



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN  
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

**44**  
**2023**

# Epidemiologisches Bulletin

2. November 2023

**Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung  
von MRSA in Deutschland 2021/2022**

## Inhalt

---

### Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2021/2022 3

Seit einigen Jahren nimmt der Anteil Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA) an der *S. aureus*-Population ab, was sich auch in den Daten verschiedener nationaler und internationaler Surveillance-systeme widerspiegelt. Die nationale Antibiotika-Resistenz-Surveillance ARS des Robert Koch-Instituts basiert auf Resistenzdaten aus der Routinediagnostik der stationären und ambulanten Versorgung. Für das Jahr 2021 liegen Daten aus ca. 700 Krankenhäusern und 24.000 Arztpraxen vor. In der stationären Versorgung sank der Anteil von MRSA an *S. aureus*-Isolaten von 12,5% im Jahr 2017 auf 7,3% bzw. 7,1% in den Jahren 2021 und 2022, in der ambulanten Versorgung im gleichen Zeitraum von 7,7% auf 4,8% bzw. 4,7%. Im vorliegenden Bericht werden Daten zur Häufigkeit, den Eigenschaften und dem Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland zusammengefasst. Ebenfalls beschrieben werden Trends in der Resistenz-entwicklung, das Auftreten und die Verbreitung von Community- und Livestock-assoziierten MRSA sowie Untersuchungen im Rahmen von Ausbruchsgeschehen.

---

### „KRINKO-Perzeption“: RKI-Onlinebefragung für Mitarbeitende im Öffentlichen Gesundheitsdienst 15

---

### Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 43. Woche 2023 16

---

### Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: August 2023 19

## Impressum

### Herausgeber

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

### Redaktion

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

### Redaktionsassistentz

Nadja Harendt  
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

### Allgemeine Hinweise/Nachdruck

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

# Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2021/2022

## Daten zur Häufigkeit von MRSA in Deutschland

Seit einigen Jahren nimmt der Anteil Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA) an der *S. aureus*-Population ab, was sich auch in den Daten verschiedener nationaler und internationaler Surveillance-systeme widerspiegelt.

Die nationale Antibiotika-Resistenz-Surveillance ARS des Robert Koch-Instituts (<https://ars.rki.de>) basiert auf Resistenzdaten aus der Routinediagnostik der stationären und ambulanten Versorgung. Für das Jahr 2021 liegen Daten aus ca. 700 Krankenhäusern und 24.000 Arztpraxen vor. Der Anteil von MRSA an *S. aureus*-Isolaten aus allen Probenmaterialien nimmt seit Jahren kontinuierlich ab: In der stationären Versorgung sank der Anteil von 12,5 % im Jahr 2017 auf 7,3 % bzw. 7,1 % in den Jahren 2021 und 2022, in der ambulanten Versorgung von 7,7 % (2017) auf 4,8 % bzw. 4,7 % in den Jahren 2021 und 2022.<sup>1-3</sup>

Um die Resistenzlage ausgewählter Erreger in Europa zeitlich darzustellen und Trends für verschiedene Länder und Regionen aufzuzeigen, werden Daten aus den jeweiligen nationalen Systemen zur Surveillance der antimikrobiellen Resistenz im Rahmen des European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net) erfasst. Für invasive *S. aureus*-Isolate (Blutkulturen und Liquor) aus Deutschland werden dafür die Resistenzdaten aus ARS an EARS-Net übermittelt. Hier zeigt sich für Deutschland seit mehreren Jahren in Folge ein signifikanter Rückgang des Anteils von MRSA an allen *S. aureus*-Isolaten von 9,1 % im Jahr 2017 auf 4,9 % im Jahr 2021. Dieser Wert liegt unterhalb des europäischen bevölkerungsgewichteten Mittelwerts von 15,8 %, der über die letzten fünf Jahre ebenfalls signifikant gesunken ist. Trotz dieser positiven Entwicklungen berichten 30 % der europäischen Länder noch MRSA-Raten von  $\geq 25$  %.<sup>4</sup>

Die Arbeitsgemeinschaft Empfindlichkeitsprüfungen und Resistenz der Paul-Ehrlich-Gesellschaft für Infektionstherapie e. V. (PEG) erhebt alle drei Jahre Daten zur Antibiotikaresistenz bei Isolaten aus klinischen Materialien für wichtige Bakterienspezies, u. a. auch für *S. aureus* (<http://www.p-e-g.de/econtext/resistenzdaten>). Neben *S. aureus* aus dem Krankenhausbereich werden auch Isolate aus dem niedergelassenen Versorgungsbereich erfasst. Die Daten der letzten drei Erhebungen zeigen einen kontinuierlichen Rückgang der MRSA-Raten aus krankenhaussassoziierten Infektionen von 13,5 % im Jahr 2013 auf 7,2 % im Jahr 2019. Für MRSA aus dem niedergelassenen Bereich wurde 2019 mit 7 % ein ähnlicher Wert erfasst wie 2013 (8 %).

Im Rahmen der MRSA-Meldepflicht aus Blutkulturen und Liquor wurden 1.082 Fälle im Jahr 2021 mit einer Inzidenz von 1,3 pro 100.000 Einwohner und im Jahr 2022 1.044 Fälle mit einer Inzidenz von 1,25 pro 100.000 Einwohner berichtet.<sup>5</sup> Seit dem Jahr 2012 war eine signifikante Abnahme der Fallzahlen zu beobachten, in den letzten drei Jahren scheinen sich diese auf einem konstanten Niveau zu verstetigen.

## Eigenschaften von MRSA in Deutschland – Einsendungen an das Nationale Referenzzentrum

Die Einsendungen an das Nationale Referenzzentrum (NRZ) im Zeitraum 2021/2022 blieben im Vergleich zu den Vorjahren stabil. Der Anteil von *S. aureus* lag bei circa 80 %, davon waren 50 % MRSA. Die diagnostischen Anforderungen der Einsendenden (Typisierung, Toxinnachweise, Resistenzbestätigungen etc.) und das Material, aus denen die Proben primär gewonnen wurden, unterschieden sich ebenfalls nicht von denen der Vorjahre. Allerdings hat sich die Anzahl der eingesandten MRSA von stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten über die Jahre verringert (von 2.501

im Jahr 2016 auf 753 im Jahr 2022). Das ist speziell bei der Interpretation der von uns berichteten Resistenzdaten zu beachten und wird an der entsprechenden Stelle vermerkt (s. unten). Ob die sinkenden Einsendezahlen von im Krankenhaus erworbenen MRSA in den letzten Jahren auch durch die Coronavirus Disease 2019-(COVID-19-)Pandemie bedingt sind (z. B. weniger operative Eingriffe und entsprechend weniger nosokomiale Infektionen), kann hier nur vermutet werden.

Alle *S. aureus*-Isolate aus Blutstrominfektionen wurden routinemäßig als Bestandteil einer genomischen Erregersurveillance mittels Ganzgenomsequenzierungen analysiert. Dabei handelte es sich 2021/2022 um 270 Isolate, die Hälfte davon waren MRSA.

Tab. 1 fasst die durchgeführten Typisierungen sowie die phänotypischen und genotypischen Nachweise von Antibiotikaresistenz- und Virulenzdeterminanten für Staphylokokken zusammen. Ganzgenomsequenzierungen wurden zusätzlich in ausgewählten Fällen für die Speziesidentifizierung und zur Erhöhung der Auflösung in vermuteten Ausbruchsgeschehen eingesetzt.

## Auftreten epidemischer MRSA in Krankenhäusern in Deutschland

Krankenhausassoziierte MRSA (healthcare associated MRSA; HA-MRSA) treten epidemisch bzw. mitunter endemisch auf und gehören molekularbiologisch bestimmten klonalen Linien an. Benannt wurden diese Epidemiestämme ursprünglich nach der geografischen Region ihres ersten Auftretens, ihre Zuweisung erfolgt primär auf der Basis des nachgewiesenen *spa*-Typs und des abgeleiteten klonalen Typs bzw. Komplexes sowie weiterer Informationen (klinische, epidemiologische, mikrobiologische). Die vorherrschenden epidemischen MRSA in deutschen Krankenhäusern sind Isolate der klonalen Komplexe CC5 und CC22. Stämme dieser klonalen Komplexe treten in Krankenhäusern im gesamten Bundesgebiet auf und können in vielen Regionen als endemisch eingestuft werden. Diese Verteilung spiegelt sich auch in den Daten der genomischen Surveillance anhand von Blutkulturisolaten wider (siehe Kapitel „Genomische Surveillance von MRSA und Methicillin-sensible *S. aureus* (MSSA) aus Blutkulturen in den Jahren 2021/22“).

Das gehäufte Auftreten eines endemisch verbreiteten MRSA muss somit nicht zwangsläufig auf ein Cluster (Ausbruch) hinweisen. Die genaue Bewertung erfordert weitere Analysen, wie z. B. hochauflösende Typisierverfahren (Next Generation Sequencing; NGS) sowie eine detaillierte epidemiolo-

	2021	2022
Anzahl aller bearbeiteten Isolate	2.413	2.376
davon Routineeinsendungen (außerhalb gezielter Studien)	2.080	1.992
davon Einsendungen im Rahmen von Studien/Projekten	333	384
<b>Anzahl der durchgeführten Untersuchungen</b>		
<i>spa</i> -Typisierung	1.944	2.122
Resistenzbestimmung	2.413	2.376
Toxinbildung (Latexagglutinationstests TSST bzw. SEA, B, C, D)	515	376
Multiplex-PCR für CA-MRSA-Marker	618	662
PCR für Virulenz-/Toxingene	60	109
PCR für <i>mecA</i> und weitere Resistenzgene	2.964	2.743
SCC <i>mec</i> -Typisierung (PCR-basiert)	3	3
NGS-Sequenzierung Routineeinsendungen	322	286

**Tab. 1** | Übersicht zur Struktur der Staphylokokken-Einsendungen und durchgeführten Untersuchungen in den Jahren 2021/2022  
*spa*-Typisierung: Typisierung des *Staphylococcus aureus*-Protein-A-Gens; TSST: Toxic-Shock-Syndrom-Toxin; SEA, B, C, D: Staphylokokken-Enterotoxin A, B, C, D; CA-MRSA: community acquired MRSA; NGS: Next Generation Sequencing

gische Anamnese. NGS-Analysen wurden 2019 in das akkreditierte Leistungsangebot des NRZ aufgenommen, werden dort aber nach wie vor nur für ausgewählte Fragestellungen eingesetzt.

Der überwiegende Anteil von MRSA-Einsendungen mit Angabe klinischer Indikationen 2021/2022 stammte aus Wundinfektionen (28 %), gefolgt von Septikämien (27 %), Abszessen (23 %) und Pneumonien (3 %). Die Isolate wurden in 30 % der Fälle dem klonalen Komplex 22 (fast ausschließlich Sequenztyp [ST] 22) zugeordnet, 14 % der MRSA gehörten dem klonalen Komplex 5 (vor allem ST225) an. Diese Zahlen spiegeln somit ebenfalls das Vorherrschen von MRSA dieser beiden klonalen Komplexe in deutschen Krankenhäusern wider (s. Tab. 2).

## Trends in der Resistenzentwicklung

### Resistenz von MRSA gegen weitere Antibiotika bei stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten

Tabelle 3 fasst die Resistenzhäufigkeiten gegen Indikatorsubstanzen verschiedener Antibiotikagruppen zusätzlich zur Resistenz gegen  $\beta$ -Laktamantibiotika bei MRSA aus nosokomialen Infektionen zusammen. Dabei ist bei der Interpretation der Resistenzdaten zu beachten, dass sich die Anzahl der in die Statistik einbezogenen MRSA von stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten über die Jahre verringert hat (2016: n=2.501; 2019: n=1.354; 2022: n=753).

Art der Infektion	Häufiger klonaler Komplex (2021/2022 [n])							andere
	Gesamt	CC5	CC8	CC22	CC45	CC398	CC130	
Abszess (allgemein)	51	6	10	6	1	1	0	27
Bakteriämie, Sepsis	105	22	4	43	5	4	0	27
Dekubitus	7	2	0	3	0	0	0	2
Harnwegsinfektion	11	2	0	3	0	0	1	5
Hautabszess	36	7	4	2	0	2	0	21
Osteomyelitis	7	0	2	1	0	0	0	4
Pneumonie (Beatmung)	13	1	2	5	0	1	0	4
Ulcus cruris	7	2	0	4	0	0	1	0
Wundinfektion	108	7	13	38	1	3	4	42
Sonstige	41	4	4	10	1	2	0	18
Summe (n)	386	53	39	115	8	13	6	150

Tab. 2 | Spektren der klonalen MRSA-Linien bei klinischen Manifestationen von Krankenhauspatientinnen und -patienten 2021/2022 (soweit vom Einsendenden übermittelt) (CC klonaler Komplex)

Antibiotikum	2017 (%)	2018 (%)	2019 (%)	2020 (%)	2021 (%)	2022 (%)
Ciprofloxacin*	72,80	68,81	58,86	57,44	49,36	48,47
Moxifloxacin	68,01	67,82	58,20	56,44	47,81	47,14
Erythromycin	49,34	46,76	45,94	40,67	37,11	40,11
Clindamycin	37,58	33,72	30,58	27,67	20,23	18,86
Gentamicin	5,78	9,88	9,82	9,98	11,21	9,96
Tetracyclin	15,07	13,90	16,47	16,00	15,59	20,05
Fusidinsäure-Natrium	5,55	7,66	6,06	8,67	6,83	11,55

Tab. 3 | Resistenzen gegen weitere Antibiotika (zusätzlich zur Resistenz gegen  $\beta$ -Laktamantibiotika) bei MRSA von stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten 2017–2022 (außer Aufnahmescreening [soweit vom Einsendenden übermittelt]). Für folgende Antibiotika lagen die Resistenzraten unter 5 %, weshalb sie in der Tabelle nicht abgebildet sind: Rifampicin, Cotrimoxazol, Fosfomycin, Linezolid, Tigecyclin, Daptomycin, Mupirocin, Vancomycin, Teicoplanin.

\* Der nach der European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) ausgewiesene sensible Bereich ( $\leq 0,001 \mu\text{g/ml}$ ) für Ciprofloxacin wird in dem von uns verwendeten Panel der Mikrodilution nicht abgedeckt.

Die in den letzten Jahren gesunkenen Resistenzraten für Ciprofloxacin und Moxifloxacin verblieben 2022 auf einem ähnlichen Niveau wie 2021. Während der Anteil Clindamycin- und Gentamicin-resistenter MRSA bei stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten 2022 sank, sind für Tetracyclin und Erythromycin entgegen dem Trend der letzten Jahre steigende Resistenzraten zu verzeichnen. Bei zwei Drittel der Tetracyclin-resistenten MRSA handelt es sich um Stämme der klonalen Linien CC398 und CC1 (*lukPV*-negativ), zum Teil sind diese Stämme auch resistent gegenüber Erythromycin. 11,55 % der MRSA waren 2022 Fusidinsäure-resistent, dabei handelt es sich um Isolate verschiedener klonaler Linien. Für Rifampicin, Cotrimoxazol, Fosfomycin, Linezolid, Tigecyclin, Daptomycin, Mupirocin, Vancomycin und Teicoplanin lagen die Resistenzraten 2021/2022 unter 5%. Im Jahr 2021 erwies sich ein MRSA-Blutkulturisolat als resistent gegenüber Vancomycin und ein weiterer MRSA, gewonnen aus einer Biopsie bei Osteomyelitis, zeigte sich resistent gegenüber Teicoplanin (beide jeweils negativ für *vanA* und *vanB*).

### Ausgewählte Beispiele der Resistenzentwicklung bei *S. aureus*

**Untersuchungen zur Linezolid-Resistenz:** Während das NRZ in den letzten Jahren verstärkt Linezolid-resistente *S. epidermidis* zur Verifizierung erhielt, blieben Linezolid-resistente *S. aureus* selten. In den Jahren 2021 und 2022 konnten wir für sieben *S. aureus*-Stämme eine Resistenz gegenüber Linezolid bestätigen. Dabei handelte es sich um drei MRSA (CC398 und CC22) bei stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten, einen MRSA aus dem ambulanten Bereich und drei MSSA. Drei der MRSA waren *cfi*-positiv, bei einem MRSA und zwei der MSSA basierte die Linezolid-Resistenz auf Mutationen in der 23S rRNA. Für einen MSSA, welcher wie alle anderen hier beschriebenen Stämme ebenfalls negativ für die Resistenzgene *poxtA* und *optrA* war, konnte keiner dieser Mechanismen als Ursache der Linezolid-Resistenz nachgewiesen werden.

**Untersuchungen zur Daptomycin-Resistenz:** Für 208 *S. aureus*-Isolate konnte 2021/2022 eine Daptomycin-Resistenz nachgewiesen werden. Dabei waren die Stämme meist Methicillin-sensibel und

repräsentierten verschiedene klonale Linien. In einer gemeinsamen Studie mit der Universität Köln zeigte sich, dass das gehäufte Auftreten Daptomycin-resistenter *S. aureus* (MRSA und MSSA) auf verschiedenen chirurgischen Abteilungen mit dem therapeutischen Gebrauch von Antiseptika – insbesondere Polyhexanid – in der Wundversorgung assoziiert war. In *in vitro*-Selektionsversuchen konnten wir darüber hinaus demonstrieren, dass klinische *S. aureus*-Isolate unter Polyhexanid-Einfluss erhöhte minimale Hemmkonzentrationswerte (MHK-Werte) für Daptomycin entwickelten.<sup>6</sup>

**Untersuchungen zur Tigecyclin-Resistenz:** Eine Tigecyclin-Resistenz wurde bei zwei MRSA-Isolaten von stationär aufgenommenen Patientinnen und Patienten und vier weiteren MSSA verschiedener klonaler Linien bestätigt.

***mecC*-positive MRSA:** 2021/2022 konnten wir in 101 Stämmen die genetische Determinante für das *mecC*-Gen nachweisen. Die meisten MRSA mit diesem alternativen *mec*-Gen wurden dem klonalen Komplex CC130 zugeordnet.

**Untersuchungen zu alternativen Mechanismen der  $\beta$ -Laktamresistenz:** Auch in den Jahren 2021/2022 wurden vermehrt *mec*-negative,  $\beta$ -Laktam-resistente *S. aureus* (Cefoxitin- und Oxacillin-resistent) an das NRZ eingeschickt („Methicillin-resistant lacking *mec*“, MRLM<sup>7</sup>). Nachdem wir in früheren Arbeiten Mutationen im Phosphodiesterase-Gen *gdpP* als verbreitete Ursache für den Resistenzphänotyp identifizieren konnten, zielen weitere Untersuchungen im Rahmen von Forschungsprojekten darauf ab, die Ursachen für die Selektion solcher Isolate aufzuklären.

### Ausgewählte Beispiele der Resistenzentwicklung bei Koagulase-negativen Staphylokokken

Wie auch in den vorherigen Jahren erhielten wir 2021/2022 verstärkt Koagulase-negative Staphylokokken (KNS) aus verschiedenen medizinischen Einrichtungen zur Überprüfung der Resistenz bezüglich Linezolid und Daptomycin. Für 632 Stämme (605 *S. epidermidis*, 21 *S. hominis*, fünf *S. haemolyticus* und ein *S. caprae*-Isolat) konnten wir eine Linezolid-Resistenz mit der im NRZ als Referenzmethode verwendeten Mikrodilution bestätigen. In

ca. 50 % der Fälle handelte es sich dabei um multi-resistente Blutkulturisolate. Die plasmidgebundene Resistenzdeterminante *cfr* wurde bei 12 *S. epidermidis* nachgewiesen. Neben der übertragbaren *cfr*-kodierten Linezolid-Resistenz können auch Mutationen in den ribosomalen Proteinen der Bakterien diesen Resistenzphänotyp bedingen.

Für 37 KNS wurde eine Daptomycin-Resistenz bestätigt (zehn *S. epidermidis*, 17 *S. capitis*, sechs *S. pettenkoferi*, je ein Isolat *S. sciuri* *S. haemolyticus*, *S. kloosii* und *S. warneri*).

### Auftreten und Verbreitung von Community-assoziierten MRSA in Deutschland

Community-assoziierte MRSA (CA-MRSA) treten vor allem bei Patientinnen und Patienten im ambulanten Bereich und unabhängig von den mit HA-

MRSA-verbundenen Risikofaktoren auf. Bei Infektionen mit CA-MRSA handelt es sich meistens um lokal begrenzte Haut- und Weichgewebeeinfektionen (Abszesse, Furunkel). Lebensbedrohliche Krankheitsbilder wie nekrotisierende Pneumonie oder nekrotisierende Fasziiitis treten selten auf, sind aber mit einer hohen Letalität verbunden. Viele CA-MRSA tragen Gene, die für das sog. Panton-Valentine-Leukozidin (*lukPV*) kodieren. Die durch CA-MRSA verursachte Krankheitslast ist weltweit sehr unterschiedlich, wobei systematische Daten kaum erhoben und Studien in vielen Ländern (inkl. Deutschland) und Regionen der Welt nur begrenzt durchgeführt werden.

In den Jahren 2021/2022 stammten die im NRZ detektierten CA-MRSA vornehmlich aus Abszessen, Furunkulosen und Wundinfektionen; Isolate aus Septikämien waren selten (s. Tab. 4). Das Durchschnittsalter der Patientinnen und Patienten betrug

klonale Linie	Isolate (n) (davon <i>lukPV</i> +) )		Infektion				Herkunft bzw. Reiseanamnese (soweit bekannt)
			Abszess, Furunkel	Bakteriämie, Sepsis	Wundinfektion	andere*	
CC1	21	(14)	9	6	6	0	Syrien
CC121	2	(1)	1	0	0	1	
CC22	20	(7)	7	5	2	6	
CC30	12	(9)	6	1	2	3	
CC398	6	(5)	4	0	1	1	
CC5	16	(10)	10	0	1	5	
CC8	44	(36)	24	1	14	5	Kuba, Panama
CC80	7	(6)	4	2	0	1	
CC88	7	(7)	6	0	1	0	
ST152	13	(12)	8	0	5	0	
ST59	5	(3)	2	1	1	1	USA
ST6	13	(1)	5	3	2	3	
ST72	4	(1)	1	2	0	1	
ST772	6	(6)	2	0	2	2	
ST97	1	(1)	1	0	0	0	
n. z.	20	(14)	13	1	3	3	Ägypten
Summe (n)	197	(133)	103	22	40	32	

**Tab. 4** | Häufigkeit der im Rahmen von Infektionen nachgewiesenen klonalen Linien von Community-assoziierten MRSA (CA-MRSA) in den Jahren 2021/2022 (Daten zu Infektionen sind aufgeführt, soweit vom Einsendenden übermittelt)

Die Einschätzung CA-MRSA resultiert aus verfügbaren klinisch-epidemiologischen Informationen (ambulante Infektionen, kein zurückliegender Krankenhauskontakt in Deutschland etc.), interpretiert unter Berücksichtigung ermittelter mikrobiologischer und molekularer Daten der eingesandten Isolate (klonale Linien, *lukPV*-Nachweis). Dabei lässt sich auch aufgrund des Mangels einer international verlässlichen Definition für CA-MRSA eine gewisse Unsicherheit in der Interpretation – selbst unter Berücksichtigung aller verfügbaren Daten – nicht völlig ausschließen.

n. z. = ein Sequenztyp kann nicht abgeleitet werden; \* Pneumonie, Harnwegsinfektion, Gelenkersatz/Osteosynthese, Impetigo, Phlegmone, Toxic Shock Syndrome, Ulcus cruris, Endokarditis, Dekubitus

34 Jahre. Soweit vom Einsendenden übermittelt, wurden 31 % der Stämme im ambulanten Bereich, 21 % in der Chirurgie und 17 % in der Pädiatrie isoliert. Die detektierten CA-MRSA werden verschiedenen klonalen Linien zugeordnet (s. Tab. 4). Wir sehen für 2021/2022 in unseren Daten keine signifikante Zunahme oder eine Verbreitung bestimmter CA-MRSA-Klone in Deutschland. Wie auch in den Vorjahren wird der sog. europäische, PVL-positive CA-MRSA ST80 („European Clone“) selten detektiert, während bisher eher vereinzelt auftretende klonale Linien von CA-MRSA (mit einem Ursprung in anderen Weltregionen) nun regelmäßig identifiziert wurden.

Sachsen ist das einzige Bundesland, in dem eine Meldung von PVL-positiven MRSA gesetzlich verpflichtend ist. Das NRZ untersuchte in einem Gemeinschaftsprojekt mit Kolleginnen am Gesundheitsamt der Stadt Leipzig klinisch-epidemiologisch und mikrobiologisch Fälle von 2019 (n=58) und publizierte die Ergebnisse.<sup>8</sup> Diese demonstrieren die Relevanz von Haushaltskontakten für die Übertragung von CA-MRSA-Isolaten sowie deren Diversität in der Bevölkerung. Im Jahr 2022 veröffentlichten wir darüber hinaus eine Studie in Zusammenarbeit mit Kolleginnen aus dem Varisano Klinikum Frankfurt Höchst zur detaillierten Charakterisierung von MRSA aus Community-Onset-Infektionen und MRSA-Aufnahmescreening von Kindern.<sup>9</sup> Bei den Infektionen handelte es sich in den meisten Fällen um Haut- und Weichgewebeeinfektionen verursacht durch PVL-positive CA-MRSA.

Die vorliegenden und verfügbaren Daten lassen vermuten, dass die Prävalenz von CA-MRSA in Deutschland insgesamt als niedrig eingeschätzt werden kann. Sie zeigen aber auch die Bedeutung dieser Stämme als Ursache von Haut- und Weichgewebeeinfektionen. PVL-positive *S. aureus* (nicht nur MRSA) führen häufiger zu rezidivierenden Infektionen als PVL-negative *S. aureus*, was eine erhebliche Auswirkung auf die Lebensqualität und die psychische Gesundheit der Betroffenen und ihr Umfeld haben kann.<sup>10</sup> Es ist wichtig, insbesondere in der Primärversorgung über dieses Krankheitsbild zu informieren, um eine frühzeitige Diagnose und eine adäquate Behandlung zu gewährleisten.

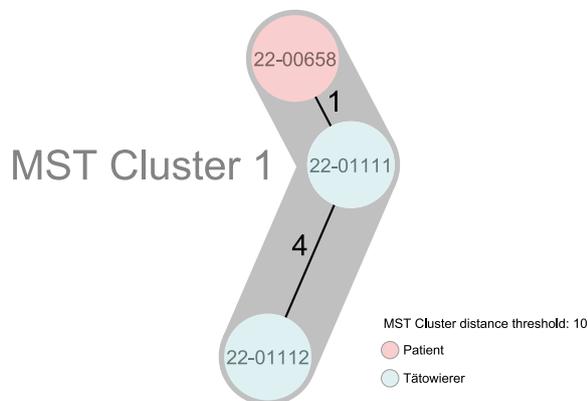
## Auftreten und Verbreitung von Livestock-assoziierten MRSA in Deutschland

Livestock-assoziierte MRSA (LA-MRSA) der klonalen Linie CC398 treten bevorzugt als nasale Besiedler und Infektionserreger bei Menschen in Regionen mit hoher Nutztierdichte auf, was im Rahmen der Einsendungen an das NRZ bestätigt werden kann. Diese Stämme verursachen meist Haut- und Weichgewebeeinfektionen, werden aber darüber hinaus auch bei anderen Krankheitsbildern nachgewiesen (Sepsis, Pneumonie, Wundinfektionen sowie Infektionen nach Gelenkersatz). Unter allen eingesandten MRSA aus dem gesamten Bundesgebiet betrug der Anteil von CC398 im Jahr 2021 6,8 % und 2022 6,35 %. Der Anteil von MRSA CC398 an verschiedenen Infektionen bei Krankenhauspatientinnen und -patienten lag bei 2,7 % im Jahr 2021 und 4,15 % im Jahr 2022. Infektionsketten mit LA-MRSA CC398 in Krankenhäusern wurden im Rahmen der NRZ-Arbeit nicht detektiert. Seit einigen Jahren weisen wir gelegentlich *lukPV*-positive CA-MRSA CC398 nach. Dabei handelt es sich um an den Menschen angepasste Stämme, die sich ursprünglich aus Methicillin-sensiblen Vorläufern entwickelt haben.<sup>11</sup>

## Untersuchungen im Rahmen von Ausbruchsgeschehen und der Überwachung von Ausbruchsgefahren

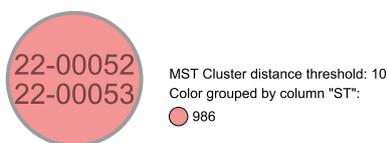
Das NRZ unterstützt neben den einsendenden Laboren der Krankenhäuser und ambulanten Praxen auch direkt die Institutionen des öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) auf Landes- und Landkreisebene sowie die diagnostischen Einrichtungen der Bundeswehr bei der Aufklärung von (nosokomialen) Infektionsketten. Dabei handelte es sich 2021/2022 sowohl um klassische HA-MRSA als auch um CA-MRSA, MSSA und Linezolid-resistente *S. epidermidis* (LRSE), bei denen ein epidemiologischer Zusammenhang vermutet wurde. Der überwiegende Teil der Isolate, die wir im Rahmen von Ausbruchsgeschehen untersuchen, wird ergänzend zur Routinediagnostik des NRZ einer Ganzgenomsequenzierung unterzogen und die resultierenden NGS-Daten werden in die Berichterstattung mit einbezogen. Exemplarisch werden im Folgenden einige Beispiele dargestellt.

**MSSA, toxisches Schock-Syndrom (TSS):** Wir unterstützten die Staatsanwaltschaft im Hinblick auf einen Übertragungsverdacht. Ein Patient erkrankte kurz nach dem Stechen eines Tattoos an einer fulminanten Sepsis und verstarb an einem TSS. Bei dem aus der Blutkultur isolierten Stamm handelte es sich um einen *S. aureus*. Aufgrund gerichtlicher Anordnung wurden dem Tätowierer Nasen- und Rachenabstriche entnommen und die daraus isolierten *S. aureus* mit dem vorliegenden Patientenisolat verglichen. Die untersuchten Isolate unterschieden sich in der cgMLST vom jeweils nächstverwandten Isolat in ein bis vier der 1.825 untersuchten genomischen Loci und bildeten damit ein einzelnes Cluster (s. Abb. 1). Ein Zusammenhang zwischen allen drei Isolaten war somit als sehr wahrscheinlich anzusehen. In den Genomsequenzen aller Isolate des Clusters konnten die genetische Determinante für die Bildung des TTS-Toxins *tst* sowie die Toxingene *seg*, *sei*, *sem*, *sen* und *seo* des *S. aureus*



**Abb. 1** | cgMLST-Analyse für drei Isolate basierend auf 1.825 Genen des *S. aureus*-Kerngenoms, dargestellt als Minimum Spanning Tree (MST)

## MST Cluster 1



**Abb. 2** | MST (Minimum Spanning Tree) für zwei Isolate basierend auf 2.058 Genen des *S. epidermidis*-Kerngenoms und akzessorischen Genoms

*egc*-Clusters (enterotoxin gene cluster) detektiert werden. Die Expression von *tst* wurde im Latex-Agglutinationstest durch die Detektion des TTS-Toxins (TSST-1) verifiziert.

***S. epidermidis*, Hämatologie:** Wir erhielten zwei Methicillin-sensible *S. epidermidis*-Isolate zur Aufklärung eines epidemiologischen Zusammenhangs. Dabei handelte es sich um ein Blutkulturisolat eines Patienten mit Sepsis, dem vor diesem Geschehen ein Thrombozytenkonzentrat transfundiert wurde. Aus der Sterilkontrolle dieser Konserve wurde ebenfalls ein *S. epidermidis* isoliert. Mit Hilfe eines *ad hoc* cgMLST-Schemas und unter Einbeziehung des sog. akzessorischen Genoms wurden die Genome der Isolate verglichen. [Abbildung 2](#) zeigt die sich hieraus ergebende Verwandtschaft der Isolate zueinander. Der Kreis symbolisiert in diesem Fall zwei Isolate, die auf der Basis der 2.058 Loci identisch sind und dem Sequenztyp ST986 angehören. Damit gehören sie zu einem Cluster. Im vorliegenden Fall waren die beiden Isolate auf der Basis der durchgeführten Analysen nicht unterscheidbar, was auf eine sehr enge Verwandtschaft und damit auf einen gemeinsamen Ursprung hindeutete.

**MRSA, Chirurgie:** In Zusammenarbeit mit den zuständigen Mikrobiologen und Hygienefachkräften untersuchten wir ein Ausbruchsgeschehen auf einer chirurgischen Station. Von November 2019 bis März 2021 erhielten wir hier insgesamt 18 MRSA (alle *spa*-Typ t127, CC1, *lukPV*-negativ, s. [Tab. 5](#)), welche von Patientinnen und Patienten, Personal und Umgebungsuntersuchungen isoliert wurden.

Dreizehn der 18 Isolate bildeten ein Cluster, innerhalb dessen sich sowohl Patienten- und Patientinnen-Isolate als auch Isolate von Personal und OP-Umgebungsuntersuchungen befanden (s. [Abb. 3A](#)). Das Vorkommen von Übertragungseignissen zwischen diesen verschiedenen Nischen schien daher wahrscheinlich.

Einzelne Isolate außerhalb des Clusters unterschieden sich von den jeweils nächstverwandten Isolaten des Clusters in nur wenig mehr als zehn genomischen Loci (13 bzw. 14). Es erscheint naheliegend, dass auch diese zu einem über längere Zeit andauernden Ausbruchsgeschehen gehören. Vermutlich

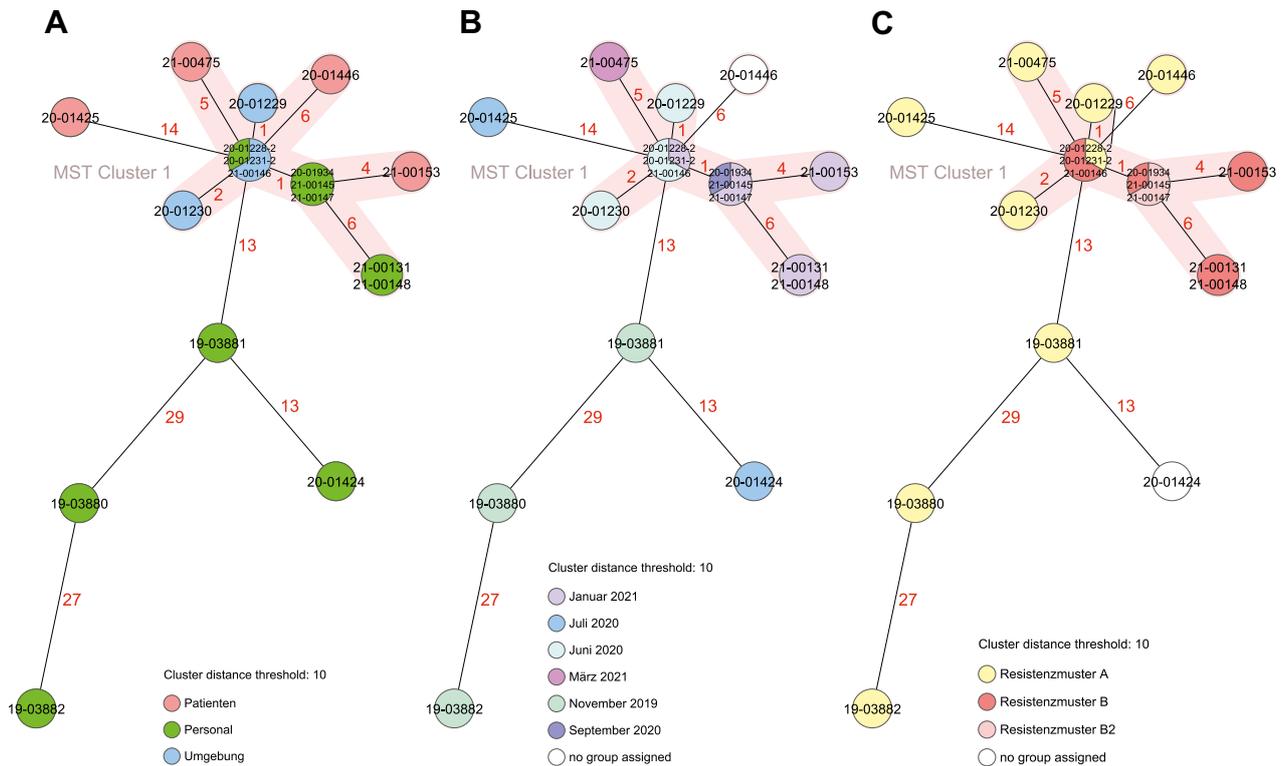
Herkunft	Resistenz-Phänotyp	Resistenz-Genotyp	spa-Typ	klonaler Komplex	cgMLST CT	Cluster
Patient	BEN, OXA, ERY, CLI, TET, MUP, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Patientin	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	kein
Patientin	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Patientin	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	2625	kein
Personal	BEN, OXA, ERY, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	2625	kein
Personal	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	2625	kein
Personal	BEN, OXA, ERY, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, ermC</i>	t127	CC1	23243	kein
Personal	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Personal	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Umgebung	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Umgebung	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Umgebung	BEN, OXA, ERY, TET, CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, aadE, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1
Umgebung	BEN, OXA, ERY, <b>CLI</b> , TET, <b>MUP</b> , CXI, OxaSu	<i>mecA, blaZ, aphA3, <b>aadD</b>, aadE, ileS, qacA/C, vgaA, ermC, (tetK)</i>	t127	CC1	23243	1

Tab. 5 | 18 MRSA von einer chirurgischen Station, phänotypische und genotypische Charakteristika

fanden erste Übertragungsereignisse schon in der länger zurückliegenden Vergangenheit statt, so dass die übertragenen Isolate sich individuell weiterentwickeln konnten, was in einer größeren genetischen Distanz vom aktuellen „Ausbruchskluster“ resultierte. Ein solches Szenario erschien auch anhand der Isolationsdaten plausibel (s. Abb. 3B).

Die vorliegenden Isolate wiesen in Teilen leicht unterschiedliche phänotypische Resistenzmuster auf (s. Tab. 5). Besonders auffällig war hierbei die Resistenz gegenüber Mupirocin, die nur in einem Teil der Isolate nachgewiesen werden konnte. Diese Resistenzeigenschaft wird durch das Gen *ileS* vermit-

telt, das nur in resistenten Isolaten auftritt. Neben *ileS* wiesen die Mupirocin-resistenten Isolate auch die Gene *aadD* (Kanamycin/Neomycin), *qacA/C* (Desinfektionsmittel) sowie (teilweise) *vgaA* auf, was sie von den Mupirocin-sensiblen Isolaten unterschied (s. Tab. 5, Abb. 3C). Die Genomdaten legen nahe, dass sich diese Gene gemeinsam auf einem mobilen genetischen Element befinden, welches im Rahmen des Ausbruchsgeschehens erst kürzlich erworben wurde. Ähnliche Entwicklungen sind als Konsequenz aus dem kontinuierlichen Einsatz entsprechender Antibiotika im Rahmen eines Selektionsprozesses in der Literatur beschrieben und auch hier naheliegend.



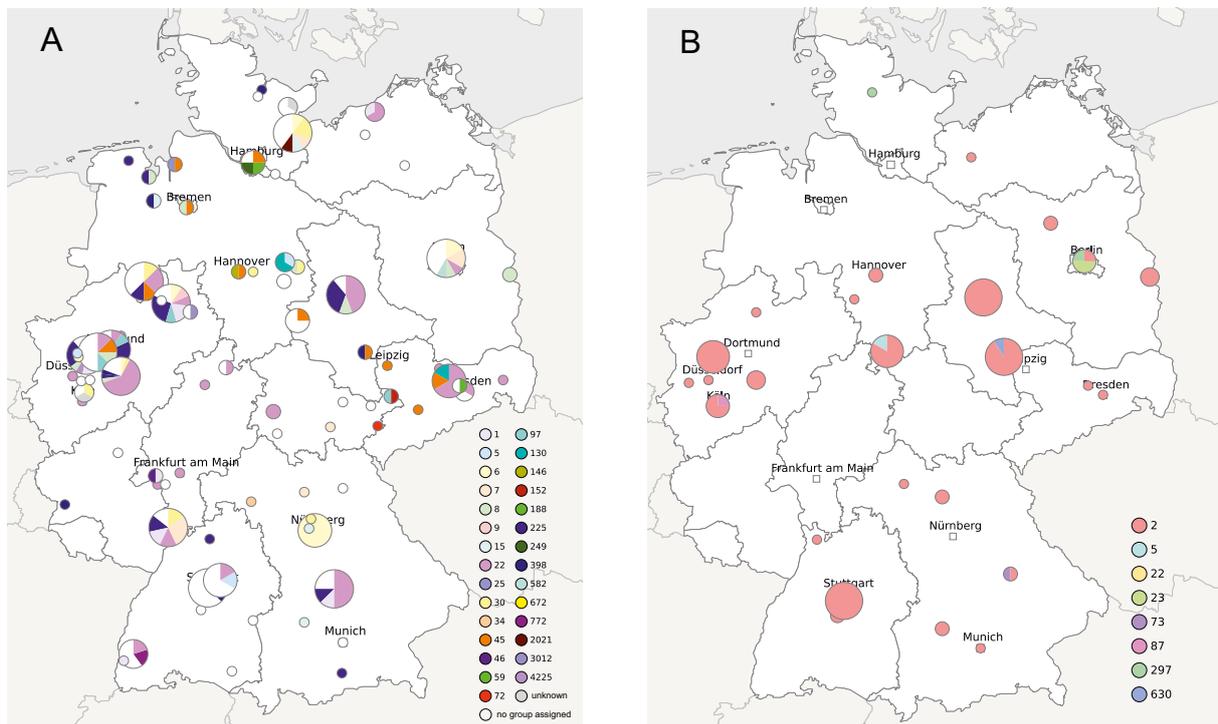
**Abb. 3** | cgMLST-Analyse für 18 Isolate basierend auf 1.822 Genen des *S. aureus*-Kerngenoms, dargestellt als Minimum Spanning Tree, **(A)** nach Herkunft, **(B)** nach Isolationszeitpunkt, **(C)** nach Resistenzphänotyp (Resistenzmuster A: *mecA*, *blaZ*, *aphA3*, *aadE*, *ermC*, [*tetK*]; Resistenzmuster B: *mecA*, *blaZ*, *aphA3*, *aadD*, *aadE*, *ileS*, *qacA/C*, *vgaA*, *ermC*, [*tetK*]; Resistenzmuster B2: *mecA*, *blaZ*, *aphA3*, *aadD*, *aadE*, *ileS*, *qacA/C*, *ermC*, [*tetK*])

Zusammenfassend deuteten die vorliegenden Daten daraufhin, dass innerhalb des Hauses eine bereits seit längerem bestehende Quelle des Ausbruchsstamms existierte, von der aus sich dieser über längere Zeit verbreiten konnte. Unmittelbar vor Ausbruchsdetektion muss es dann verstärkt zu Transmissionsereignissen gekommen sein, so dass das Infektionskontrollsystem des Hauses erfolgreich in Gang gesetzt wurde.

### Genomische Surveillance von MRSA und MSSA aus Blutkulturen in den Jahren 2021/2022

In den Jahren 2021 und 2022 wurden 270 *S. aureus*- und 84 *S. epidermidis*-Isolate aus Blutkulturen der Genomsequenzierung unterzogen. Dabei handelte es sich vorwiegend um Methicillin-resistente Isolate (MRSA, n=176; MRSE, n=81.)

Abbildung 4 gibt die bundesweite Verteilung der Isolate sowie deren Zugehörigkeit zu verschiedenen klonalen Linien wieder. Dabei fällt auf, dass die untersuchten *S. aureus* einem sehr breiten Spektrum verschiedener klonaler Linien angehören. Betrachtet man nur die MRSA (Daten nicht gezeigt), so handelt es sich im Wesentlichen um die bereits in Tabelle 2 beschriebenen krankenhausassoziierten klonalen Komplexe. Bei *S. epidermidis* erreichen wir eine deutlich geringere geografische Abdeckung. Dennoch fällt auf, dass der überwiegende Teil der eingesandten Isolate wenigen multiresistenten krankenhausadaptierten Linien, insbesondere dem Sequenztyp ST2 angehört.<sup>12</sup> Dies kann bei genom-basierten Untersuchungen im Rahmen der Aufklärung möglicher epidemiologischer Zusammenhänge in einzelnen Fällen zu Interpretationsschwierigkeiten führen, weshalb die Einbeziehung epidemiologischer Metadaten in die Ausbruchsanalysen essenziell ist.



**Abb. 4 |** Genomische Surveillance von (A) MRSA und MSSA und (B) *S. epidermidis* aus Blutkulturen. Geografische und klonale Verteilung. Farbkodierung entsprechend des Multi Lokus Sequenztyps (MLST, <https://pubmlst.org/organisms/staphylococcus-aureus> bzw. <https://pubmlst.org/organisms/staphylococcus-epidermidis>)

## *S. aureus* mit speziellen Virulenzeigenschaften

**Einsendungen im Zusammenhang mit der klinischen Diagnose TSS:** In den Jahren 2021/2022 erhielt das NRZ 34 Einsendungen im Zusammenhang mit der klinischen Diagnose TSS, in drei Fällen mit letalem Verlauf. In einem dieser Fälle war die Patientin bereits hirntot, ihre Organe sollten zur Spende freigegeben werden. In einem weiteren Fall verstarb der Patient an einem TSS nach Tätowierung mit fulminanter Sepsis. In 21 Fällen konnte die Bildung des TSS-Toxins nachgewiesen werden, häufig in Kombination mit dem Enterotoxin SEA. Fünf Stämme, die im Rahmen eines TSS nachgewiesen wurden, bildeten kein TSS-Toxin. In diesem Fall wurde das Enterotoxin SEB oder SEC nachgewiesen. SEB- bzw. SEC-positive Isolate können ebenfalls TSS-ähnliche Erkrankungsverläufe auslösen.

**Einsendungen im Zusammenhang mit Exfoliativ-positiven Isolaten:** Oberflächliche Haut- und Weichteil-Infektionen, wie exfoliative Dermatitis oder das Staphylococcal Scalded Skin Syndrome (SSSS), sind oft ursächlich mit Exfoliativ-Toxin-positiven

*S. aureus* assoziiert. In den Jahren 2021/2022 wurden in 37 Fällen *S. aureus* nachgewiesen, in denen die genetischen Determinanten für die Bildung der exfoliativen Toxine A und/oder B (*eta*, *etb*) detektiert wurden. Die *S. aureus*-Isolate waren alle Methicillin-sensibel und gehörten zum großen Teil den klonalen Komplexen CC121 bzw. CC15 an. Erkrankungen traten vor allem bei Säuglingen und Kleinkindern auf, Erwachsene waren seltener betroffen. In den Niederlanden werden aktuell in der Bevölkerung Ausbrüche mit einem *eta*- und *etb*-positiven, Mupirocin- und Fusidinsäure-resistenten MRSA der klonalen Linie 121 beschrieben.<sup>13</sup> Stämme mit diesen Charakteristika konnten wir im Rahmen der Einsendungen an das NRZ (noch) nicht nachweisen.

## Fazit und Ausblick

Der rückläufige Trend des Anteils von MRSA an *S. aureus*-Infektionen setzt sich 2021/2022 fort. In Krankenhäusern sind MRSA-Epidemiestämme der klonalen Komplexe CC5 und CC22 vorherrschend. Diese MRSA weisen ein zunehmend schmales Resistenzspektrum auf, bestimmte Ko-Resistenzen

(Fluorchinolone, Makrolide) werden weniger häufig detektiert. Verglichen mit den Vorjahren stieg der Anteil Tetracyclin-resistenter MRSA im Jahr 2022 leicht an. Etwa zwei Drittel dieser Stämme sind dem Livestock-assoziierten klonalen Komplex CC398 zuzuordnen. Tetracyclin-Resistenz ist somit als diagnostischer Marker für LA-MRSA nur unter Vorbehalt zu verwenden. Wir sehen aktuell in unseren Daten keine signifikante Zunahme oder Verbreitung

bestimmter CA-MRSA-Klone in Deutschland. Auffällig ist aber das weiterhin sehr diverse Bild des Nachweises vieler klonaler Linien bei CA-MRSA. Besondere Aufmerksamkeit liegt im NRZ auf der Erfassung und Charakterisierung noch seltener Resistenzen gegen Reserveantibiotika, sowohl bei *S. aureus* als auch bei KNS, da diese in klassischen Surveillanceuntersuchungen nicht bzw. erst zeitlich versetzt auffällig werden.

## Literatur

- 1 Robert Koch-Institut: ARS. <https://ars.rki.de>. Datenstand: 04.10.2023 Datum der Abfrage: 06.10.2023.
- 2 Walter J, Noll I, Feig M, Weiss B, Claus H, Werner G, Eckmanns T, Hermes J, Abu Sin M. 2017. Decline in the proportion of methicillin resistance among *Staphylococcus aureus* isolates from non-invasive samples and in outpatient settings, and changes in the co-resistance profiles: an analysis of data collected within the Antimicrobial Resistance Surveillance Network, Germany 2010 to 2015. *BMC Infect Dis* 17:169.
- 3 Rodenbeck M, Ayobami O, Eckmanns T, Pletz MW, Bleidorn J, Markwart R. 2023. Clinical epidemiology and case fatality due to antimicrobial resistance in Germany: a systematic review and meta-analysis, 1 January 2010 to 31 December 2021. *Euro Surveill* 28.
- 4 European Centre for Disease Prevention and Control and World Health Organization. Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2023–2021 data. Stockholm. 2023.
- 5 Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum 05.10.2023.
- 6 Wendel AF, Otchwemah R, Layer-Nicolaou F, Mattner F, Tellez-Castillo CJ, Skov R, Oberlander H, Werner G, Strommenger B. 2023. Investigating a possible link between antiseptic treatment and the increased occurrence of daptomycin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Clin Microbiol Infect* doi:10.1016/j.cmi.2023.06.007.
- 7 Sommer A, Fuchs S, Layer F, Schaudinn C, Weber RE, Hugues R, Erdmann MB, Laue M, Schuster CF, Werner G, Strommenger B. 2021. Mutations in the *gdpP* gene are a clinically relevant mechanism for  $\beta$ -lactam resistance in methicillin resistant *Staphylococcus aureus* lacking *mec* determinants. *Microb Genom* 7(9):000623.
- 8 Helbig U, Riemschneider C, Werner G, Kriebel N, Layer-Nicolaou F. 2023. Mandatory Notification of Pantone-Valentine Leukocidin-Positive Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Saxony, Germany: Analysis of Cases from the City of Leipzig in 2019. *Microorganisms* 11.
- 9 Selb R, Albert-Braun S, Weltzien A, Schurmann J, Werner G, Layer F. 2022. Characterization of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* From Children at Hospital Admission: Experiences From a Hospital in a German Metropolitan Area. *Pediatr Infect Dis J* 41:720-727.
- 10 Lindner AK, Hommes F, Nikolai O, Equihua Martinez G, Gurer B, Kruger R, Leistner R, Nurjadi D, Mockenhaupt FP, Zanger P. 2022. Imported Pantone-valentine leucocidin (PVL)-positive *Staphylococcus aureus* skin infections: patients' perspective on quality of life and quality of medical care. *J Travel Med* 29.
- 11 He L, Zheng HX, Wang Y, Le KY, Liu Q, Shang J, Dai Y, Meng H, Wang X, Li T, Gao Q, Qin J, Lu H, Otto M, Li M. 2018. Detection and analysis of methicillin-resistant human-adapted sequence type 398 allows insight into community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* evolution. *Genome Med* 10:5.

- 12 Lee JYH, Monk IR, Goncalves da Silva A, Seemann T, Chua KYL, Kearns A, Hill R, Woodford N, Bartels MD, Strommenger B, Laurent F, Dodemont M, Deplano A, Patel R, Larsen AR, Korman TM, Stinear TP, Howden BP. 2018. Global spread of three multidrug-resistant lineages of *Staphylococcus epidermidis*. *Nat Microbiol* 3:1175-1185.
- 13 Vendrik KEW, Kuijper EJ, Dimmendaal M, Silvis W, Denie-Verhaegh E, de Boer A, Postma B, Schoffelen AF, Ruijs WLM, Koene F, Petrignani M, Hooiveld M, Witteveen S, Schouls LM, Notermans DW, consortium M. 2022. An unusual outbreak in the Netherlands: community-onset impetigo caused by a methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* with additional resistance to fusidic acid, June 2018 to January 2020. *Euro Surveill* 27.

---

### Autorinnen und Autoren

Dr. Franziska Layer-Nicolaou | Dr. Birgit Strommenger |  
Dr. Christiane Cuny | Prof. Dr. Guido Werner

Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten,  
FG 13 Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotika-  
resistenzen

**Korrespondenz:** [FG13@rki.de](mailto:FG13@rki.de)

---

### Vorgeschlagene Zitierweise

Layer-Nicolaou F, Strommenger B, Cuny C, Werner G:  
Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA  
in Deutschland – Zur Situation 2021/2022

*Epid Bull* 2023;44:3-14 | DOI 10.25646/11743

---

### Interessenkonflikt

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

---

### Danksagung

Wir danken allen kooperierenden Laboren für die  
zumeist jahrelange und konstruktive Zusammenarbeit  
und die Übersendung des interessanten Stamm-  
materials. Das NRZ ist speziell an der Übersendung  
von MRSA Isolaten aus invasiven Infektionen (Melde-  
pflicht) und an Isolaten mit besonderen Resistenz-  
und Virulenzeigenschaften interessiert.

## „KRINKO-Perzeption“: RKI-Onlinebefragung für Mitarbeitende im Öffentlichen Gesundheitsdienst

Das Robert Koch-Institut (RKI) gibt regelmäßig Empfehlungen heraus, die von der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim RKI entwickelt und aktualisiert werden und als verbindliche Grundlage und Standard für die erforderlichen Infektionspräventionsmaßnahmen im Gesundheitswesen dienen.

Das Fachgebiet 14 „Angewandte Infektions- und Krankenhaushygiene“ des RKI (Geschäftsstelle der KRINKO) führt nun eine Befragung dazu durch, wie und in welchem Umfang die Empfehlungen der KRINKO von Personen im Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) wahrgenommen werden, die tätig sind in einem/einer

- ▶ Gesundheitsamt,
- ▶ Landesgesundheitsbehörde/-ministerium oder
- ▶ Bundesoberbehörde/-ministerium für Gesundheit

und sich in ihrer Tätigkeit direkt oder indirekt mit den Empfehlungen der KRINKO befassen.

Die Teilnahme an der **anonymen** Onlinebefragung dauert ca. **10 Minuten**.

Der Fragebogen ist bis zum 15.12.2023 online verfügbar unter dem unten angegebenen QR-Code oder folgendem Link: [https://befragungen.rki.de/SE/1/krinko\\_perzeption\\_2023/](https://befragungen.rki.de/SE/1/krinko_perzeption_2023/).

### Zu den Durchführenden:

Das Fachgebiet 14 ist das wissenschaftliche Sekretariat und die Geschäftsstelle der KRINKO (Fachgebietsleitung Prof. Dr. Mardjan Arvand).

Primäre Ansprechpartnerin für die Befragung ist Melanie Winkler.

Haben Sie Fragen? Kontaktieren Sie uns gerne unter [KRINKO-Perzeption@rki.de](mailto:KRINKO-Perzeption@rki.de).



# Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

43. Woche 2023 (Datenstand: 1. November 2023)

## Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.
Baden-Württemberg	31	2.984	3.596	13	1.090	971	4	268	181	36	3.139	2.912	13	1.200	1.430
Bayern	59	4.597	4.990	25	1.358	1.027	4	200	187	76	5.824	5.020	31	3.056	2.622
Berlin	16	1.568	1.514	1	336	325	2	89	51	6	2.356	1.585	1	880	1.178
Brandenburg	26	1.375	1.265	4	364	238	3	75	53	16	2.211	1.770	7	1.507	1.772
Bremen	6	246	248	2	41	47	0	15	11	4	253	132	0	130	98
Hamburg	1	777	942	2	184	117	3	58	19	21	1.257	740	1	733	775
Hessen	28	2.260	2.862	12	610	582	3	84	53	11	1.972	2.210	12	1.306	1.183
Mecklenburg-Vorpommern	23	979	1.061	7	235	119	0	52	38	27	1.789	1.306	2	986	789
Niedersachsen	45	2.798	3.203	4	783	701	12	482	200	43	3.535	2.701	11	2.037	1.154
Nordrhein-Westfalen	149	6.930	8.428	31	1.700	1.439	29	938	390	162	9.045	7.975	27	3.873	3.822
Rheinland-Pfalz	33	2.247	2.201	11	505	426	2	102	73	26	1.997	2.285	4	915	912
Saarland	8	646	669	1	81	99	0	14	9	1	532	535	1	376	197
Sachsen	51	2.940	3.125	21	552	576	1	156	93	75	4.355	4.378	18	2.633	3.179
Sachsen-Anhalt	12	933	1.046	11	405	321	3	97	49	34	2.302	3.008	6	1.658	971
Schleswig-Holstein	8	1.163	1.307	2	213	142	4	129	72	12	1.065	857	1	568	515
Thüringen	27	1.223	1.346	12	536	455	0	34	23	30	2.140	1.725	8	1.947	1.146
<b>Deutschland</b>	<b>523</b>	<b>33.666</b>	<b>37.803</b>	<b>159</b>	<b>8.993</b>	<b>7.585</b>	<b>70</b>	<b>2.793</b>	<b>1.502</b>	<b>580</b>	<b>43.772</b>	<b>39.139</b>	<b>143</b>	<b>23.805</b>	<b>21.743</b>

## Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.
Baden-Württemberg	1	69	70	47	2.207	1.872	26	1.158	939	6	527	404	17	7.256	1.821
Bayern	2	87	97	86	3.498	2.303	32	1.474	984	6	510	481	37	12.738	6.280
Berlin	0	47	36	23	1.046	769	18	472	329	5	314	330	11	2.688	1.271
Brandenburg	1	22	31	3	329	250	1	153	102	0	83	111	6	2.205	1.243
Bremen	0	3	6	3	315	161	3	113	54	0	48	57	2	191	138
Hamburg	0	10	11	19	743	487	11	366	203	0	161	132	12	1.823	873
Hessen	2	63	57	21	1.552	1.327	18	544	417	3	383	354	21	4.273	1.425
Mecklenburg-Vorpommern	1	12	16	4	221	131	1	96	56	0	45	35	12	1.217	1.485
Niedersachsen	1	62	44	28	1.210	850	16	755	495	3	286	250	11	3.707	1.263
Nordrhein-Westfalen	3	219	145	105	4.534	3.274	54	2.242	1.742	11	789	752	36	10.874	2.679
Rheinland-Pfalz	0	35	31	23	1.465	823	9	466	308	3	174	135	6	3.441	1.409
Saarland	1	10	8	3	326	153	2	169	53	1	35	24	3	500	272
Sachsen	0	27	21	9	461	362	5	244	221	0	98	125	20	4.454	4.964
Sachsen-Anhalt	1	22	15	7	334	205	2	173	109	2	66	75	4	1.785	1.575
Schleswig-Holstein	1	29	11	10	407	345	3	288	278	3	85	104	6	1.078	672
Thüringen	2	14	13	3	223	166	2	127	99	1	76	52	13	1.627	1.006
<b>Deutschland</b>	<b>16</b>	<b>731</b>	<b>612</b>	<b>394</b>	<b>18.871</b>	<b>13.478</b>	<b>203</b>	<b>8.840</b>	<b>6.389</b>	<b>44</b>	<b>3.680</b>	<b>3.421</b>	<b>217</b>	<b>59.857</b>	<b>28.376</b>

## Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.
Baden-Württemberg	0	2	1	1	33	41	0	1	0	10	210	68	47	2.424	1.397
Bayern	1	6	4	2	57	27	0	0	1	16	587	267	47	3.571	1.763
Berlin	0	14	2	0	12	9	0	1	0	2	88	23	13	687	352
Brandenburg	0	1	1	0	5	4	0	1	1	3	201	55	3	404	214
Bremen	0	0	0	0	4	2	0	0	0	0	6	0	1	76	121
Hamburg	0	2	0	0	8	3	0	0	0	0	59	18	3	400	181
Hessen	0	1	1	1	17	11	0	0	0	2	92	68	7	700	426
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	3	4	0	0	0	1	91	9	8	145	72
Niedersachsen	0	3	1	0	17	29	0	0	0	3	95	35	23	1.065	574
Nordrhein-Westfalen	0	6	2	0	51	24	0	1	0	5	264	120	40	2.476	1.439
Rheinland-Pfalz	0	0	0	0	15	11	0	0	0	0	105	41	7	385	268
Saarland	0	0	0	0	13	2	0	0	0	0	24	21	3	73	27
Sachsen	0	0	0	0	5	6	0	0	0	2	96	27	6	1.351	559
Sachsen-Anhalt	0	16	0	1	6	7	0	0	0	2	159	40	4	177	80
Schleswig-Holstein	0	1	1	0	9	10	0	0	0	0	52	13	6	472	153
Thüringen	0	0	0	0	6	7	0	0	0	12	368	97	11	327	142
<b>Deutschland</b>	<b>1</b>	<b>52</b>	<b>13</b>	<b>5</b>	<b>261</b>	<b>197</b>	<b>0</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>58</b>	<b>2.497</b>	<b>902</b>	<b>229</b>	<b>14.733</b>	<b>7.768</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>		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.	43.	1.–43.	1.–43.
Baden-Württemberg	2	76	59	11	656	415	3	92	67	1	49	61	2.267	119.696	3.787.895
Bayern	1	87	111	11	810	597	4	179	143	1	115	96	3.295	177.328	5.112.240
Berlin	4	72	74	17	514	463	0	32	19	0	33	42	831	42.138	996.364
Brandenburg	0	21	23	8	222	140	0	69	53	0	29	22	580	30.722	781.573
Bremen	0	4	7	2	29	34	0	6	6	1	9	8	132	9.482	225.767
Hamburg	2	23	26	14	260	134	1	21	19	4	28	18	285	17.901	614.661
Hessen	1	52	78	21	710	571	1	59	70	2	72	63	1.087	98.450	2.240.604
Mecklenburg-Vorpommern	0	7	3	4	95	63	3	61	50	1	19	24	479	21.566	548.974
Niedersachsen	2	44	43	22	509	403	1	125	78	2	114	95	1.337	135.411	3.018.241
Nordrhein-Westfalen	1	138	149	45	1.572	1.222	9	393	310	5	254	272	2.957	308.026	5.912.656
Rheinland-Pfalz	0	18	32	8	231	182	0	60	58	0	20	19	883	63.580	1.369.145
Saarland	0	1	3	1	37	21	0	6	4	0	6	7	262	18.188	383.795
Sachsen	2	19	31	3	251	217	2	93	106	0	65	52	1.266	40.856	1.208.679
Sachsen-Anhalt	0	10	12	3	112	108	1	84	78	1	36	46	677	24.806	675.661
Schleswig-Holstein	0	32	19	9	172	115	1	43	12	0	37	13	573	29.571	962.823
Thüringen	0	4	10	0	70	44	0	27	22	1	30	26	556	18.220	557.029
<b>Deutschland</b>	<b>15</b>	<b>608</b>	<b>680</b>	<b>179</b>	<b>6.250</b>	<b>4.729</b>	<b>26</b>	<b>1.350</b>	<b>1.095</b>	<b>19</b>	<b>916</b>	<b>864</b>	<b>17.467</b>	<b>1.155.941</b>	<b>28.396.107</b>

1 Infektion und Kolonisation

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

2 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform

3 Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus, invasive Infektion

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

## Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2023		2022
	43.	1.–43.	1.–43.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	791	201
Botulismus	0	35	1
Brucellose	0	30	29
Chikungunyavirus-Erkrankung	1	27	13
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	94	85
Denguefieber	16	668	279
Diphtherie	0	89	95
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	3	341	494
Giardiasis	30	1.943	1.438
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	19	1.423	643
Hantavirus-Erkrankung	2	274	116
Hepatitis D	0	20	88
Hepatitis E	58	4.005	2.961
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	1	72	60
Kryptosporidiose	72	2.088	1.673
Legionellose	39	1.793	1.243
Lepre	0	0	0
Leptospirose	6	183	126
Listeriose	19	561	485
Meningokokken, invasive Erkrankung	2	207	90
Ornithose	0	10	16
Paratyphus	0	27	21
Q-Fieber	0	60	53
Shigellose	32	740	239
Trichinellose	0	2	0
Tularämie	0	67	51
Typhus abdominalis	0	63	35
Yersiniose	31	1.553	1.535
Zikavirus-Erkrankung	0	9	7

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)).

# Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen

gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: August 2023 (Datenstand: 1. November 2023)

	Syphilis			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	Aug	Januar – Aug		Aug	Januar – Aug		Aug	Januar – Aug		Aug	Januar – Aug	
Baden-Württemberg	78	512	476	33	211	280	2	22	27	0	5	0
Bayern	91	929	929	50	409	321	3	29	20	0	1	2
Berlin	109	988	1.051	16	177	236	0	8	6	0	0	0
Brandenburg	17	112	71	9	47	46	0	2	1	1	1	0
Bremen	5	54	45	11	42	36	0	1	1	0	0	0
Hamburg	47	362	322	10	150	142	0	2	4	0	0	0
Hessen	49	447	359	17	111	116	0	11	8	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	8	55	52	3	27	39	0	1	0	0	0	1
Niedersachsen	42	374	277	27	202	187	1	14	14	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	123	1.208	1.136	55	402	405	5	19	26	0	0	0
Rheinland-Pfalz	28	169	148	12	102	112	0	3	6	0	0	0
Saarland	2	31	39	1	12	22	0	0	2	0	0	0
Sachsen	35	307	270	16	100	91	0	2	8	0	0	1
Sachsen-Anhalt	8	90	76	5	51	38	0	1	1	0	0	0
Schleswig-Holstein	9	108	124	9	52	83	0	3	1	0	0	0
Thüringen	7	75	92	5	28	18	0	1	2	0	1	0
<b>Deutschland</b>	<b>661</b>	<b>5.840</b>	<b>5.492</b>	<b>279</b>	<b>2.123</b>	<b>2.172</b>	<b>11</b>	<b>119</b>	<b>127</b>	<b>1</b>	<b>8</b>	<b>4</b>

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

Die Meldepflicht für Malaria wurde im Rahmen einer IfSG-Änderung am 21.07.2023 von der nichtnamentlichen Meldung an das RKI gemäß § 7 Abs. 3 IfSG zu einer namentlichen Meldung an das Gesundheitsamt gemäß § 7 Abs. 1 IfSG geändert.