

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

36
2026

3. September 2026

Epidemiologisches Bulletin

**Internationaler Ausbruch von
Enterobacter-hormaechei-Infektionen**

Inhalt

Internationaler Ausbruch von *Enterobacter-hormaechei*-Infektionen mit NDM-5-Carbapenemase seit März 2025

4

Mit bestätigten Fällen zwischen März 2025 und Mai 2026 wurde ein Ausbruch von Carbapenemase-produzierenden *Enterobacter hormaechei* mit einer Neu-Delhi-Metallo- β -Laktamase (NDM)-5 in sechs Ländern der Europäischen Union (EU) sowie Norwegen identifiziert. Von insgesamt 59 bestätigten Ausbruchsfällen entfiel mit 20 Fällen der größte Anteil auf Deutschland. Genomische Analysen zeigten eine hohe Verwandtschaft der Isolate (0–4 Alleldifferenzen in der Core-Genome-Multilocus-Sequenztypisierung [cgMLST]). Die Fälle in Deutschland wiesen ein Medianalter von 72 Jahren auf und stammten aus sechs verschiedenen Bundesländern. Das klinische Bild reichte von asymptomatischer Kolonisierung bis hin zu teilweise schweren Infektionen wie Urosepsis, Wundinfektionen, Abszessen und Cholezystitis. Eine systematische Erhebung zur Exposition gegenüber medizinischen Behandlungen und Produkten ergab keine zeitgleichen stationären Aufenthalte in derselben Einrichtung oder direkten epidemiologischen Zusammenhänge zwischen den Fällen. Die hohe genetische Stabilität der Isolate über längere Zeit und das breite geografische Vorkommen der Fälle deuten auf eine gemeinsame, unbelebte Infektionsquelle hin. Eine konkrete Ursache konnte jedoch trotz umfangreicher länderübergreifender Untersuchungen bislang nicht identifiziert werden. Dieser Bericht beinhaltet die epidemiologische Charakterisierung des Ausbruchsgeschehens mit Fokus auf die Fälle in Deutschland.

International outbreak of NDM-5-producing *Enterobacter hormaechei* since March 2025

An outbreak of carbapenemase-producing *Enterobacter hormaechei* carrying a New Delhi metallo- β -lactamase (NDM)-5 was identified in six countries of the European Union (EU) and Norway, with confirmed cases occurring between March 2025 and May 2026. Of a total of 59 confirmed outbreak cases, Germany accounted for the largest proportion, with 20 cases. Genomic analyses revealed a high degree of relatedness among the isolates (0–4 allele differences in core genome multilocus sequence typing [cgMLST]). The cases in Germany had a median age of 72 years and were from six different federal states. The clinical presentation ranged from asymptomatic colonisation to, in some cases, severe infections such as urosepsis, wound infections, abscesses and cholecystitis. A systematic investigation into exposure to medical treatments and products revealed no concurrent hospital stays at the same facility or direct epidemiological links between the cases. The high genetic stability of the isolates over an extended period and the wide geographical distribution of the cases suggest a common, inanimate source of infection. However, despite extensive cross-state investigations, a specific cause has not yet been identified. This report provides an epidemiological characterisation of the outbreak, focusing on the cases in Germany.

(Article in German)

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 35. Woche

14

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Juni 2026

17

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon: 030 18754-0
E-Mail: 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

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.

Internationaler Ausbruch von *Enterobacter-hormaechei*-Infektionen mit NDM-5-Carbapenemase seit März 2025

Epidemiologische Charakterisierung der Fälle in Deutschland und Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche

Einleitung

Enterobacter hormaechei ist ein gramnegatives Bakterium, das verschiedene opportunistische Infektionen wie Sepsis oder Harnwegsinfektionen verursachen kann und auch bei nosokomialen Infektionen nachgewiesen wird.¹ Der Erreger kommt sowohl in der Umwelt als auch als Kommensale im menschlichen Magen-Darm-Trakt vor.² *E. hormaechei* neigt aufgrund seiner chromosomalen Klasse-C- β -Laktamase zu Multiresistenz, weshalb Carbapeneme oft als Therapieoption bei schweren Infektionen eingesetzt werden. Eine zusätzliche Carbapenem-Resistenz, die durch Carbapenemasen vermittelt wird, schränkt die Behandlungsmöglichkeiten drastisch ein. Klinisch besonders bedenklich sind dabei Metallo- β -Laktamasen (MBL) wie Neu-Delhi-Metallo- β -Laktamase (NDM)-5: Sie inaktivieren nicht nur nahezu alle β -Laktam-Antibiotika, sondern verleihen auch Resistenzen gegenüber neuen Reserveantibiotika, was ein Risiko für die öffentliche Gesundheit darstellt.^{3,4}

Der Nachweis von Carbapenemase-produzierenden Enterobacterales (CPE), und damit auch von Carbapenemase-produzierenden *E. hormaechei*, unterliegt in Deutschland der gesetzlichen Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG). Ebenso ist das Auftreten nosokomialer Ausbrüche meldepflichtig. Primärlaboratorien können Isolate auf freiwilliger Basis an das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger einsenden, wo eine Spezifizierung der Carbapenemasen sowie eine feintypisierende Differenzierung des Erregers durchgeführt werden kann.

Ausbrüche durch Erreger des übergeordneten *Enterobacter-cloacae*-Komplexes und insbesondere *E. hormaechei* werden in der Literatur häufig mit kontaminierten Medikamenten oder Medizinprodukten in Verbindung gebracht. Ein prägnantes Bei-

spiel hierfür ist ein Ausbruch in Dänemark und Island in den Jahren 2022 und 2023, welcher auf kontaminierte Dicloxacillin-Kapseln als Quelle für NDM-5- und Oxacillinase (OXA)-48-produzierende *E. hormaechei* (Sequenztyp [ST] 79) zurückgeführt werden konnte. Auch andere kontaminierte Produkte, wie z. B. Kochsalzlösungen oder Ultraschallgele wurden in der Vergangenheit als Ursache von Ausbrüchen identifiziert.^{5–7}

Am 12. September 2025 informierte das niederländische Nationale Institut für Public Health und Umwelt (RIVM) über EpiPulse (eine Informationsplattform für die Nationalen Public-Health-Institute der EU) über ein gehäuftes Auftreten von Infektionen und Kolonisierungen mit *E. hormaechei* ST 1344, die das Carbapenemase-Gen *bla*_{NDM-5} trugen. Ein Abgleich genomischer Daten zwischen den EU-Mitgliedsstaaten bzw. des Europäischen Wirtschaftsraums (EWR) offenbarte ein länderübergreifendes genomisches Cluster. Auch in Deutschland zeigte sich, dass die Zahl der IfSG-Meldefälle, der Nachweise in der Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS)⁸ und der ans NRZ eingesandten Isolate die erwartete Anzahl (orientiert an den Werten der Vorjahre) deutlich überstieg. Darüber hinaus konnten zwei Erregersequenzen am Niedersächsischen Landesgesundheitsamt (NLGA) als zugehörig zum genomischen Cluster identifiziert werden. Offensichtliche epidemiologische Zusammenhänge zwischen den Fällen (z. B. Alter, Nachweisorte, Auslandsexposition) aus Deutschland und denen anderer Länder waren nicht erkennbar. Daher leiteten das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) und das Europäische Referenzlabor für den Bereich Öffentliche Gesundheit und Antibiotikaresistenzen (EURL-PH-AMR) gemeinsam mit den nationalen Partnerinstituten eine länderübergreifende Ausbruchsuntersuchung ein, die zuletzt auch in einer *Rapid Communication* in Eurosurveillance mündete.⁹

Ziel dieses Berichts ist, (1) die epidemiologischen, klinischen und mikrobiologischen Charakteristika der Fälle in Deutschland zu beschreiben, (2) geografische Verteilungsmuster und mögliche Expositionen detailliert zu analysieren und (3) für die weitere Suche nach Fällen mit dem Ziel der Identifikation der Infektionsquelle zu sensibilisieren. Dieser Bericht beschreibt außerdem die Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche.

Methoden

Zur systematischen Erfassung des Ausbruchs und zugehöriger Fälle in Deutschland wurde eine Falldefinition erstellt. Als mögliche Fälle galten Personen mit Nachweis von *E. hormaechei* (oder *E. cloacae*-Komplex) mit einer nicht weiter spezifizierten NDM-Carbapenemase. Als wahrscheinliche Fälle galten jene mit Spezifikation einer NDM-5-Carbapenemase. Bestätigt waren Fälle, deren Isolat mittels Core-Genome-Multilocus-Sequenztypisierung (cgMLST) und mit einem Schwellenwert von ≤ 12 Alleldifferenzen dem Ausbruchscluster zugeordnet werden konnte.¹⁰

Nach Bekanntwerden des internationalen Ausbruchsignals wurde die Abklärung der Ausbruchszugehörigkeit wahrscheinlicher Fälle unter IfSG-Meldefällen und NRZ-Isolaten mittels Ganzgenomsequenzierung für alle seit dem 1.1.2024 eingegangenen Isolate von *E. hormaechei*/*E. cloacae*-Komplex mit NDM-5 am NRZ implementiert. Ergänzend wurden die mikrobiologischen Laboratorien bundesweit um Einsendung entsprechender Isolate oder das Teilen von Sequenzdaten gebeten.

Zur differenzierten Fallabklärung wurden an das NRZ eingesandte Isolate möglicher Fälle zunächst einer phänotypischen und molekularen Routine-Carbapenemase-Spezifizierung unterzogen. Isolate mit NDM-5-Nachweis wurden sequenziert und mittels cgMLST analysiert. Für bestätigte Fälle wurde die Isolat-Erregersequenz mit epidemiologischen und klinischen Daten der Meldefälle gemäß IfSG verknüpft.¹¹

Die epidemiologische Datenerhebung zu Expositionen fokussierte sich auf die Ergänzung der Melde-

fall- und Probenbegleitinformationen (Routinedaten) hinsichtlich stationärer und ambulanter Behandlungen, medizinischer Prozeduren und Expositionen zu Arzneimitteln und Medizinprodukten in den 12 Monaten vor Erstnachweis. Diese tiefergehende, detaillierte Erhebung stützte sich insbesondere auf telefonische Interviews, die durch das Ausbruchsteam mit den Behandelnden unter Verwendung eines international standardisierten Fragebogens durchgeführt wurden. Dabei lagen je nach Vollständigkeit verschiedene Stufen der Detailtiefe der Expositionserhebung vor: 1) Vollständig erhobene Expositionsdaten (alle medizinischen Behandlungszeitpunkte erfasst sowie Prozeduren und Produktexpositionen pro Behandlung), 2) teilweise erhobene Expositionsdaten, 3) nur Routinedaten.

Die Fälle wurden nach Zeit, Ort und Person beschrieben, um wissenschaftliche Hypothesen hinsichtlich einer Mensch-zu-Mensch-Übertragung oder einer produktassoziierten Ausbruchsquelle zu überprüfen. Die geografische Zuordnung der Fälle erfolgte nach Region der erfassenden Gesundheitseinrichtung (ergänzt durch Wohnort oder einsendendem Labor, falls die Information fehlte) (Ebene 2 der Systematik der Gebietseinheiten für die Statistik [NUTS-2]).

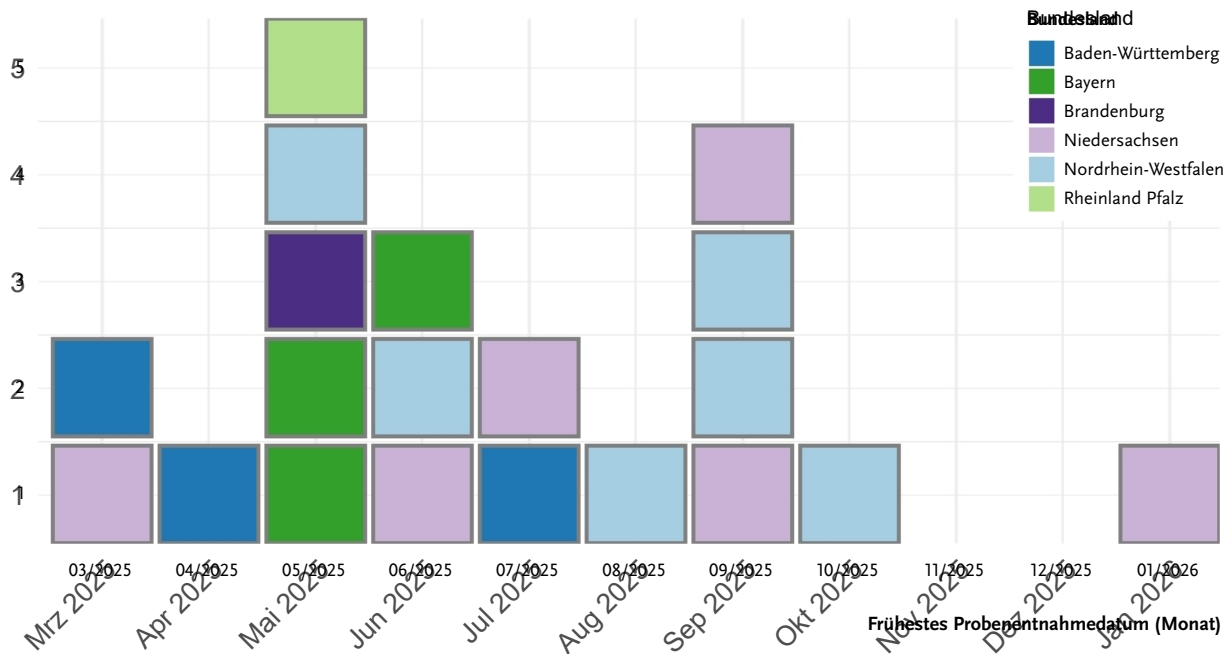
Fälle wurden bezüglich ihrer medizinischen Versorgungshistorie in vier Gruppen eingeteilt: (1) ausschließlich ambulante Besuche, (2) ausschließlich stationäre Krankenhausaufenthalte, (3) sowohl ambulante als auch stationäre Aufenthalte sowie (4) keine Informationen zu Aufenthalten in den 12 Monaten vor der frühesten Probenentnahme, die zum Erregernachweis führte.

Ergebnisse

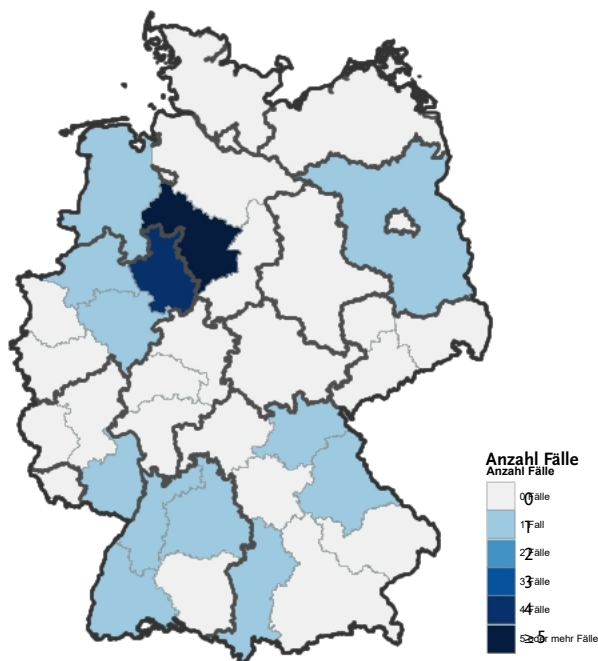
Insgesamt konnten dem Ausbruchscluster in Deutschland mit Datenstand vom 1.8.2026 20 bestätigte Fälle zugeordnet werden. Der zeitlich früheste Nachweis eines bestätigten Falls in diesem internationalen Ausbruch war im März 2025 in Deutschland. Der letzte bestätigte Fall in Deutschland wurde mit Erstnachweis im Januar 2026 identifiziert (s. Abb. 1A). Im länderübergreifenden Geschehen wurde der letzte bestätigte Fall im Mai 2026 in Österreich verzeichnet. Die in Deutschland bestätigten Fälle verteilten sich auf sechs Bundesländer (Baden-

A

Anzahl Fälle pro Monat



B



C

Altersgruppe (Jahre)

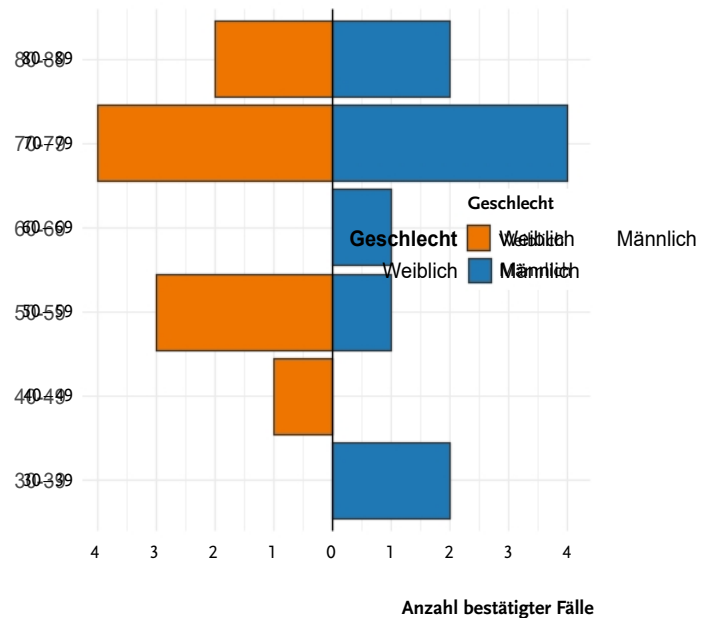


Abb. 1 | (A) Grafik zur Verteilung der bestätigten Fälle mit NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 in Deutschland nach frühestem Probenentnahmedatum und Bundesland; (B) Geografische Verteilung der bestätigten Fälle nach NUTS-2-Region; (C) Verteilung bestätigter Fälle nach Altersgruppe und Geschlecht, März 2025–Januar 2026 (n=20)

NDM = Neu-Delhi-Metallo- β -Laktamase; ST = Sequenztyp; NUTS = Systematik der Gebietseinheiten für die Statistik

Württemberg, Bayern, Brandenburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz) sowie 13 NUTS-2-Regionen. Abseits von regionalen Häufungen in Hannover (n=5) und Detmold (n=4), zeigte sich das Infektionsgeschehen geografisch breit gestreut (s. Abb. 1B). Unter den Fällen in Deutschland waren 50 % Frauen (s. Abb. 1C). Das Medianalter lag bei 72 Jahren mit einer Spanne von 37 bis 89 Jahren.

Bei 14 Fällen lag eine Infektion vor, während sechs Personen als kolonisierte Fälle eingestuft wurden. Das Spektrum der klinischen Manifestationen war vielfältig und umfasste unter anderem Harnwegsinfektionen, Wundinfektionen, Abszesse sowie eine Gallenblaseninfektion. Dementsprechend unterschiedlich war das Probenmaterial: Sieben Nachweise stammten aus Urinproben, sechs aus Rektalabstrichen im Rahmen von Screening-Untersuchungen. Vier Nachweise stammten aus Wundabstrichen, zwei aus Blutkulturen und ein Nachweis aus Gallensekret (s. Tab. 1).

Über alle 20 bestätigten Fälle in Deutschland hinweg waren für drei Fälle nur ambulante Behandlungen bekannt, für sechs Fälle nur stationäre Aufenthalte, für acht Fälle beide Arten und für drei Fälle gab es keine Informationen dazu (s. Tab. 1). Für 12

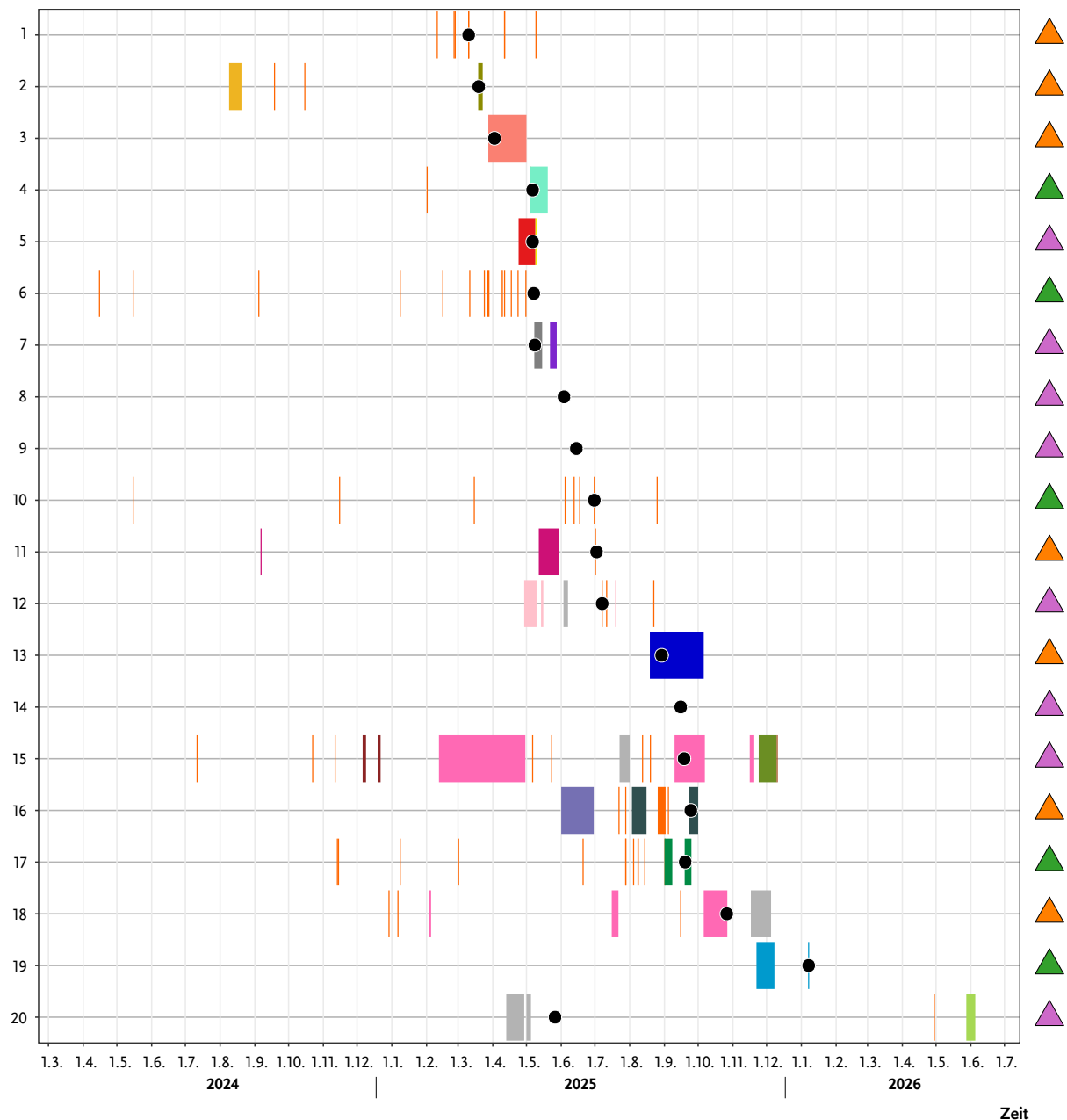
der 20 Fälle konnten tiefergehend detaillierte Expositionsdaten erhoben werden. Diese umfassten medizinische Behandlungsorte sowie die dort bei den Patientinnen und Patienten verwendeten Produkte. Bei fünf Fällen konnten Expositionsinformationen vollständig für alle Behandlungszeitpunkte und bei sieben Fällen teilweise ermittelt werden. Für acht Fälle lagen lediglich Routinedaten vor. Hinsichtlich der medizinischen Versorgungshistorie bei den insgesamt 12 Fällen mit tiefergehend erhobenen Expositionsangaben waren für drei Fälle ausschließlich ambulante Behandlungen, bei drei Fällen ausschließlich stationäre Aufenthalte und für sechs Personen sowohl ambulante als auch stationäre Behandlungen bekannt. Bei zwei dieser Fälle zeigte sich eine Überschneidung von Aufenthalten in derselben Klinik, allerdings einmalig mit nur einem Tag Überschneidung an verschiedenen Klinikstandorten oder zu unterschiedlichen Zeitpunkten am selben Standort. Für alle anderen Fälle ließen sich keine Überlappungen bei Aufenthalten in derselben medizinischen Einrichtung/Einrichtungsgruppe identifizieren (s. Abb. 2).

Aufgrund des Fehlens direkter räumlicher oder zeitlicher Überschneidungen zwischen den Fällen schien eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung nicht wahrscheinlich. Somit rückte die Hypothese einer produktassoziierten Ausbruchsquelle in den Fokus der Untersuchungen. Alle 12 Personen (100 %) mit detailliert erhobenen Angaben zur Versorgungshistorie wiesen in den 12 Monaten vor Probenentnahme eine Antibiotikaexposition auf. Zudem waren 11 der 12 Personen (92 %) gegenüber medizinischen Gelen wie Ultraschall- oder Endoskopiegelen exponiert, nur ein Fall explizit nicht. Bei den spezifischen Wirkstoffen und Produkten wurden Aminopenicillin-Antibiotika sowohl oral als auch intravenös (Amoxicillin, Amoxicillin-Clavulansäure, Ampicillin) bei neun der 12 Fälle dokumentiert. Auch ein nicht-alkoholisches Desinfektionsmittel wurde mit sechs Nennungen häufiger angegeben (s. Tab. 2), ebenso Pantoprazol als einziges mit sechs Nennungen unter anderen Arzneimitteln (nicht gezeigt). Bislang konnte jedoch kein einheitliches Überschneidungsmuster oder ein einzelnes Produkt von einem spezifischen Hersteller oder einer Gesundheitseinrichtung als Ausbruchsquelle identifiziert werden.

Tab. 1 | Charakteristika der bestätigten Fälle mit *E. hormaechei* ST1344 und *bla_{NDM-5}* in Deutschland, März 2025 – Januar 2026 (n = 20)

Charakteristika	Anzahl	Anteil
Geschlecht		
Weiblich	10	50 %
Männlich	10	50 %
Infektionsstatus		
Infiziert	14	70 %
Kolonisiert	6	30 %
Bekannte Aufenthalte in Gesundheitseinrichtungen innerhalb von 12 Monaten vor frühester Probenentnahme		
NUR ambulante Aufenthalte bekannt	3	15 %
NUR stationäre Aufenthalte bekannt	6	30 %
Ambulante UND stationäre Aufenthalte bekannt	8	40 %
Keine Informationen vorhanden	3	15 %
Probenmaterial		
Blut/Liquor	2	10 %
Urin	7	35 %
Wunde	4	20 %
Screening/Stuhl	6	30 %
Gallensekret	1	5 %

Fall-Identifikationsnummer



● Früheste positive Probenentnahme

Einrichtung (pseudonymisiert)

A G M S
 B H N T
 C I O U
 D J P Ambulant (verschiedene)
 E K Q Einrichtung unbekannt
 F L R

Detailtiefe Expositionserhebung

▲ vollständig erhoben
 ▲ teilweise erhoben
 ▲ nur Routedaten

Abb. 2 | Zeitstrahl pro bestätigtem Fall mit *E. hormaechei* ST1344 und *bla*_{NDM-5} in Deutschland mit frühester positiver Probenentnahme im Vergleich zu dokumentierten Krankenhausaufenthalten und ambulanten Besuchen, März 2024 – Juli 2026.

Tab. 2 | Zusammenfassung der Expositionen der bestätigten *E. hormaechei*-Fälle gegenüber Antibiotika, Ultraschallgelen sowie alkoholischen (alk.) und nicht-alkoholischen Desinfektionsmitteln, die für mindestens zwei Fälle dokumentiert sind.

Produktexposition	Expositionserhebung			
	Teilweise & vollständig (N = 12)		Nur vollständig (N = 5)	
	n	%	n	%
Grobe Kategorien				
Antibiotikum (allgemein)	12	100 %	5	100 %
Gel (allgemein)	11	92 %	4	80 %
Antibiotikum (gruppiert)				
Amoxicillin (-Clavulansäure)	4	33 %	4	80 %
Amoxicillin/Ampicillin	9	75 %	5	100 %
Antibiotikum (aufgeschlüsselt)				
Cefpodoxim	2	17 %	1	20 %
Ampicillin/Sulbactam	6	50 %	2	40 %
Piperacillin/Tazobactam	3	25 %	1	20 %
Amoxicillin	2	17 %	2	40 %
Amoxicillin-Clavulansäure	3	25 %	3	60 %
Co-Trimoxazol	2	17 %	0	0 %
Gel (aufgeschlüsselt)				
Ultraschallgel 1	3	25 %	2	40 %
Ultraschallgel 2	3	25 %	3	60 %
Desinfektionsmittel				
Desinfektionsmittel 1 (alk.)	3	25 %	3	60 %
Desinfektionsmittel 2	6	50 %	5	100 %
Desinfektionsmittel 3 (alk.)	3	25 %	2	40 %
Desinfektionsmittel 4 (alk.)	2	17 %	2	40 %
Desinfektionsmittel 5 (alk.)	2	17 %	2	40 %
Desinfektionstücher	2	17 %	2	40 %

Diskussion

Mit 20 nachgewiesenen Fällen in sechs Bundesländern entfällt der Hauptanteil des länderübergreifenden Ausbruchs mit NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 auf Deutschland.

Auf internationaler Ebene zeigte die genomische Vergleichsanalyse mittels cgMLST ein Ausbruchscluster, das in der EU/EWR-Region insgesamt 59 Isolate in sieben Ländern umfasste, darunter Deutschland (20 Fälle), die Niederlande (16 Fälle), Dänemark (15 Fälle), Irland (3 Fälle), Österreich (3 Fälle), Luxemburg (1 Fall) und Norwegen (1 Fall). Ergänzende Recherchen in öffentlichen Genomdatenbanken ergaben vier weitere menschliche Isolate aus Nicht-EU/EWR-Ländern, von denen drei aus den USA und eines aus dem Vereinigten Königreich stammten und dem Ausbruchscluster zugeordnet werden konnten. Somit stieg die globale Gesamtzahl der bestätigten Fälle bei Menschen im

Cluster auf 63 an. Zudem wurden drei Isolate aus Abwasser aus den USA identifiziert, die im September 2025 isoliert wurden und ebenfalls genetisch Teil des Ausbruchsclusters sind. Die 63 Ausbruchs- isolate zeichneten sich durch eine hohe genetische Homogenität mit lediglich 0 bis 4 Alleldifferenzen in der cgMLST aus. Zu anderen in öffentlichen Datenbanken enthaltenen Genomen aus China, den USA und einem Verdachtsfall in Schweden konnten deutliche genetische Unterschiede festgestellt werden. Eine Beschreibung des internationalen Ausbruchsgeschehens wurde im Rahmen einer *Rapid Communication* veröffentlicht.⁹

Ebenfalls konnte in den übrigen vom Ausbruch betroffenen Ländern ein analoges Bild aus gemischten stationären und ambulanten Aufenthalten der Fälle beobachtet werden. Mit Ausnahme einer lokalen nosokomialen Häufung in Dänemark, die neun Fälle in zwei Krankenhäusern im Süden des Landes

umfasste, zeigten sich auch länderübergreifend keine weiteren parallelen Aufenthalte im selben Krankenhaus oder auf derselben Station.⁹

Der internationale Ausbruch von NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* ST1344 unterscheidet sich durch seine geografische Verbreitung und das Fehlen übereinstimmender Expositionsmerkmale zwischen den Fällen von anderen klassischen nosokomialen Ausbrüchen. Diese Bedingungen erschweren die Identifikation der Infektionsquelle. Die geringe genetische Distanz von maximal vier Alledifferenzen sowie das fast zeitgleiche Auftreten von geografisch sporadischen Fällen innerhalb mehrerer Länder stützen die Annahme einer anhaltenden, unbelebten Übertragungsquelle als Ursache. Dabei wäre eine Prozesskontamination bei einem Hersteller eines international vertriebenen Produktes plausibel, die verschiedene Produkte oder mehrere Chargen betrifft.

Die hohe Frequenz von Expositionen gegenüber medizinischen Gelen, (nicht-)alkoholischen Desinfektionsmitteln und Pantoprazol ist mutmaßlich auf deren breite Anwendung in der Routineversorgung zurückzuführen. Die Mehrfachnennungen repräsentieren daher nicht zwangsläufig das eigentliche Vehikel der Transmission. Auch im Abgleich mit Fällen aus anderen Ländern zeigen sich diese Arzneimittel und Medizinprodukte häufig, allerdings ebenfalls ohne ein eindeutiges Signal für ein einzelnes Produkt oder einen spezifischen Hersteller.

Eine ergänzende Kontrollbefragung wurde in Deutschland nicht durchgeführt. Ausschlaggebend hierfür war zum einen, dass eine Fall-Kontroll-Studie für die Fälle in Dänemark zu den bislang auffälligen Arzneimitteln/Medizinprodukten keine eindeutigen Risikofaktoren identifizieren konnte. Zum anderen lässt sich aus den bisher vorliegenden Informationen keine hinreichend spezifische Hypothese bezüglich einer Infektionsquelle ableiten, die mittels eines solchen Studiendesigns sinnvoll überprüft werden könnte.

Die epidemiologische Ausbruchsuntersuchung ist durch spezifische methodische und logistische Hürden geprägt:

- 1) Das Erscheinungsbild des Ausbruchs ist sowohl demografisch als auch klinisch und geografisch hochgradig divers. Das Auftreten von Fällen im ambulanten Bereich ohne vorherige Krankenhausaufenthalte legt nahe, dass die Exposition nicht allein auf typische medizinische Maßnahmen im stationären Setting beschränkt ist. Außerdem muss von einem Erfassungsbias ausgegangen werden: Da das Screening auf Carba-penemase-produzierende Enterobacterales (CPE) primär im stationären Kontext risikobasiert durchgeführt wird und mikrobiologische Routine-laboratorien Speziesbestimmungen häufig nur bis zum Niveau des *Enterobacter-cloacae*-Komplexes vornehmen, ist von einer Untererfassung und einer Fallselektion auszugehen. Besonders Fälle und Expositionen außerhalb des stationären Sektors werden vermutlich untererfasst.
- 2) Darüber hinaus erweist sich die präzise zeitliche und räumliche Rekonstruktion sektorenübergreifender Expositionen als äußerst aufwendig, da Daten nur lokal, wenig standardisiert und nur zum Teil digitalisiert vorliegen.
- 3) Da klassische nosokomiale Übertragungswege, Arzneimittel oder Medizinprodukte bisher keine eindeutige Quelle offenbarten, wäre eine Erweiterung der Befragungen auf Alltagsprodukte (wie Pflege- und Drogerieartikel oder Lebensmittel) ein zusätzlich denkbarer Schritt in der Untersuchung. Aufgrund des immensen Ermittlungsaufwands sowie der stark eingeschränkten Erinnerungsgenauigkeit der Betroffenen bei rückwirkenden Befragungen (*Recall Bias*) wird von einer solchen Ausweitung jedoch bislang abgesehen.

Da auf lokaler Ebene sporadisch erscheinende Einzelfälle auftraten, war das überregionale Infektionsgeschehen innerhalb einzelner Arztpraxen, Kliniken und Gesundheitsämter nicht als Ausbruch identifizierbar. Die Aufdeckung des Clusters gelang erst durch die flächendeckende Routine-Sequenzierung von CPE-Isolaten in den Niederlanden. Im Rahmen der Integrierten Genomischen Surveillance (IGS) in Deutschland werden molekularbiologische Isolatinformationen, Erregersequenzdaten und epidemiologische Daten aus IfSG-Meldefällen für priorisierte Erreger routinemäßig zusammengeführt. Zuletzt musste der Fokus wegen steigender CPE-Fallzahlen, aber verringerter Finanzierung, auf *Klebsiella*

pneumoniae und *Escherichia coli* verengt werden, so dass für *E. hormaechei* und andere mögliche Erreger solcher Ausbrüche eine Routine-IGS bislang nicht implementiert werden kann. Eine frühzeitige Erkennung räumlich verteilter Ausbrüche von allen CPE in Deutschland ist ohne eine breiter aufgestellte IGS kaum möglich. Dafür wären ausreichende personelle Ressourcen für die mikrobiologische Probenverarbeitung sowie für die epidemiologische und genomische Ausbruchsuntersuchung essenziell.

Der zeitnahe internationale Datenaustausch über Systeme wie EpiPulse sowie die gute Zusammenarbeit zwischen verschiedenen Ebenen des öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) hat die Ermittlung wichtiger Informationen aus verschiedenen Quellen beschleunigt. Daher gilt es, diese Vernetzungen weiterhin zu stärken.

Da international weiterhin neue Fälle erfasst werden, ist ein Fortbestehen einer persistenten Infektionsquelle möglich. Dies erfordert eine anhaltende Wachsamkeit im klinischen und mikrobiologischen Bereich. Zur schnellen Identifizierung möglicher weiterer Ausbruchsfälle werden am NRZ eingehende Isolate, die möglichen Fällen entsprechen, weiterhin gezielt auf das Vorliegen einer NDM-5 geprüft und bei relevantem Befund sequenziert. Für die Praxis des ÖGD, klinischer Labore, Ärztinnen und Ärzten und der Krankenhaushygiene wird empfohlen, bei möglichen Fällen eine zeitnahe Carbapenemase-Spezifikation und bei wahrscheinlichen Fällen eine Ausbruchsabklärung mittels Ganzgenomsequenzierung zu ermöglichen, insbesondere durch zeitnahe Einsendung an das NRZ. Bei bestätigter Clusterzugehörigkeit sollte frühzeitig eine strukturierte Expositionserhebung erfolgen, um mögliche Infektionsquellen rasch einzugrenzen und gezielte Schutzmaßnahmen zu veranlassen.

Seit den hier beschriebenen Auswertungen und dem Datenstand 1.8.2026 wurde für drei weitere in Deutschland bekannt gewordene Verdachtsfälle die Abklärung der Ausbruchszugehörigkeit mittels cgMLST initiiert. Für einen der Verdachtsfälle wurde die Isolatsequenzierung abgeschlossen und die Ausbruchszugehörigkeit bestätigt. Vorläufige Daten sprechen somit für einen weiteren, 21. bestätigten Fall (Nachweisdatum im Juli 2026 im Urin einer

Patientin aus Hessen). Die Ermittlung weiterer Falldaten zur Verifizierung und der Expositionsinformationen wurde begonnen. Neu bestätigte Fälle unterstreichen, dass das Fortbestehen der Übertragungsquelle nicht ausgeschlossen werden kann und weitere Aufmerksamkeit für die Suche nach Fällen und der Quelle wichtig ist.

Schlussfolgerung

Von März 2025 bis mindestens Mai 2026 wurde ein multinationaler Ausbruch von NDM-5-produzierenden *E. hormaechei* mit 63 bestätigten Fällen in neun Ländern registriert (davon 20 Fälle in Deutschland). Im Juli 2026 erfolgte ein Nachweis bei einem weiteren Fall, womit international 64 Fälle bestätigt sind, davon 21 in Deutschland. Die epidemiologische Verteilung nach Person, Ort und Zeit weist stark auf eine produktassoziierte Übertragung hin, deren konkrete Quelle trotz arbeitsintensiver, enger Zusammenarbeit mit dem ÖGD, Kliniken, Praxen sowie Patientinnen und Patienten bislang nicht identifiziert werden konnte.

Um ähnliche Ausbrüche künftig frühzeitig aufzudecken, ist die Ausweitung der IGS in Deutschland essenziell. Eine fortschreitende Digitalisierung medizinischer Behandlungsdokumentationen würde die Ausbruchsauflklärung stark beschleunigen. Bei entsprechenden Transmissionsmustern sollte die Suche nach der möglichen Infektionsquelle frühzeitig auch Expositionen jenseits klassischer nosokomialer Mensch-zu-Mensch-Übertragung, Arzneimittel oder Medizinprodukte einbeziehen. Die rasche genomische Bestätigung der Clusterzugehörigkeit und die Minimierung der Zeitverzögerung bei der Expositionserhebung bieten bei neu auftretenden Fällen die beste Chance, die Infektionsquelle zu identifizieren und zu eliminieren.

Literatur

- 1 Townsend SM, Hurrell E, Caubilla-Barron J, *et al.*: Characterization of an extended-spectrum beta-lactamase *Enterobacter hormaechei* nosocomial outbreak, and other *Enterobacter hormaechei* misidentified as *Cronobacter* (*Enterobacter*) *sakazakii*. *Microbiology* (Reading) 2008;154;Pt 12:3659–3667. DOI 10.1099/mic.0.2008/021980-0
- 2 Davin-Regli A, Lavigne JP, Pagès JM: *Enterobacter* spp.: Update on Taxonomy, Clinical Aspects, and Emerging Antimicrobial Resistance. *Clin Microbiol Rev* 2019;32;4. DOI 10.1128/cmr.00002-19
- 3 Tzouveleakis LS, Markogiannakis A, Psychogiou M, *et al.*: Carbapenemases in *Klebsiella pneumoniae* and other *Enterobacteriaceae*: an evolving crisis of global dimensions. *Clin Microbiol Rev* 2012;25;4:682–707. DOI 10.1128/cmr.05035-11
- 4 Nordmann P, Poirel L: Epidemiology and Diagnostics of Carbapenem Resistance in Gram-negative Bacteria. *Clin Infect Dis* 2019;69;Suppl 7:S521–s528. DOI 10.1093/cid/ciz824
- 5 Agergaard CN, Porsbo LJ, Sydenham TV, *et al.*: Contaminated dicloxacillin capsules as the source of an NDM-5/OXA-48-producing *Enterobacter hormaechei* ST79 outbreak, Denmark and Iceland, 2022 and 2023. *Euro Surveill* 2023;28;9. DOI 10.2807/1560-7917.Es.2023.28.9.2300108
- 6 Hutchinson J, Runge W, Mulvey M, *et al.*: Burkholderia cepacia infections associated with intrinsically contaminated ultrasound gel: the role of microbial degradation of parabens. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2004;25;4:291–6. DOI 10.1086/502394
- 7 Yu WL, Cheng HS, Lin HC, *et al.*: Outbreak investigation of nosocomial enterobacter cloacae bacteraemia in a neonatal intensive care unit. *Scand J Infect Dis* 2000;32;3:293–8. DOI 10.1080/00365540050165947
- 8 Robert Koch-Institut. Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS). <https://amr.rki.de/Content/ARS/Methods.aspx> [Abrufdatum: 24.08.2026]
- 9 Roer L, Sandfort M, Haller S, *et al.*: Ongoing multi-country outbreak of carbapenem-resistant *Enterobacter hormaechei* ST1344 carrying bla (NDM-5) in the European Union/European Economic Area, March 2025 to April 2026. *Euro Surveill* 2026;31;25. DOI 10.2807/1560-7917.Es.2026.31.25.2600460
- 10 Germany: Ridom. *Enterobacter hormaechei* cgMLST. <https://www.cgmlst.org/ncs/schema/Ehormaechei/>
- 11 Robert Koch-Institut. Integrierte genomische Surveillance (IGS). <https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Sentinel-Surveillance-Panel/IGS/IGS.html#doc16818260bodyText1> [Abrufdatum: 07.08.2026]

Autorinnen und Autoren

^{a,b,c} Amelie Friedsam | ^a PhD Mirco Sandfort |

^a Dr. Hannes Öhler | ^a Dr. Tim Eckmanns |

^d Dr. Silver A. Wolf | ^d Dr. Stephan Fuchs |

^e PhD Sarah A. Roth | ^f Dr. Lisa-Marie Höfken |

^f Dr. Soheila Javadi | ^f Prof. Dr. Sören G. Gatermann |

^f Dr. Niels Pfennigwerth | ^a Dr. Sebastian Haller

^a Abteilung für Infektionsepidemiologie, Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^b Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE), Abteilung für Infektions-epidemiologie, Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^c ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology path (EPIET), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), Stockholm, Schweden

^d Genom-Kompetenzzentrum (MF 1), Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^e Niedersächsisches Landesgesundheitsamt (NLGA), Hannover, Deutschland

^f Nationales Referenzzentrum (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger, Abteilung für Medizinische Mikrobiologie, Ruhr-Universität Bochum, Bochum, Deutschland

Korrespondenz: nosokomiale-ausbrueche@rki.de

Interessenkonflikt

Amelie Friedsam ist Fellow der deutschen Postgraduiertenausbildung in angewandter Epidemiologie (PAE), die mit dem ECDC-Fellowship-Programm verbunden ist. Die hier geäußerten Ansichten und Meinungen geben nicht die des ECDC wieder. Das ECDC ist nicht für die Zusammenstellung und Analyse von Daten und Informationen verantwortlich und kann nicht für Schlussfolgerungen oder Meinungen haftbar gemacht werden.

Prof. Dr. Sören G. Gatermann erhielt Vortrags-honorare von der Firma BioMérieux, er ist Vorsitzender des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) und dem zugehörigen nationalen Antibiotika-Sensitivitätstest-Komitee (NAK) in Deutschland.

Alle anderen Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Vorgeschlagene Zitierweise

Friedsam A, Sandfort M, Öhler H, Eckmanns T, Wolf SA, Fuchs S, Roth SA, Höfken LM, Javadi S, Gattermann SG, Pfennigwerth N, Haller S: Internationaler Ausbruch von *Enterobacter-hormaechei*-Infektionen mit NDM-5-Carbapenemase seit März 2025 – Epidemiologische Charakterisierung der Fälle in Deutschland und Herausforderungen bei der Erkennung und Untersuchung überregionaler Ausbrüche
Epid Bull 2026;36:4-13 | DOI 10.25646/14389

Danksagung

Wir danken den involvierten Landesgesundheitsbehörden und Gesundheitsämtern, Laboren, Gesundheitseinrichtungen, Apotheken und Fällen für ihre Unterstützung in der Ausbruchsuntersuchung.

Open access



Creative Commons Namensnennung.
4.0 International

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

35. Woche 2026 (Datenstand: 2. September 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
	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.
Baden-Württemberg	52	3.142	2.741	22	728	751	19	367	262	30	3.493	4.889	12	1.345	1.824
Bayern	126	5.237	4.482	50	1.091	1.146	22	446	376	44	6.023	7.440	33	2.447	3.486
Berlin	34	1.662	1.480	14	291	236	4	170	183	21	3.433	2.416	2	1.337	1.490
Brandenburg	52	1.360	1.161	9	199	190	3	111	117	24	3.418	2.743	9	1.810	2.204
Bremen	6	301	259	2	33	29	3	37	39	1	483	391	4	294	150
Hamburg	15	849	843	6	104	123	2	118	113	5	1.768	1.359	1	564	745
Hessen	61	2.553	2.256	19	476	534	11	372	355	21	3.197	4.021	10	1.465	1.785
Mecklenburg-Vorpommern	38	1.243	896	9	145	139	5	124	156	13	1.923	1.791	3	869	1.311
Niedersachsen	86	3.269	2.731	13	537	524	25	608	580	28	4.252	5.266	16	1.832	3.711
Nordrhein-Westfalen	233	9.253	7.886	58	1.226	1.234	44	843	871	97	8.823	13.516	41	3.511	5.584
Rheinland-Pfalz	41	2.060	2.021	15	394	383	11	232	186	23	2.223	3.591	4	819	1.873
Saarland	9	559	587	5	65	83	3	80	60	2	538	877	2	132	764
Sachsen	114	2.844	2.458	15	363	409	6	227	203	72	4.734	5.532	14	2.969	2.610
Sachsen-Anhalt	49	1.272	1.014	9	244	238	3	126	107	44	2.688	2.997	9	915	2.046
Schleswig-Holstein	44	1.380	1.033	2	150	149	11	217	180	12	2.366	1.731	2	800	765
Thüringen	61	1.479	1.064	16	451	401	4	158	135	22	2.498	2.848	10	1.235	1.797
Deutschland	1.021	38.463	32.912	264	6.497	6.569	176	4.236	3.923	459	51.860	61.408	172	22.344	32.145

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.
Baden-Württemberg	1	68	80	19	1.257	1.421	13	625	771	3	311	378	18	21.402	33.296
Bayern	4	82	113	22	1.685	2.272	16	849	1.036	4	359	388	40	31.371	71.857
Berlin	1	27	38	14	556	940	17	332	357	2	209	211	10	7.937	15.419
Brandenburg	2	23	25	2	141	199	2	74	113	1	79	68	4	11.245	18.145
Bremen	1	5	8	4	144	206	4	45	69	1	47	51	0	994	1.191
Hamburg	1	10	23	7	391	827	6	150	178	5	105	149	14	4.592	9.931
Hessen	5	48	64	16	605	862	9	392	392	3	277	310	9	10.924	20.825
Mecklenburg-Vorpommern	0	18	13	2	97	94	2	54	63	1	45	35	4	11.748	13.281
Niedersachsen	1	67	80	19	924	1.243	13	420	490	4	221	197	9	14.851	28.495
Nordrhein-Westfalen	0	122	130	55	2.082	2.950	32	1.021	1.334	10	569	611	46	34.300	64.047
Rheinland-Pfalz	1	20	36	14	523	710	9	235	257	1	126	164	10	9.199	16.831
Saarland	1	10	11	8	115	162	5	93	106	0	22	34	3	1.894	3.211
Sachsen	0	23	34	5	237	262	5	159	155	1	77	109	15	21.838	43.148
Sachsen-Anhalt	0	11	10	6	166	259	4	80	85	3	59	57	3	11.334	26.013
Schleswig-Holstein	2	20	18	7	218	367	7	160	218	2	65	62	4	6.720	10.640
Thüringen	1	19	20	0	104	131	0	54	89	3	65	55	2	10.832	17.788
Deutschland	21	573	703	200	9.245	12.905	144	4.743	5.713	44	2.636	2.879	191	211.181	394.118

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.
Baden-Württemberg	0	9	18	4	20	14	0	0	0	8	1.087	593	14	2.056	2.336
Bayern	0	6	40	0	17	47	0	1	0	60	3.388	914	15	3.347	4.242
Berlin	0	2	12	0	9	12	0	0	0	9	186	147	13	667	765
Brandenburg	0	1	4	0	2	10	0	0	0	11	207	247	6	360	489
Bremen	0	0	1	1	1	2	0	0	0	1	10	19	3	93	107
Hamburg	0	2	3	0	6	4	0	0	0	8	203	115	4	313	521
Hessen	0	13	19	0	14	18	0	1	1	29	446	303	15	646	639
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	0	0	0	0	0	12	254	136	0	118	172
Niedersachsen	0	13	16	0	14	25	0	1	0	4	251	306	24	1.025	949
Nordrhein-Westfalen	1	14	42	2	39	75	0	0	1	17	1.028	719	48	2.908	2.712
Rheinland-Pfalz	0	6	10	0	8	12	0	0	0	3	503	267	11	469	581
Saarland	0	0	1	0	2	1	0	0	0	2	54	117	8	135	92
Sachsen	0	0	11	0	7	14	0	0	0	38	969	529	16	1.173	1.414
Sachsen-Anhalt	0	0	3	0	3	2	0	0	0	13	458	517	6	122	145
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	7	7	0	0	0	8	111	105	8	457	390
Thüringen	0	0	1	0	3	3	0	0	0	6	440	441	6	388	279
Deutschland	1	66	182	7	152	246	0	3	2	229	9.595	5.475	197	14.277	15.833

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		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.	35.	1.–35.	1.–35.
Baden-Württemberg	3	74	63	38	860	852	2	72	69	1	78	72	7	2.944	4.038
Bayern	2	80	71	21	669	819	5	162	186	1	83	92	25	5.023	6.812
Berlin	0	53	49	16	408	518	0	23	32	1	48	42	9	1.430	2.552
Brandenburg	0	12	8	6	198	132	2	69	73	0	17	23	9	1.738	1.710
Bremen	0	1	3	4	35	21	1	8	13	0	6	13	0	127	241
Hamburg	0	16	16	5	260	301	1	26	31	0	30	38	6	525	1.317
Hessen	1	38	49	13	766	829	2	87	70	2	64	73	9	1.847	3.154
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	8	0	99	84	1	33	36	1	13	16	2	1.127	1.314
Niedersachsen	1	39	27	18	571	541	9	107	123	2	81	86	9	2.028	3.026
Nordrhein-Westfalen	3	133	130	41	1.401	1.731	3	308	462	5	226	207	20	4.940	8.811
Rheinland-Pfalz	0	25	13	12	241	332	1	53	73	0	25	28	6	1.554	2.133
Saarland	0	5	7	2	35	46	1	8	19	0	15	6	2	502	649
Sachsen	2	24	10	8	224	224	3	178	236	0	43	45	16	2.705	3.477
Sachsen-Anhalt	1	24	7	4	158	131	1	80	54	0	32	31	9	1.298	1.817
Schleswig-Holstein	1	31	23	5	175	168	1	43	36	1	17	16	4	1.261	1.757
Thüringen	0	5	14	2	111	124	1	37	34	0	33	24	3	1.245	1.087
Deutschland	14	560	498	195	6.211	6.853	34	1.294	1.547	14	811	812	136	30.294	43.895

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	2026		2025
	35.	1.–35.	1.–35.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	149	248
Bornavirus-Erkrankung	0	7	3
Botulismus	0	4	5
Brucellose	0	26	40
<i>Candidozyma auris</i> , invasive Infektion*	0	14	9
Chikungunyavirus-Erkrankung	2	200	116
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	85	113
Denguefieber	4	452	650
Diphtherie	1	32	34
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	3	487	563
Giardiasis	33	1.658	1.984
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	12	916	1.140
Hantavirus-Erkrankung	6	198	206
Hepatitis D	1	51	54
Hepatitis E	96	3.938	3.723
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	3	64	73
Kryptosporidiose	66	1.514	1.660
Legionellose	42	1.277	1.460
Lepra	0	1	2
Leptospirose	3	119	123
Listeriose	11	412	437
Malaria	35	675	605
Meningokokken, invasive Infektion	0	161	233
Mpox	15	385	392
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	0	75	69
Ornithose	0	16	16
Paratyphus	1	19	19
Pneumokokken, invasive Infektion	56	6.777	7.925
Q-Fieber	0	54	66
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	8	66.873	65.329
Shigellose	78	2.075	1.739
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	7	133	123
Typhus abdominalis	4	39	53
West-Nil-Fieber**	1	8	8
Yersiniose	55	2.900	2.641
Zikavirus-Erkrankung	1	11	13

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).

* nur invasive *Candidozyma-auris*-Infektionen. Seit Juli 2026 sind Infektionen und Kolonisationen gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 6a IfSG meldepflichtig.

Derzeit werden Falldefinition und Software aktualisiert. Es sind noch keine Daten zu Kolonisationen enthalten.

** reiseassoziierte und autochthone WNV-Fälle

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

Berichtsmonat: Juni 2026 (Datenstand: 1. September 2026)

	Syphilis*			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	Juni	Januar – Juni		Juni	Januar – Juni		Juni	Januar – Juni		Juni	Januar – Juni	
Baden-Württemberg	–	–	–	27	152	211	0	9	24	0	0	0
Bayern	–	–	–	32	257	268	1	13	19	0	0	0
Berlin	–	–	–	25	117	133	2	9	5	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	7	36	36	1	2	1	0	0	1
Bremen	–	–	–	4	18	32	0	0	2	0	0	0
Hamburg	–	–	–	11	69	105	1	1	2	0	0	0
Hessen	–	–	–	10	89	92	1	4	14	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	2	33	31	0	0	1	0	0	0
Niedersachsen	–	–	–	19	114	151	0	1	4	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	26	225	256	2	16	12	0	0	0
Rheinland-Pfalz	–	–	–	2	35	38	2	5	7	0	0	0
Saarland	–	–	–	0	10	14	0	2	2	0	0	0
Sachsen	–	–	–	14	64	79	0	1	3	0	0	1
Sachsen-Anhalt	–	–	–	6	22	33	0	0	1	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	6	43	46	1	1	3	0	0	0
Thüringen	–	–	–	2	14	24	0	2	1	0	0	0
Deutschland	–	–	–	193	1.298	1.549	11	66	101	0	0	2

(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 durch ein interaktives Dashboard ergänzt.
Für die Darstellung von Inzidenz, Fallzahlen und des zeitlichen Verlaufs werden Fallzahlen ab 2021 berücksichtigt.