

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

41
2026

8. Oktober 2026

Epidemiologisches Bulletin

**30-jähriges Jubiläum: NRZ und KL stellen
sich vor (Teil 5)**

Inhalt

30-jähriges Jubiläum: Die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore stellen sich vor (Teil 5)

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 fünften Teil der Vorstellungsserie werden NRZ und KL mit Schwerpunkt auf Atemwegserkrankungen vorgestellt.

30th Anniversary: The National Reference Centres and Consultant Laboratories Introduce Themselves (Part 5)

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 fifth part of the introduction series, NRC and CL are presented, with a focus on respiratory diseases.

(Article in German)

Nationales Referenzzentrum für Streptokokken	4
Konsiliarlabor für Legionellen	6
Konsiliarlabor für Mukoviszidose-Bakteriologie	8
Konsiliarlabor für Mykoplasmen	10
Nationales Referenzzentrum für Mykobakterien	12
Konsiliarlabor für Respiratorische Synzytial-Viren (RSV), Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV)	15
Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 40. Woche 2026	17
Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Juli 2026	20

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.

Nationales Referenzzentrum für Streptokokken

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Streptokokken](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. Irene Burckhardt
- ▶ **Institut**
Universität Heidelberg, Zentrum für Infektiologie, Mikrobiologie und Hygiene
- ▶ **Adresse**
Im Neuenheimer Feld 324, 69120 Heidelberg
- ▶ **E-Mail**
NRZ-Leitung@med.uni-heidelberg.de
- ▶ **Telefon**
+49 6221 56-37795

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Streptokokken ist Teil der Abteilung für Mikrobiologie und Hygiene am Zentrum für Infektiologie der Universität Heidelberg. Im Rahmen der Aufgaben des NRZ liegt ein Schwerpunkt auf der Etablierung und Validierung von publizierten Methoden sowie der Entwicklung von neuen diagnostischen Verfahren bis hin zum Roll-out an andere Labore. Ziel ist neben der Verbesserung von diagnostischen Methoden die Automatisierung der Erhebung von epidemiologischen Parametern, um die medizinische Versorgung zu verbessern und die Datengrundlage für gesundheitspolitische Entscheidungen zu verbreitern.

Wir wünschen uns die Zusendung aller Streptokokken-Stämme, die im Rahmen meldepflichtiger Erkrankungen isoliert wurden. Gerne bearbeiten wir auch alle anderen Streptokokken-Stämme, die uns eingesandt werden. Dies gilt insbesondere bei V.a. das Vorliegen eines Ausbruchs.

Das Spektrum der möglichen Untersuchungen umfasst neben der Speziesidentifizierung auch die Kapseltypisierung sowie Resistenztestungen. Die Ergebnisse werden regelmäßig statistisch und epi-

demiologisch aufgearbeitet und den Gesundheitsbehörden sowie der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt.

Gegenwärtig stehen u. a. folgende Technologien zur Verfügung: MALDI-TOF-Spektroskopie (MALDI-TOF: *Matrix-assisted laser desorption ionization time of flight*), FTIR-Spektrometrie (FTIR: Fourier-Transformation-Infrarot), PCR, Sequenzierung inkl. WGS (WGS: *whole genome sequencing*) sowie das MHK-Verfahren für die Resistenztestung (MHK: Minimale Hemmkonzentration). Welches exakte Verfahren z. B. zur Speziesidentifikation angewendet wird, hängt von der eingesandten Spezies ab.

Gerne beraten wir auch zu klinisch-therapeutischen Fragestellungen. Wissenschaftlichem Austausch sowie Kooperationen stehen wir offen gegenüber, auch Schulungen sind in begrenztem Maße möglich.

Einsendungen können nach einmaliger Registrierung des einsendenden Labors (Beantragung eines Logins) auf der Webseite erfasst werden. Der so generierte Einsendeschein ermöglicht uns das fehlerfreie Einlesen der Daten im NRZ-Labor. Der Einsender erhält beim Vorliegen von neuen Ergebnissen/Befunden eine Benachrichtigung per E-Mail und kann den Befund auf dem Befundportal abrufen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Burckhardt I, Burckhardt F. Epidemiology of *Streptococcus pyogenes* Disease before, during, and after COVID-19 Pandemic, Germany, 2005-2023. Emerging infectious diseases. 2024;30(11):2435-8.
- ▶ Burckhardt I, Sebastian K, Mauder N, Kostrzewa M, Burckhardt F, Zimmermann S. Analysis of *Streptococcus pneumoniae* using Fourier-transformed infrared spectroscopy allows prediction of capsular serotype. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2019.
- ▶ Hipp M, Burckhardt I. In vitro activity of newer antimicrobials against penicillin non-susceptible strains of *Streptococcus pneumoniae*. Infection and drug resistance. 2019;12:1889-93.

Konsiliarlabor für Legionellen

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Legionellen](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Markus Petzold
- ▶ **Institut**
Universitätsklinikum Carl Gustav Carus,
Institut für Medizinische Mikrobiologie
und Virologie
- ▶ **Adresse**
Fetscherstraße 74, 01307 Dresden
- ▶ **E-Mail**
legionella.labor@ukdd.de
Markus.petzold@ukdd.de
- ▶ **Telefon**
+49 351 458-16554 (Labor)/-14339 (Petzold)

Legionellen traten 1976 durch einen folgenschweren Ausbruch von Lungenentzündungen in Philadelphia erstmals in das Bewusstsein der medizinischen Welt. Heute, ein halbes Jahrhundert nach dieser Erstbeschreibung, stellen *Legionella pneumophila* und verwandte Spezies die öffentliche Gesundheit weiterhin vor große Herausforderungen. In warmen, künstlichen Wassersystemen vermehren sie sich stark und werden über Aerosole übertragen. Diese legionellenhaltigen Aerosole können eingeatmet werden, wodurch es zu schweren Lungenentzündungen kommen kann. In Deutschland steigen die Fallzahlen kontinuierlich, mit zuletzt über 2.200 gemeldeten Legionellosen im Jahr 2024 – wegen oder auch trotz eines steigenden Bewusstseins für diese Bakterien, sowohl im Bereich der technischen Hygiene als auch in der Diagnostik.

Das Konsiliarlabor (KL) für Legionellen am Universitätsklinikum Carl Gustav Carus Dresden bildet eine zentrale Säule zwischen Öffentlichem Gesundheitsdienst (ÖGD), Kliniken und niedergelassenen (Umwelt-)Laboren. Hierbei ist die Aufklärung von Infektionsquellen wie bspw. die häuslichen Wasser-

installationen, Rückkühlwerke oder Whirlpools essenziell, um Folgeinfektionen oder gar Ausbrüche zu vermeiden. Gemeinsam mit dem Fachgebiet 36 am Robert Koch-Institut (RKI) wurde ein Leitfaden für den ÖGD erarbeitet, um ein einheitliches Vorgehen bei Legionellosefällen zu erzielen.

Neben der klassischen Anzucht von Legionellen aus respiratorischem Patientenmaterial auf speziellen Nährböden oder der Detektion von Legionellenantigen im Urin verfügt das KL auch über eine Anzahl molekularbiologischer und biochemischer Nachweis- und Typisierungsverfahren. Die Methoden dienen zum Nachweis von Legionellen im Allgemeinen und werden stetig evaluiert und ggf. erweitert. Ein Großteil der Methoden für Patientenmaterial ist nach DIN EN ISO 15189 akkreditiert, während die Untersuchung von Wasserproben nach DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiert ist.

Nach erfolgreichem Nachweis werden die Legionellen, sofern möglich, weiterführend typisiert. Dies dient der allgemeinen Surveillance (Aufkommen von lokalen Klonen oder virulenten Typen), aber auch zur Ermittlung von Infektionsquellen durch den Abgleich von Umwelt- mit Patientenmaterial.

Liegen Isolate vor, nutzt das KL die Ganzgenomsequenzierung (WGS) und das Core Genome Multilocus Sequence Typing (cgMLST), um Infektionsketten hochauflösend zu rekonstruieren. Eine besondere Herausforderung in der Ausbruchsaufklärung ist jedoch der oft fehlende kulturelle Erregernachweis, etwa durch eine bereits langanhaltende Antibiotikatherapie. Um diese Lücke zu schließen, hat das KL spezielle molekulare und biochemische Methoden zur gezielten Legionellentypisierung etabliert. Diese erlauben eine detaillierte Typisierung direkt aus dem primären Patientenmaterial, ohne dass ein „lebendes Isolat“ vorliegen muss. Diese kulturunabhängige Direkttypisierung ist essenziell, um ansonsten unentdeckte epidemiologische Verbindungen zwischen Patient oder Patientin und potenzieller Umweltquelle aufzudecken.

Das KL ist ebenfalls Teil des Europäischen Referenzlabors Public Health für Legionellen (EURL-PH-LEGI). Diese paneuropäische Synergie zielt unter anderem auf die Harmonisierung diagnostischer Standards und die Koordination bei grenzüberschreitenden Ausbrüchen ab.

Eine Kernaufgabe des Labors ist die Entwicklung neuer Testverfahren, welche die Limitierungen

kommerzieller Methoden minimiert. So nutzen wir eigene Antikörper sowohl für die Detektion von Legionellen in verschiedenen Materialien als auch zur direkten Typisierung. Ebenfalls werden molekularbiologische und/oder biochemische Nachweismethoden zur schnellen Detektion von virulenten Legionellentypen in Patienten- und Umweltproben entwickelt.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Lehfeld, A. S.; Petzold, M.; Brodhun, B.; Haas, W.; Buchholz, U. How valid is the 2- to 10-day incubation period for cases of Legionnaires' disease?: A reappraisal in the context of the German LeTriWa study; Berlin, 2016-2020. Epidemiol. Infect. 2023, 151. DOI: 10.1017/S0950268823000833
- ▶ Buchholz, U.; Lehfeld, A.-S.; Jahn, H. J.; Brodhun, B.; Lewandowsky, M. M.; Reber, F.; Adler, K.; Bochmann, J.; Förster, C.; Koch, M.; ...; Petzold, M.; ... Lück, C. Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit. Epid Bull 2022;27:13-22
- ▶ Buchholz, U.; Dullin, J.; Lück, C.; Petzold, A.; Petzold, M.; Berges, M.; Exner, M.; Jahn, H.; Lachmann, R.; Brodhun, B. Ausbruch ambulant erworbener Legionellose in Bremen 2015 und 2016 – Erfahrungen, Ergebnisse, Entscheidungen. Epid Bull 2019;28:251-257
- ▶ Petzold, M.; Prior, K.; Moran-Gilad, J.; Harmsen, D.; Lück C. Epidemiological information is key when interpreting whole genome sequence data – lessons learned from a large Legionella pneumophila outbreak in Warstein, Germany, 2013. Euro Surv; 2017; 22(45) <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.45.17-00137>
- ▶ Petzold, M.; Ehrlich, R.; Slickers, P.; Pleischl, S.; ..., Lück, C. Rapid genotyping of Legionella pneumophila serogroup 1 strains by a novel DNA microarray-based assay during the outbreak investigation in Warstein, Germany 2013. Int J Hyg Environ Health; online, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2016.02.004>

Konsiliarlabor für Mukoviszidose-Bakteriologie

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Mukoviszidose-Bakteriologie](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. med. Michael Hogardt
PD Dr. Silke Besier (Vertretung)
- ▶ **Institut**
Institut für Medizinische Mikrobiologie
und Krankenhaushygiene
Universitätsmedizin Frankfurt
- ▶ **Adresse**
Paul-Ehrlich-Str. 40, 60596 Frankfurt am Main
- ▶ **E-Mail**
Michael.Hogardt@unimedizin-ffm.de
- ▶ **Telefon**
+49 69 6301-5019/-5945

Die Besonderheit des Konsiliarlaboratoriums (KL) für Mukoviszidose-Bakteriologie liegt darin, dass nicht nur ein, sondern mehrere Erreger im Fokus stehen. Die Mukoviszidose (zystische Fibrose, engl. *cystic fibrosis*, CF) ist die häufigste autosomal-rezessiv vererbte Stoffwechselerkrankung in Deutschland. Als Folge eines genetischen Defekts (im sog. ‚*Cystic Fibrosis Transmembrane Conductance Regulator*‘, CFTR) kommt es in exokrinen Organsystemen (z. B. Gastrointestinaltrakt, Atemwege) zur Produktion eines zähen Sekrets und zu einem nachfolgenden Sekretstau. Die CF ist daher eine Multisystemerkrankung, wobei insbesondere die oberen und unteren Atemwege durch v. a. akute sowie chronische Infektionen, mit einem breiten CF-typischen Erregerspektrum (z. B. *Pseudomonas* (*P.*) *aeruginosa*, *Burkholderia*-(*B.*)*cepacia*-Komplex, *Achromobacter xylosoxidans*, *Stenotrophomonas maltophilia* u. v. a.), betroffen sind.

Die mehrheitlich Gram-negativen CF-Erreger sind typischerweise Umweltbakterien, primär resistent gegen viele gängige Antibiotika und erwerben auf-

grund der bei Menschen mit CF regelmäßig durchgeführten Antibiotikatherapien meist zusätzliche Resistenzen, sodass häufig eine Multi- oder sogar Panresistenz gegenüber (allen) verfügbaren Antibiotika auftritt.

Da es sich bei dem CF-Erregerspektrum um kulturell prinzipiell gut nachweisbare Spezies handelt, ist die kulturelle Diagnostik nach definierten Qualitätskriterien weiter die Methode der Wahl. Aufgrund des komplexen Spektrums aus Bakterien, adaptierten Varianten (z. B. mukoide *Pseudomonaden*) und Pilzen kommen bei CF-Proben (v. a. Sputum, Rachenabstriche) spezielle kulturelle Verfahren (diverse Selektivmedien, verlängerte Bebrütung etc.) zum Einsatz. Das KL untersucht sowohl primäre klinische Proben (z. B. respiratorische Sekrete) als auch Erregerisolate. Nach der Einführung der altersabhängig für bestimmte Mutationen zugelassenen hochaktiven Modulator-Therapie, die die CFTR-Funktion deutlich verbessert, findet sich heute oft die Konstellation, dass zu wenig Sputum produziert wird, was die Sensitivität kultureller Verfahren limitiert.

Für *P. aeruginosa*, dem häufigsten und relevantesten Gram-negativen CF-Erreger, steht ergänzend und zur Verifizierung des Kolonisations-/Infektionsstatus ein serologischer Test zum Nachweis von IgG-Antikörpern gegen extrazellulär sezernierte Proteine zur Verfügung. Darüber hinaus bietet das KL bei vorliegender Multiresistenz eine Spezies-spezifische Testung verfügbarer Reserveantibiotika (u. a. mittels Mikrodilution) an. Obwohl nicht speziell im Leistungsauftrag enthalten, führt das KL diese Testung auch bei Nicht-CF-Erregerisolaten durch.

Zudem bietet das KL die Differenzierung bzw. exakte Speziesidentifizierung innerhalb des *B. cepacia*-Komplexes (durch *recA*-Gensequenzierung bzw. in Einzelfällen durch Genomsequenzierung) an. Auf Anfrage kann in begründeten Fällen auch eine Genomsequenzierung mit der Fragestellung eines Stammvergleichs angeboten werden. Das KL ver-

fügt zudem für spezielle Fragestellungen über ein *P.-aeruginosa*-spezifisches PCR-Verfahren (außerhalb des akkreditierten Bereichs).

Insgesamt berät das KL aufgrund des breiten Erregerspektrums häufig auch bei Nicht-CF-Patienten und -Patientinnen v. a. mit chronischen Lungeninfektionen, da viele Parallelen, z. B. hinsichtlich des Erregerspektrums oder des Auftretens multi-resistenter und somit schwer zu therapierender Infektionen bestehen.

Gram-negative CF-Erreger sind in der Umwelt, insbesondere in Feuchthabitaten, weit verbreitet und daher häufige Kontaminanten. Da diese Erreger

zudem in der Lage sind, Biofilme zu bilden, spielen sie, glücklicherweise sehr selten, auch als Kontaminationen in Herstellungsprozessen eine Rolle. Das KL unterstützt hier in der Bewertung bei Spezies im Kompetenzbereich des KL auch Einrichtungen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes.

Das KL berät somit im Wesentlichen mikrobiologische Labore, Kliniken und die niedergelassene Ärzteschaft in Bezug auf diagnostische Labormethoden, die antimikrobielle Therapie und die Bewertung von Erregernachweisen speziell im Rahmen der Versorgung bei Mukoviszidose und bietet eine weiterführende mikrobiologische Diagnostik an.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Hogardt M, Kahl BC, Besier *et al.*, Mikrobiologisch-infektiologische Qualitätsstandards (MIQ). Qualitätsstandards in der mikrobiologisch-infektiologischen Diagnostik. Im Auftrag der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie (DGHM). Atemwegsinfektionen bei Mukoviszidose. Elsevier Verlag, München. MIQ24/2019: 1-119. ISBN 978-3-437-22675-5.
- ▶ Wetzstein N, Diricks M, Kohl TA, Wichelhaus TA, Andres S, Paulowski L, Schwarz C, Lewin A, Kehrman J, Kahl BC, Dichtl K, Hügel C, Eickmeier O, Smaczny C, Schmidt A, Zimmermann S, Nährlich L, Hafkemeyer S, Niemann S, Maurer FP, Hogardt M. Molecular Epidemiology of *Mycobacterium abscessus* Isolates Recovered from German Cystic Fibrosis Patients. Microbiol Spectr. 2022 Aug 31;10(4):e0171422. doi: 10.1128/spectrum.01714-22. Epub 2022 Aug 8. PMID: 35938728; PMCID: PMC9431180.
- ▶ Guchlerner L, Hogardt M, Ilievski V, Burck I, Kessel J, Leinung M, Stöver T, Diensthuber M. *Pseudomonas aeruginosa* remains the dominant pathogen in osteomyelitis of the temporal bone. Laryngorhinootologie 2025 Sep 16. English, German. doi: 10.1055/a-2681-5314. PMID: 40957592.
- ▶ Sandfort M, von Laer A, Kampmeier S, Eichhorn I, Wolf SA, Driller M, Bajić V, Sedaghatjoo S, Fuchs S, Engelhart S, Mutters NT, Cónsul-Tejero EP, Zündorf J, Eckmanns T, Hogardt M, Haller S. Nosocomial Outbreak of *Ralstonia pickettii* Infections Likely Linked to Saline Solutions in Germany from August 2023 to March 2024-Challenges in Medical Product-Related Outbreaks. Microorganisms. 2025 Sep 9;13(9):2102. doi: 10.3390/microorganisms13092102. PMID: 41011433; PMCID: PMC12472745.
- ▶ Bender JK, Haller S, Pfeifer Y, Hogardt M, Hunfeld KP, Thürmer A, Zanuzdana A, Werner M, Kunz B, Eisenberger D, Pfennigwerth N, Kempf VAJ, Werner G, Eckmanns T. Combined Clinical, Epidemiological, and Genome-Based Analysis Identified a Nationwide Outbreak of *Burkholderia cepacia* Complex Infections Caused by Contaminated Mouthwash Solutions. Open Forum Infect Dis. 2022 Mar 9;9(5):ofac114. doi: 10.1093/ofid/ofac114. PMID: 35434175; PMCID: PMC9007922.

Konsiliarlabor für Mykoplasmen

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Mykoplasmen](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Roger Dumke
- ▶ **Institut**
TU Dresden, Institut für Medizinische Mikrobiologie und Virologie
- ▶ **Adresse**
Fetscherstraße 72, 01307 Dresden
- ▶ **E-Mail**
roger.dumke@tu-dresden.de
- ▶ **Telefon**
+49 351 458 65 77

Mykoplasmen unterscheiden sich wesentlich von anderen Bakteriengruppen. In der evolutionären Auseinandersetzung mit ihren Wirten haben diese Mikroorganismen einen Großteil der genetischen Ausstattung verloren und eine ausgeprägte parasitäre Anpassung vollzogen. Mit minimal 580 Kilobasenpaaren sind sie die kleinsten bekannten Krankheitserreger, die sich zellunabhängig vermehren können. Mit den begrenzten Genomen gehen eingeschränkte Stoffwechselleistungen einher, die zu einer relativ langsamen Zellteilung führen und die Kultivierung dieser Mikroorganismen erschweren. Charakteristischer Ausdruck der Reduktionsvorgänge ist das Fehlen einer klassischen Zellwand. Die Besonderheiten erschweren den Nachweis, die Therapie und die epidemiologische Bewertung der durch Mykoplasmen hervorgerufenen Infektionen.

In den vergangenen Jahren sind 23 Mykoplasmen-Spezies aus dem Menschen isoliert worden. Die Bakterien besiedeln vorwiegend die respiratorische oder urogenitale Mukosa und verursachen nur selten systemische Infektionen. Als strikt pathogen sind lediglich zwei Arten einzustufen, deren natürlicher Wirt ausschließlich der Mensch ist. *Mycoplasma (M.) pneumoniae* ist ein Erreger ambulant erworbener respiratorischer Infektionen (einschließ-

lich schwerer Fälle atypischer Pneumonien; *community-acquired pneumonia* [CAP]), der 2023–2025 durch einen außergewöhnlichen Anstieg der Inzidenzen in Deutschland und weltweit aufgefallen ist. In diesem Zeitraum wurden bis zu 80 % der CAP-Fälle durch *M. pneumoniae* verursacht. Die Infektionen werden nach engem Kontakt durch erregerehaltige Aerosole übertragen. Dagegen wird *M. genitalium* sexuell verbreitet. Dieser Erreger verursacht Urethritiden und wird mit weiteren Krankheitsbildern in Verbindung gebracht (Proktitis, Zervizitis, *pelvic inflammatory disease* [PID], Sterilität, Frühgeburt). *Ureaplasma (U.) parvum* und *U. urealyticum* werden bei vielen asymptomatischen Personen nachgewiesen, rufen unter bestimmten Bedingungen jedoch urogenitale Symptome hervor. Sie können auch für Probleme in der Schwangerschaft und definierte Infektionen von Neugeborenen relevant sein. Die antibiotische Behandlung in der Praxis ist kompliziert, da alle Mykoplasmen/Ureaplasmen durch das Fehlen einer Zellwand gegenüber Beta-laktam-Antibiotika (Penicilline, Cephalosporine) resistent sind. Hinzu kommt eine Zunahme erworbener Resistenzen gegenüber primär wirksamen Therapeutika (Makrolide, Fluorchinolone, Tetracykline).

Die genannten Spezifika der Mykoplasmen führen häufig zu Fragen hinsichtlich Nachweis, Therapie und der Bewertung von Befunden. Die Beratung von Laboren, Kliniken und Arztpraxen macht daher einen Großteil der Tätigkeit des Konsiliarlabors (KL) aus. Aufgrund der fehlenden Abrechenbarkeit ist die Empfindlichkeitstestung von Stämmen in eingesandten Proben ein Schwerpunkt der Laborleistungen des KL. Die molekulare Resistenzbestimmung über Mutationen der Zielstrukturen der vorwiegend eingesetzten Antibiotika ist in den vergangenen Jahren relativ sicher etabliert worden. *M. genitalium*-Stämme in Risikogruppen (Männer, die Sex mit Männern haben, Patientinnen und Patienten mit sexuell übertragbaren Infektionen) sind inzwischen zu einem erheblichen Teil gegenüber den Erstrangantibiotika, Makrolide (Resistenzrate: 70–80 %) und Fluorchinolone (25 %) resistent. Die

Raten sind unter Personen mit heterosexueller Übertragung geringer, aber mittlerweile ebenfalls besorgniserregend. Eine leitliniengerechte Therapie der zunehmend in Multiplex-Verfahren nachgewiesenen Infektionen ist inzwischen ohne Resistenztestung wenig sinnvoll. Bei *M. pneumoniae* ist die Resistenzsituation in Deutschland im Gegensatz z. B. zu China (Rate resistenter Stämme gegenüber den vorrangig eingesetzten Makroliden bis 100 %) mit ca. 3 % günstig. Trotzdem wird bei Therapieversagen in schwer verlaufenden Fällen auch für die-

sen Erreger eine molekulare Bewertung der Empfindlichkeit empfohlen. Aufgrund des relativ schnellen Wachstums der beiden *Ureaplasma*-Spezies erfolgt für die Stämme in eingesandten Materialien eine phänotypische Resistenztestung im KL. Für die genannten Mykoplasmen liegen somit aktuelle Daten für in Deutschland zirkulierende Stämme vor. Darüber hinaus werden im Rahmen epidemiologischer Studien alle international etablierten Typisierungsverfahren für *M. pneumoniae* und *M. genitalium* regelmäßig durchgeführt.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Dumke R, Glaunsinger T. Trends of *Mycoplasma genitalium* infections in Berlin, Germany, 2017-2023. J Glob Antimicrob Resist. 2025, 41:29-34.
- ▶ Dumke R. Antimicrobial resistance in clinical isolates of *Ureaplasma* spp. from samples in Germany. Antimicrob Agents Chemother. 2023, 95(5):e02342-20.
- ▶ Meyer Sauter PM, Beeton ML, Uldum SA, Bossuyt N, Vermeulen M, Loens K, Pereyre S, Bebear C, Kese D, Day J, Afshar B, Chalker VJ, Greub G, Nir-Paz R, Dumke R. *Mycoplasma pneumoniae* detections before and during the COVID-19 pandemic: results of a global survey, 2017 to 2021. Euro Surveill. 2022, 27(19):2100746.
- ▶ Dumke R. Molecular tools for typing *Mycoplasma pneumoniae* and *Mycoplasma genitalium*. Front Microbiol. 2022, 13:904494.
- ▶ Meyer Sauter PM, Panisova E, Seiler M, Theiler M, Berger C, Dumke R. *Mycoplasma pneumoniae* genotypes and clinical outcome in children. J Clin Microbiol. 2021, 59(7):e0074821.

Nationales Referenzzentrum für Mykobakterien

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Mykobakterien](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. Stefan Niemann
(Wissenschaftliche Leitung)

Dr. med. Martin Kuhns
Prof. Dr. med. Alexander Mischnik
(Ärztliche Leitung)
- ▶ **Institut**
Forschungszentrum Borstel,
Leibniz Lungenzentrum
- ▶ **Adresse**
Parkallee 38, 23845 Borstel
- ▶ **E-Mail**
nrz@fz-borstel.de
- ▶ **Telefon**
+49 4537 188-2110

Mykobakterien verursachen schwere Infektionskrankheiten wie Tuberkulose (TB) und Lepra, treten aber auch als Umweltkeime (nichttuberkulöse Mykobakterien, NTM) auf und können immungeschwächte Personen kolonisieren und infizieren. Die TB ist eine der weltweit häufigsten Todesursachen durch einen einzelnen Infektionserreger. Im Jahr 2024 wurden von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) weltweit schätzungsweise 10,8 Millionen Neuerkrankungen und 1,23 Millionen Todesfälle berichtet. Zu den zentralen Herausforderungen zählen latente Infektionen, hohe Erkrankungsraten mit multiresistenten Tuberkulosebakterien (MDR-TB) und der Bedarf an neuen, kürzeren Behandlungsregimen. NTM-bedingte Infektionen bei vulnerablen Personen erfordern eine mehrmonatige antibiotische Kombinationstherapie und gehen häufig mit einem schlechten klinischen Outcome einher. Lepra ist eine in Deutschland seltene Infektionskrankheit, die durch *Mycobacterium leprae* verursacht wird und fast ausschließlich als importierte Erkrankung auftritt (v. a. aus Südostasien, Afrika, Südamerika).

Das Nationale Referenzzentrum für Mykobakterien (NRZ-MYK) ist ein supranationales TB-Referenzlaboratorium der WHO und bietet als überregional bedeutsames Zentrum molekulare und mikrobiologische Diagnostik sowie weiterführende Untersuchungen von sämtlichen Mykobakterieninfektionen an. Das NRZ-MYK verfügt inzwischen über eine der weltweit größten, gut charakterisierten Mykobakterien-Stammsammlungen mit mehr als 50.000 TB-Stämmen. Alle am NRZ-MYK untersuchten kulturell-positiven TB-Fälle werden ganzgenomsequenziert und in Zusammenarbeit mit dem Robert Koch-Institut (RKI) epidemiologisch, u. a. auf die Verteilung der Pathotypen untersucht (s. Abb. 1A). Die Einsendungen erfolgen aus dem gesamten Bundesgebiet (s. Abb. 1B). Im Pathogenomik-Labor hat sich die Zahl der Genomanalysen von 6.500 im Jahr 2019 auf über 10.000 Proben (TB-Stämme, NTM-Stämme, und andere) im Jahr 2025 erhöht. Die beiden am Forschungszentrum Borstel für das NRZ-MYK verantwortlichen Forschungsgruppen „Molekulare und Experimentelle Mykobakteriologie“ und „Diagnostische Mykobakteriologie“ arbeiten mit komplementären Expertisen Hand in Hand, um weltweit die molekulare, genom-basierte Diagnostik und Surveillance als international geltenden Standard in TB-Hochinzidenzländern zu etablieren. Sie führen zudem Trainingseinheiten durch und beraten Referenz- und andere Labore vor Ort. So wurden z. B. europaweite Trainings im Rahmen des vom Europäischen Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) geförderten GenEpi-BioTrain und Trainings im Rahmen des von der European and Developing Countries Clinical Trials Partnership (EDCTP) geförderten PANGenS-Projekts in mehr als 13 afrikanischen Ländern zur sequenzierungsbasierten Diagnostik und Erregersurveillance durchgeführt. Arbeiten aus dem NRZ-MYK zu Resistenzmutationen in Isolaten des TB-Erregers tragen weltweit zur Weiterentwicklung molekularer Resistenznachweise bei.

Das NRZ-MYK ist 2022 in sein neues Gebäude mit hochmodernen Laboren der Biologischen Sicherheitsstufe 3 (BSL-3) eingezogen und wurde 2025 vom RKI für weitere drei Jahre als NRZ bestätigt.

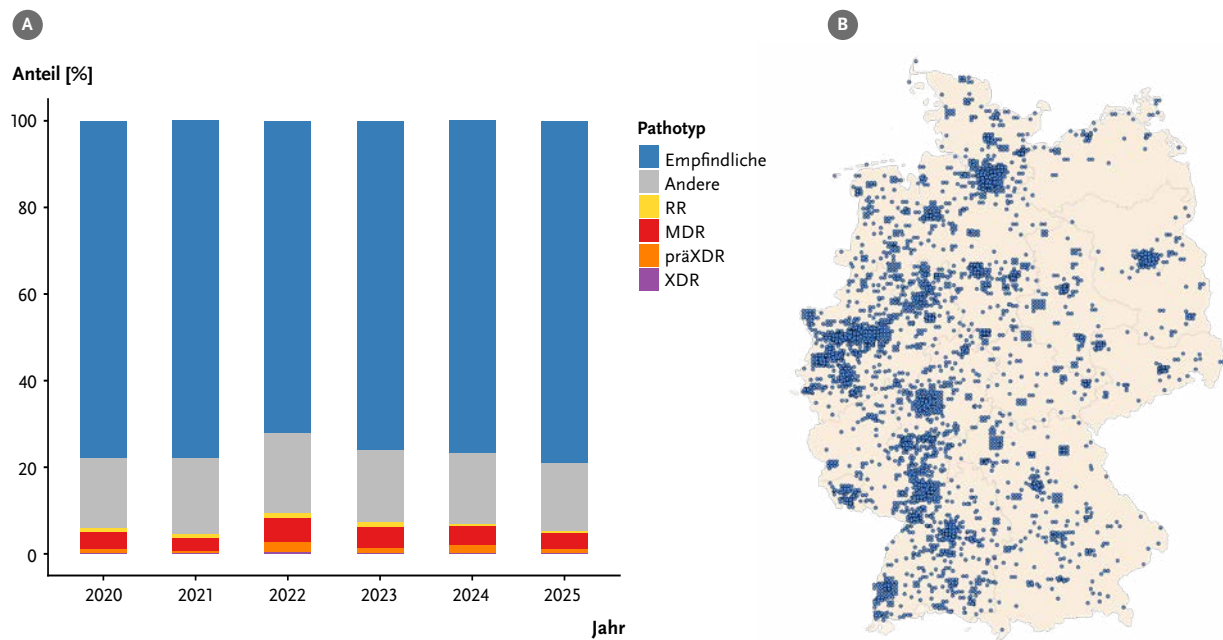


Abb. 1 | (A) Verteilung der Pathotypen und Resistenzentwicklung der in Zusammenarbeit mit dem RKI sequenzierten TB-Isolate von 2020 – 2025. Anzahl sequenzierter Proben pro Jahr: 1.092 im Jahr 2020; 1.113 im Jahr 2021; 1.497 im Jahr 2022; 1.623 im Jahr 2023; 2.827 im Jahr 2024; 1.920 im Jahr 2025.

Empfindliche = keine relevante Resistenz; Andere = Resistenzprofil, das nicht den Kategorien RR, MDR, prä-XDR und XDR zugeordnet wird (z. B. Monoresistenz); RR = Rifampicin-resistent; MDR = multiresistent, resistent gegenüber Rifampicin und Isoniazid; präXDR = prä-extensive Resistenz, d. h. MDR und Resistenz gegenüber Fluorchinolonen; XDR = extensive Resistenz, d. h. MDR und Resistenz gegenüber Fluorchinolonen und einem weiteren Medikament der WHO-Gruppe A

(B) Probenverteilung nach Postleitzahl der Bundesrepublik Deutschland

Blauer Punkt = eingesandte kulturelle TB-positive Probe.

Aufgaben des NRZ-MYK:

- ▶ Primärisolierung, Identifizierung und Empfindlichkeitsprüfungen von Mykobakterien aus allen Materialien mit kulturellen und molekularbiologischen Techniken
- ▶ Evaluation und Implementierung neuer diagnostischer Methoden zur Detektion, verbesserten Resistenzbestimmung und Differenzierung von Mykobakterien inkl. ECOFF-Bestimmung (*Epidemiological Cut-Off Value*)
- ▶ molekularbiologischer Nachweis von Mutationen durch genomische Sequenzanalyse mit (*targeted*) Next Generation Sequencing (NGS, tNGS) bei TB-Bakterien zur Resistenzprädiktion
- ▶ verschiedene Verfahren zur Analyse von Mykobakteriengenomen und -transkriptomen, z. B. Illumina NGS, Long-Read-Sequencing mit MinION oder PacBio.
- ▶ Bereitstellung von Workflows und Rechenkapazität für NGS- und Transkriptom-Analysen mit bioinformatischen Pipelines
- ▶ DNA-Analysen (*Mycobacterial Interspersed Repetitive Units*-(MIRU-)Typisierung, NGS) zum Stammvergleich z. B. bei Verdacht auf Laborkontaminationen oder zur Analyse von Ausbruchsgeschehen sowie Übertragungen
- ▶ Wirksamkeitsuntersuchung neuer zur Therapie mykobakterieller Erkrankungen eingesetzter Chemotherapeutika
- ▶ Pathogenomik-Labor mit verschiedenen Verfahren zur Charakterisierung von Mykobakterien in *in-vitro*-Testsystemen
- ▶ Beratungstätigkeit für den Öffentlichen Gesundheitsdienst
- ▶ konsiliarische Tätigkeit für Fragen zu Diagnostik und Therapie von Mykobakterieninfektionen
- ▶ Mitarbeit in internationalen Labornetzwerken und Gremien
- ▶ externe Qualitätsstudien, Beratung und Schulungen
- ▶ Mitwirkung bei der Erarbeitung von Empfehlungen und Leitlinien für Diagnostik, Therapie und Prävention

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Sonnenkalb *et al.*: The mutant selection window of moxifloxacin and bedaquiline resistant *Mycobacterium tuberculosis*. J Infect. 2025 Jul;91(1):106523. doi: 10.1016/j.jinf.2025.106523
- ▶ Diricks *et al.*: Genomic insights into the plasmidome of non-tuberculous mycobacteria. Genome Med. 2025 Mar 4;17(1):19. doi: 10.1186/s13073-025-01443-7
- ▶ Költringer *et al.*: Cross-border investigation of a tuberculosis outbreak in Vienna linked to a multi-country cluster among foreign-born individuals, Europe, 2021 to 2025. Euro Surveill. 2025 Aug;30(33):2500565. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.33.2500565
- ▶ Barilar *et al.*: Emergence of bedaquiline-resistant tuberculosis and of multidrug-resistant and extensively drug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* strains with rpoB Ile491Phe mutation not detected by Xpert MTB/RIF in Mozambique: a retrospective observational study. Lancet Infect Dis. 2024 Mar;24(3):297-307. doi: 10.1016/S1473-3099(23)00498-X
- ▶ Sonnenkalb *et al.*: Bedaquiline and clofazimine resistance in *Mycobacterium tuberculosis*: an in-vitro and in-silico data analysis. Lancet Microbe. 2023 May;4(5):e358-e368. doi: 10.1016/S2666-5247(23)00002-2

Konsiliarlabor für Respiratorische Synzytial-Viren (RSV), Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV)

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Respiratorische Synzytial-Viren \(RSV\), Parainfluenzaviren \(PIV\) und humane Metapneumoviren \(HMPV\)](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Djin-Ye Oh
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
KL-RSV@rki.de; OhD@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2451

Akute Atemwegsinfektionen werden häufig durch Respiratorische Synzytial-Viren (RSV), humane Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV) ausgelöst. Bei Säuglingen und Kleinkindern führen vor allem RSV zu Bronchioliten und Pneumonien und gehören in den ersten Lebensjahren zu den wichtigsten Ursachen stationärer Aufnahmen. PIV verursachen neben Infektionen der oberen und unteren Atemwege das Krupp-Syndrom. HMPV verursachen bei Säuglingen und Kleinkindern ebenfalls Infektionen der unteren Atemwege, wie Bronchiolitis und Pneumonie. Das klinische Bild ähnelt dem von RSV-Infektionen. Insbesondere bei Kindern, älteren und immunsupprimierten Menschen sowie Personen mit chronischen Lungenerkrankungen besteht bei allen drei Erregern ein erhöhtes Risiko für schwere Verläufe. Da keiner der Erreger eine vollständige protektive Immunität hinterlässt, sind Reinfektionen über das ganze Leben die Regel. Ihre Zirkulation ist saisonal geprägt. Während und unmittelbar nach der COVID-19-Pandemie waren die üblichen saisonalen Zirkulationsmuster vorübergehend deutlich verändert.

Seit 2024 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) für alle Neugeborenen und Säuglinge in ihrer ersten RSV-Saison eine Prophylaxe mit langwirksamen monoklonalen Antikörpern; seit September 2026 werden hierfür Nirsevimab oder Clesrovimab empfohlen. Aktive RSV-Impfstoffe werden für Personen ab 75 Jahren sowie für 60- bis 74-Jährige mit schweren Grunderkrankungen oder in Pflegeeinrichtungen empfohlen. Ob und wie sich diese Immunprophylaxe-Maßnahmen auf die zirkulierenden Viren auswirken, lässt sich noch nicht absehen. Eine fortlaufende molekulare Surveillance der zirkulierenden Stämme kann dazu beitragen, Veränderungen in der genetischen Vielfalt frühzeitig zu erkennen und einzuordnen.

Das Konsiliarlabor für RSV, PIV und HMPV nutzt real-time PCRs für den direkten Erregernachweis; ebenfalls über real-time PCR werden RSV A und B sowie HMPV A und B differenziert und PIV 1 bis 4 typisiert. Mittels Ganzgenomsequenzierung werden RSV, PIV und HMPV genetischen Linien bzw. Sublinien zugeordnet. Das Labor züchtet RSV, PIV und HMPV auch in Zellkultur an. Die charakterisierten

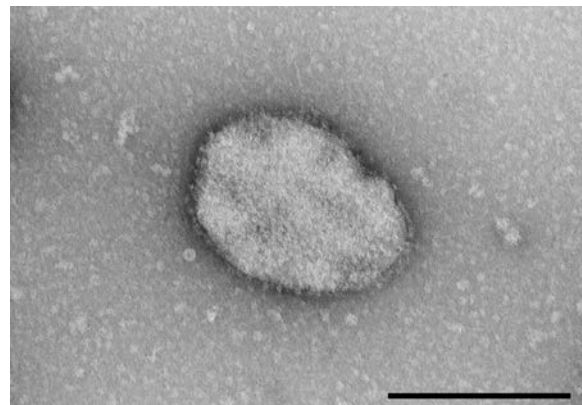


Abbildung | Respiratorisches Synzytial-Virus (RSV) in elektronenmikroskopischer Aufnahme. Präparationstechnik: Negativkontrastierung (1% Uranylacetat), Transmissions-elektronenmikroskopie. Maßstabsbalken = 200 nm. Aufnahme: Michael Laue (RKI).

Viren werden in einer Stammsammlung vorgehalten und auf Anfrage als Referenzmaterial für die PCR-Diagnostik abgegeben.

Epidemiologische Auswertungen zeigen, wie häufig die Erreger in welchen Altersgruppen und Patientenkollektiven auftreten und wie sich ihre Zirkulation über das Jahr verteilt; erfasst werden dabei ambulante wie stationäre Fälle. Sequenzdaten ermöglichen es, RSV-, PIV- und HMPV-Stämme genetisch einzuordnen und Veränderungen in der Zusammensetzung der zirkulierenden Varianten über die Zeit nachzuverfolgen. Treten Ausbrüche auf, hilft

das Labor bei deren Aufklärung und bei der Einschätzung der epidemischen Potenz unterschiedlicher Virusvarianten. Virologische Laboratorien können sich zur Diagnostik von RSV-, PIV- und HMPV-Infektionen beraten lassen.

Als Kooperationspartner ist das Konsiliarlabor in nationale und internationale Studien zu akuten respiratorischen Infektionen eingebunden. Die dabei gewonnenen Daten zur Variabilität der Erreger fließen in die Einschätzung der epidemiologischen Lage ein und können die Entwicklung von Impfstoffen unterstützen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Cai W*, Maronde I*, Köndgen S, Biere B, Buda S, Schweiger B, Staat D, Haas W, Schuler E, Virologic SARI Surveillance Study Group, Wolff T, Dürrwald R, Oh DY, Tolksdorf K, Reiche J. Reduction in respiratory syncytial virus (RSV)-related outpatient and inpatient cases among infants during the initial 2024/25 season following nirsevimab recommendation in Germany. *Influenza Other Respir Viruses*. 2026;20(6):e70274. doi: 10.1111/irv.70274.
- ▶ Dürrwald R, Biere B, Oh DY, Gubela N, von Kleist M. Sentinel surveillance supports persistent post-pandemic immunity deficits. [eLetter als Antwort auf Brett & Rohani, Science 2025] *Science*. 2026. <https://www.science.org/doi/10.1126/science.adw4964#elettersSection>
- ▶ Cai W, Köndgen S, Tolksdorf K, Dürrwald R, Schuler E, Biere B, Schweiger B, Goerlitz L, Haas W, Wolff T, Buda S, Reiche J. Atypical age distribution and high disease severity in children with RSV infections during two irregular epidemic seasons throughout the COVID-19 pandemic, Germany, 2021 to 2023. *Euro Surveill*. 2024;29(13):2300465. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.13.2300465.
- ▶ Köndgen S, Oh DY, Thürmer A, Sedaghatjoo S, Patrono LV, Calvignac-Spencer S, Biere B, Wolff T, Dürrwald R, Fuchs S, Reiche J. A robust, scalable, and cost-efficient approach to whole genome sequencing of RSV directly from clinical samples. *J Clin Microbiol*. 2024;62(3):e0111123. doi: 10.1128/jcm.01111-23.
- ▶ Oh DY, Biere B, Grenz M, Wolff T, Schweiger B, Dürrwald R, Reiche J. Virological Surveillance and Molecular Characterization of Human Parainfluenza-virus Infection in Children with Acute Respiratory Illness: Germany, 2015-2019. *Microorganisms*. 2021;9(7):1508. doi: 10.3390/microorganisms9071508.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

40. Woche 2026 (Datenstand: 7. Oktober 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
	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.
Baden-Württemberg	58	3.763	3.304	37	1.089	1.026	11	471	348	31	3.722	5.127	11	1.466	1.956
Bayern	122	6.267	5.420	61	1.536	1.497	9	526	452	53	6.343	7.766	25	2.642	3.659
Berlin	24	1.991	1.804	10	385	286	5	213	234	15	3.571	2.617	4	1.363	1.510
Brandenburg	50	1.639	1.399	12	250	233	6	144	160	15	3.507	2.858	6	1.844	2.249
Bremen	9	359	307	3	44	37	1	45	52	4	504	402	2	299	153
Hamburg	14	1.016	1.019	0	132	158	3	147	142	5	1.816	1.447	2	589	773
Hessen	44	3.021	2.680	16	593	662	17	455	431	19	3.362	4.189	13	1.569	1.848
Mecklenburg-Vorpommern	21	1.449	1.146	5	187	184	7	168	249	8	1.990	1.874	3	888	1.372
Niedersachsen	51	3.808	3.238	11	669	633	17	756	747	20	4.440	5.446	10	1.912	3.798
Nordrhein-Westfalen	189	10.898	9.271	41	1.569	1.536	33	1.058	1.126	70	9.348	14.082	28	3.756	5.809
Rheinland-Pfalz	47	2.432	2.370	20	515	457	5	277	243	10	2.324	3.749	5	854	1.922
Saarland	11	652	690	0	82	105	1	96	73	6	570	892	1	141	774
Sachsen	78	3.323	2.915	10	440	489	4	267	247	79	5.046	5.739	17	3.098	2.717
Sachsen-Anhalt	33	1.495	1.223	9	290	285	6	140	132	20	2.835	3.166	12	954	2.097
Schleswig-Holstein	26	1.628	1.235	2	182	183	6	259	248	13	2.435	1.825	9	835	818
Thüringen	53	1.736	1.288	5	501	481	2	189	164	28	2.624	2.980	10	1.329	1.872
Deutschland	830	45.477	39.309	242	8.464	8.252	133	5.211	5.048	396	54.437	64.159	158	23.539	33.327

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.
Baden-Württemberg	1	74	89	40	1.406	1.576	12	700	864	6	346	419	72	21.606	33.371
Bayern	7	104	132	44	1.903	2.525	18	970	1.146	8	406	445	141	31.698	72.030
Berlin	2	36	47	10	617	1.026	7	376	402	6	244	254	11	7.984	15.460
Brandenburg	1	27	29	5	167	219	1	87	125	0	88	84	8	11.285	18.176
Bremen	1	7	8	3	151	227	1	51	76	0	48	55	2	999	1.194
Hamburg	0	18	33	11	439	901	3	176	196	1	114	163	12	4.630	9.973
Hessen	1	61	73	26	706	947	12	440	445	0	313	342	21	11.040	20.862
Mecklenburg-Vorpommern	0	20	15	0	108	109	1	60	70	0	50	41	5	11.768	13.309
Niedersachsen	4	83	85	25	1.034	1.417	12	502	555	5	253	226	21	14.926	28.536
Nordrhein-Westfalen	18	211	185	50	2.378	3.292	24	1.187	1.512	3	637	680	73	34.576	64.185
Rheinland-Pfalz	0	29	52	11	592	773	5	261	289	0	144	182	21	9.251	16.867
Saarland	0	11	14	6	132	177	1	98	119	0	24	37	3	1.905	3.218
Sachsen	1	26	34	2	268	290	2	186	185	2	90	123	30	21.968	43.230
Sachsen-Anhalt	1	16	12	3	187	287	0	89	100	1	69	62	28	11.400	26.045
Schleswig-Holstein	1	26	21	7	244	401	8	182	241	1	70	72	9	6.757	10.657
Thüringen	0	22	21	3	116	155	5	66	108	0	76	62	12	10.869	17.807
Deutschland	38	771	850	246	10.448	14.322	112	5.431	6.433	33	2.972	3.247	469	212.662	394.920

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.
Baden-Württemberg	0	12	26	0	20	14	0	0	1	12	1.168	665	33	2.202	2.508
Bayern	0	6	42	1	19	49	0	0	0	71	3.663	982	55	3.563	4.440
Berlin	0	1	12	0	10	17	0	0	0	18	254	163	9	717	802
Brandenburg	0	1	4	0	2	10	0	0	0	22	324	263	16	395	518
Bremen	0	1	1	0	0	2	0	0	0	0	12	19	4	108	123
Hamburg	0	2	3	0	7	4	0	0	0	4	265	129	11	363	546
Hessen	0	13	19	2	16	18	0	1	1	30	622	320	13	738	744
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	0	0	0	0	0	9	313	159	6	141	202
Niedersachsen	1	16	18	2	19	29	0	1	0	5	288	321	23	1.142	1.076
Nordrhein-Westfalen	0	14	42	3	44	83	0	0	1	31	1.169	789	47	3.120	2.996
Rheinland-Pfalz	0	6	13	0	9	13	0	0	0	11	546	286	11	530	643
Saarland	0	0	1	0	2	1	0	0	0	0	62	129	2	152	101
Sachsen	0	0	11	1	9	15	0	0	0	60	1.224	663	21	1.238	1.501
Sachsen-Anhalt	0	0	3	0	4	2	0	0	0	31	583	550	2	136	167
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	7	8	0	0	0	1	147	124	6	502	421
Thüringen	0	0	1	0	3	3	0	0	0	37	570	478	7	420	313
Deutschland	1	72	197	9	171	268	0	2	3	342	11.210	6.040	266	15.467	17.101

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
	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.	40.	1.–40.	1.–40.
Baden-Württemberg	2	85	77	22	1.013	994	1	82	82	1	88	79	58	3.116	5.385
Bayern	5	97	80	27	817	923	4	201	208	3	98	103	139	5.359	9.321
Berlin	1	61	57	16	496	591	2	31	37	1	52	50	22	1.525	3.283
Brandenburg	0	12	12	6	233	163	1	77	83	1	20	24	16	1.780	2.289
Bremen	0	2	3	1	42	25	0	10	13	0	7	14	1	130	343
Hamburg	0	19	20	8	305	348	1	28	36	2	38	41	9	595	1.757
Hessen	1	42	61	20	877	953	0	103	74	0	72	89	62	2.028	4.314
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	9	2	122	92	0	37	43	0	19	18	11	1.154	1.614
Niedersachsen	0	45	30	17	653	625	5	131	134	1	92	95	30	2.116	4.090
Nordrhein-Westfalen	0	159	154	33	1.657	1.977	11	355	518	5	255	234	145	5.362	12.306
Rheinland-Pfalz	1	26	19	4	277	372	0	62	82	1	32	30	26	1.628	2.959
Saarland	1	7	9	0	39	50	0	8	23	0	17	7	10	519	862
Sachsen	0	30	11	3	256	253	1	200	266	0	49	51	30	2.811	4.606
Sachsen-Anhalt	3	30	14	7	191	151	2	96	64	1	41	37	7	1.332	2.356
Schleswig-Holstein	2	37	27	6	198	198	1	50	42	0	23	19	12	1.316	2.166
Thüringen	0	7	14	3	133	143	1	40	38	1	40	24	16	1.282	1.430
Deutschland	16	661	597	175	7.309	7.858	30	1.511	1.743	17	943	915	594	32.053	59.081

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
	40.	1.–40.	1.–40.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	373	278
Bornavirus-Erkrankung	0	7	4
Botulismus	0	7	7
Brucellose	0	33	44
<i>Candidozyma auris</i> , invasive Infektion*	0	18	11
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	203	134
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	90	134
Denguefieber	0	523	727
Diphtherie	0	39	40
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	10	545	626
Giardiasis	43	1.989	2.346
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	13	985	1.221
Hantavirus-Erkrankung	2	234	232
Hepatitis D	0	51	62
Hepatitis E	82	4.540	4.204
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	2	75	146
Kryptosporidiose	48	1.889	2.047
Legionellose	62	1.669	1.767
Lepra	0	1	3
Leptospirose	1	150	143
Listeriose	8	465	485
Malaria	19	792	731
Meningokokken, invasive Infektion	2	176	247
Mpox	34	515	427
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	1	115	97
Ornithose	0	16	18
Paratyphus	1	31	40
Pneumokokken, invasive Infektion	119	7.217	8.388
Q-Fieber	11	92	69
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	18	66.968	65.540
Shigellose	70	2.622	2.278
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	3	155	142
Typhus abdominalis	1	62	70
West-Nil-Fieber**	1	12	12
Yersiniose	31	3.200	2.988
Zikavirus-Erkrankung	0	13	15

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 Meldeweche 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: Juli 2026 (Datenstand: 1. Oktober 2026)

	Syphilis*			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli		Juli	Januar – Juli	
Baden-Württemberg	–	–	–	28	181	256	3	13	28	0	0	0
Bayern	–	–	–	58	324	326	4	17	22	0	0	0
Berlin	–	–	–	21	140	147	3	13	6	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	4	40	39	0	2	1	0	0	1
Bremen	–	–	–	7	25	40	0	0	2	0	0	0
Hamburg	–	–	–	12	82	120	0	1	2	0	0	0
Hessen	–	–	–	18	112	113	1	5	14	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	4	37	36	0	0	1	0	0	0
Niedersachsen	–	–	–	23	138	175	0	1	4	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	49	281	316	3	21	16	0	0	0
Rheinland-Pfalz	–	–	–	6	41	52	0	6	8	0	0	0
Saarland	–	–	–	0	10	21	0	2	2	0	0	0
Sachsen	–	–	–	14	78	95	0	1	4	0	0	1
Sachsen-Anhalt	–	–	–	6	28	39	0	0	1	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	8	51	55	0	1	3	0	0	0
Thüringen	–	–	–	5	19	30	0	2	1	0	0	0
Deutschland	–	–	–	263	1.587	1.860	14	85	115	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.