	1	49	54	1	23	32	1	22	19	5	11.698	13.204
Niedersachsen	0	36	46	26	544	647	11	220	259	4	105	100	14	14.731	28.345
Nordrhein-Westfalen	0	71	67	49	1.131	1.677	24	550	740	11	274	318	27	33.963	63.645
Rheinland-Pfalz	0	6	17	16	290	404	8	129	134	2	61	83	7	9.124	16.711
Saarland	1	4	8	2	57	98	2	46	54	1	15	16	0	1.883	3.182
Sachsen	0	10	13	7	119	150	5	94	78	2	36	55	12	21.704	42.876
Sachsen-Anhalt	1	6	6	5	84	142	3	42	48	0	29	29	5	11.280	25.893
Schleswig-Holstein	0	9	9	5	109	213	2	80	118	0	32	36	3	6.600	10.568
Thüringen	1	10	6	4	51	71	0	28	49	0	26	27	3	10.754	17.725
<b>Deutschland</b>	<b>13</b>	<b>282</b>	<b>349</b>	<b>249</b>	<b>5.004</b>	<b>7.286</b>	<b>128</b>	<b>2.459</b>	<b>3.061</b>	<b>51</b>	<b>1.260</b>	<b>1.448</b>	<b>175</b>	<b>209.368</b>	<b>391.232</b>

## Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	2	8	17	0	5	6	0	0	0	35	403	398	68	1.277	1.477
Bayern	2	5	20	0	5	29	0	0	0	63	1.346	622	79	2.190	2.706
Berlin	0	2	10	0	2	5	0	0	0	3	62	105	16	382	518
Brandenburg	0	1	1	1	2	3	0	0	0	2	103	175	3	220	318
Bremen	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	3	16	2	43	31
Hamburg	0	1	3	0	2	4	0	0	0	2	58	72	19	187	255
Hessen	0	9	19	0	10	10	0	0	1	7	138	211	30	368	330
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	77	74	2	54	97
Niedersachsen	0	13	0	0	8	15	0	0	0	7	101	222	34	581	518
Nordrhein-Westfalen	0	13	21	2	18	38	0	0	1	34	404	499	79	1.621	1.457
Rheinland-Pfalz	0	2	7	0	4	6	0	0	0	4	179	182	8	260	349
Saarland	0	0	1	1	2	1	0	0	0	1	31	92	2	76	52
Sachsen	0	0	3	1	2	8	0	0	0	28	285	277	37	646	918
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	1	0	0	0	0	16	251	343	1	62	59
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	5	3	0	0	0	0	38	54	12	307	213
Thüringen	0	0	1	0	1	1	0	0	0	11	257	292	16	230	142
<b>Deutschland</b>	<b>4</b>	<b>54</b>	<b>105</b>	<b>5</b>	<b>67</b>	<b>130</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>215</b>	<b>3.736</b>	<b>3.634</b>	<b>408</b>	<b>8.504</b>	<b>9.440</b>

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

	<i>Acinetobacter</i> <sup>1</sup>			Enterobacterales <sup>1</sup>			<i>Clostridioides difficile</i> <sup>2</sup>			MRSA <sup>3</sup>			COVID-19 <sup>4</sup>		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.	18.	1.–18.	1.–18.
Baden-Württemberg	1	28	31	20	414	429	2	36	32	4	41	46	36	2.793	2.765
Bayern	2	36	37	13	345	418	4	85	103	2	39	47	26	4.784	4.464
Berlin	0	20	23	6	161	272	1	10	13	2	34	22	4	1.336	1.695
Brandenburg	1	4	3	4	83	65	1	30	32	0	7	13	2	1.689	1.261
Bremen	0	0	0	0	11	15	0	5	6	0	0	0	0	123	147
Hamburg	0	7	10	4	136	159	1	12	8	1	17	23	2	475	810
Hessen	1	22	19	15	392	408	3	37	39	1	37	37	7	1.728	2.108
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	3	0	39	43	1	16	21	1	6	9	4	1.107	1.052
Niedersachsen	0	15	15	10	268	276	3	43	65	1	42	47	1	1.925	1.999
Nordrhein-Westfalen	4	69	52	29	663	928	5	177	219	8	115	109	38	4.636	6.031
Rheinland-Pfalz	0	12	7	5	99	164	0	25	28	1	14	14	7	1.482	1.469
Saarland	0	4	2	1	18	21	1	5	6	1	12	3	3	483	426
Sachsen	0	6	4	3	98	117	3	101	114	1	22	17	9	2.559	2.549
Sachsen-Anhalt	2	13	1	6	80	67	1	46	28	1	15	21	0	1.250	1.274
Schleswig-Holstein	2	12	6	6	77	99	1	21	24	0	9	10	4	1.193	1.125
Thüringen	0	3	5	4	55	55	0	13	16	0	13	17	6	1.205	831
<b>Deutschland</b>	<b>13</b>	<b>251</b>	<b>218</b>	<b>126</b>	<b>2.939</b>	<b>3.536</b>	<b>27</b>	<b>662</b>	<b>754</b>	<b>24</b>	<b>423</b>	<b>435</b>	<b>149</b>	<b>28.768</b>	<b>30.006</b>

1 Infektion und Kolonisation

(bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach jeweils geltender Falldefinition, s. [www.rki.de/falldefinitionen](http://www.rki.de/falldefinitionen))2 *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform3 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*, invasive Infektion

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

## Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2026		2025
	18.	1.–18.	1.–18.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	65	140
Bornavirus-Erkrankung	0	3	0
Botulismus	0	0	1
Brucellose	1	14	21
Candidozyma auris, invasive Infektion	0	2	5
Chikungunyavirus-Erkrankung	2	158	29
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	35	65
Denguefieber	6	237	391
Diphtherie	0	12	19
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	5	28	25
Giardiasis	24	821	965
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	21	601	751
Hantavirus-Erkrankung	2	48	79
Hepatitis D	0	2	26
Hepatitis E	79	1.814	1.924
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	1	18	15
Kryptosporidiose	26	452	562
Legionellose	17	511	628
Lepra	0	1	0
Leptospirose	0	6	61
Listeriose	9	201	182
Malaria	16	240	227
Meningokokken, invasive Infektion	1	108	161
Mpox	10	191	216
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	0	6	18
Ornithose	0	2	9
Paratyphus	0	9	6
Pneumokokken, invasive Infektion	163	4.813	5.819
Q-Fieber	0	23	31
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	778	64.860	62.729
Shigellose	40	1.110	772
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	0	31	29
Typhus abdominalis	0	17	28
West-Nil-Fieber*	0	1	1
Yersiniose	75	1.450	1.222
Zikavirus-Erkrankung	0	2	4

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](http://www.rki.de/falldefinitionen)).

\* reiseassoziierte und autochthone WNV-Fälle

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

Berichtsmonat: Februar 2026 (Datenstand: 1. Mai 2026)

	Syphilis*			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	Februar	Januar – Februar		Februar	Januar – Februar		Februar	Januar – Februar		Februar	Januar – Februar	
Baden-Württemberg	–	–	–	19	37	72	5	6	6	0	0	0
Bayern	–	–	–	45	78	90	0	3	8	0	0	0
Berlin	–	–	–	19	36	42	3	4	1	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	5	10	10	0	0	1	0	0	0
Bremen	–	–	–	4	6	12	0	0	1	0	0	0
Hamburg	–	–	–	9	30	36	0	0	1	0	0	0
Hessen	–	–	–	12	28	40	0	0	6	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	1	7	8	0	0	0	0	0	0
Niedersachsen	–	–	–	9	35	49	1	1	1	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	33	77	93	2	7	3	0	0	0
Rheinland-Pfalz	–	–	–	1	10	13	1	1	2	0	0	0
Saarland	–	–	–	1	1	2	0	1	1	0	0	0
Sachsen	–	–	–	6	11	22	0	0	0	0	0	0
Sachsen-Anhalt	–	–	–	2	5	16	0	0	0	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	4	14	15	0	0	2	0	0	0
Thüringen	–	–	–	1	4	8	0	0	0	0	0	0
<b>Deutschland</b>	–	–	–	<b>171</b>	<b>389</b>	<b>528</b>	<b>12</b>	<b>23</b>	<b>33</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

\* Derzeit stehen keine aktualisierten Daten zur Syphilis zur Verfügung.

Die „Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten“ wird ab sofort durch ein interaktives Dashboard ergänzt. Die dazugehörige Datenbasis ist jedoch sehr viel umfangreicher. Für die Darstellung von Inzidenz, Fallzahlen und des wöchentlichen Verlaufs werden Fallzahlen ab 2021 berücksichtigt.