Nationale und Internationale Resistenz-Surveillance-Systeme

Wulf Schneider

Abteilung für Krankenhaushygiene und Infektiologie

Universitätsklinikum Regensburg

Bad Bugs, no Drugs.
No ESCAPE

- ***E**nterococcus faecium* – *VRE*
- ***S**taphylococcus aureus* – *MRSA*
- ***C**arbapenemase–positive Enterobak.* - *4MRGN*
- ***A**cinetobacter baumannii* – *4MRGN*
- ***P**seudomonas aeruginosa* – *4MRGN*
- ***E**nterobacter* species – 4MRGN

Verbrauchersurveillance Antibiotikaresistenzen

Beunruhigung über Themen zur Lebensmittelsicherheit

Inwieweit sind Sie persönlich über die folgenden Themen zur Lebensmittelsicherheit beunruhigt oder nicht beunruhigt? Bitte benutzen Sie für Ihre Antwort eine Skala von 1 bis 5, wobei die 1 für 'nicht beunruhigt' und die **5** für **'beunruhigt'** steht.

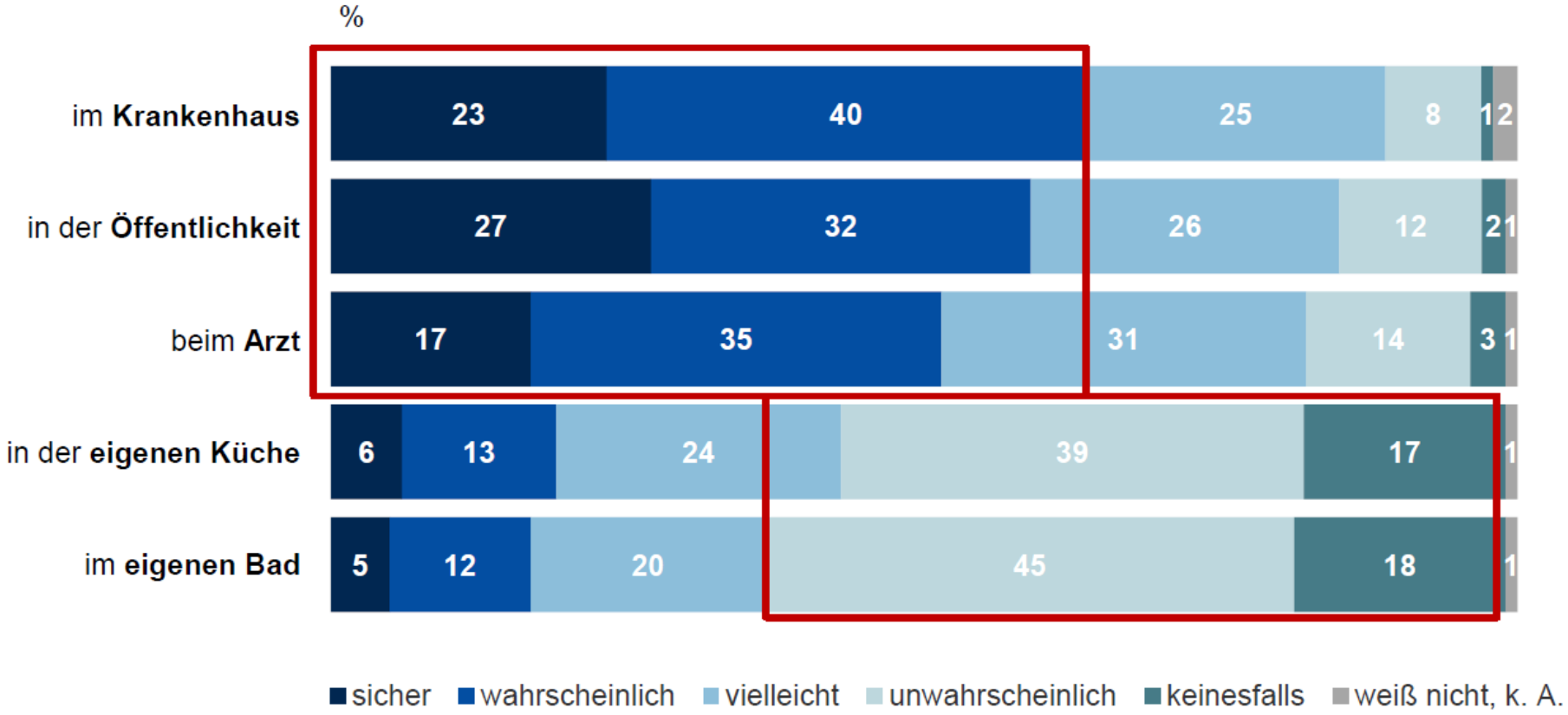
Überblick „beunruhigt" (Skalenwerte 4 + 5)

BfR-Verbrauchermonitor (10/2014), **n = 1.012**, **alle Angaben in Prozent**, Rundungsdifferenz

BfR Bundesinstitut für Risikobewertung

Wahrscheinlichkeit des Kontaktes mit Krankheitserregern

Wie wahrscheinlich ist es Ihrer Meinung nach, an folgenden **Orten** mit Krankheitserregern in Kontakt zu kommen?

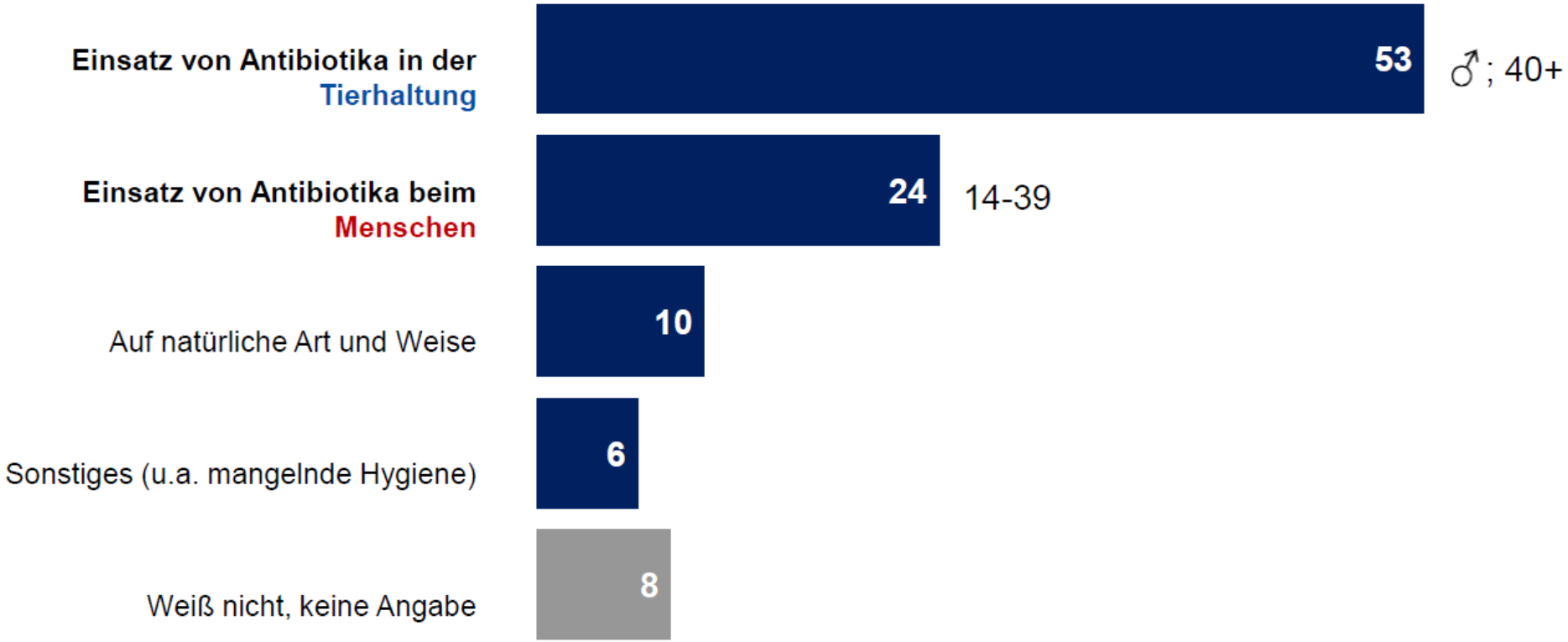


BfR-Verbrauchermonitor Spezial (01/2015), **n = 1.005**, **alle Angaben in Prozent,** Rundungsdifferenzen möglich

BfR Bundesinstitut für Risikobewertung

Ursachen für Antibiotikaresistenzen

Wodurch sind Antibiotikaresistenzen Ihrer Meinung nach hauptsächlich verursacht? Bitte entscheiden Sie sich für eine der folgenden Antworten.



BfR-Verbrauchermonitor Spezial (01/2015), **n = 834** Befragte, die von antibiotikaresistenten Bakterien gehört haben; **alle Angaben in Prozent**; Rundungsdifferenzen möglich

BfR Bundesinstitut für Risikobewertung

Bundesministerium für Gesundheit

Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Bundesministerium für Bildung und Forschung

DART

Deutsche Antibiotika-Resistenzstrategie

www.bundesgesundheitsministerium.de

DART 2020

Antibiotika-Resistenzen bekämpfen zum Wohl von Mensch und Tier

- One-Health-Ansatz national und international
- Resistenzentwicklung frühzeitig erkennen
- Therapieoptionen erhalten und verbessern
- Infektionsketten unterbrechen und Infektionen vermeiden
- Bewußtstein und Kompetenzen stärken
- Forschung und Entwicklung unterstützen

Informationsquellen zu Erreger- und Resistenzdaten in Deutschland

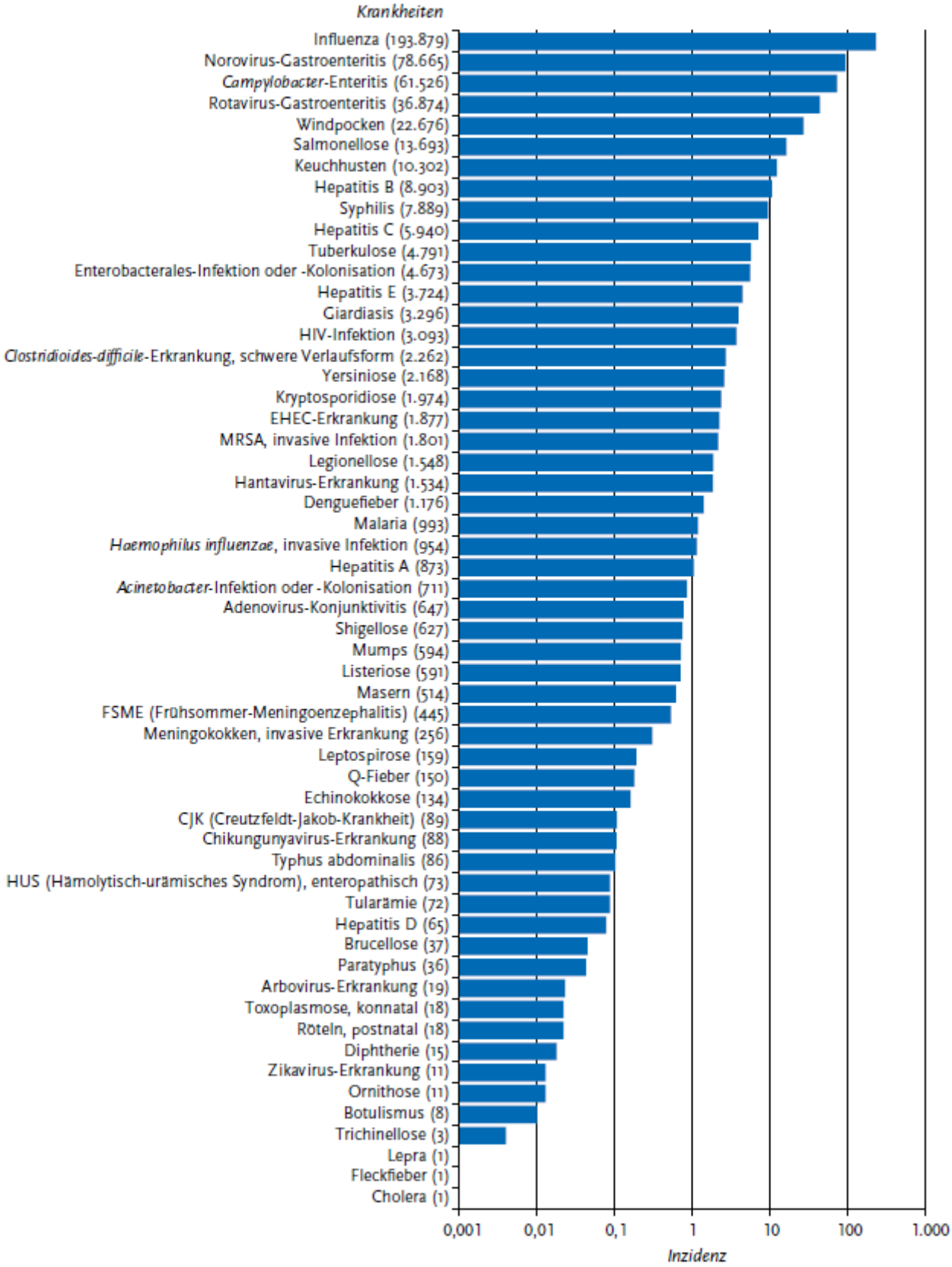
- Surveillance-Systeme
  - ARS. Antibiotika-Resistenz-Surveillance
  - ARMIN: Antibiotika-Resistenz-Monitoring Niedersachsen
  - KISS: Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System
    - MRSA-KISS
    - Erreger (MRE-KISS)
    - CDAD
    - SRI: Surveillance der Antibiotika-Anwendung und der bakteriellen Resistenzsituation auf Intensivstationen

Informationsquellen zu Erreger- und Resistenzdaten in Deutschland

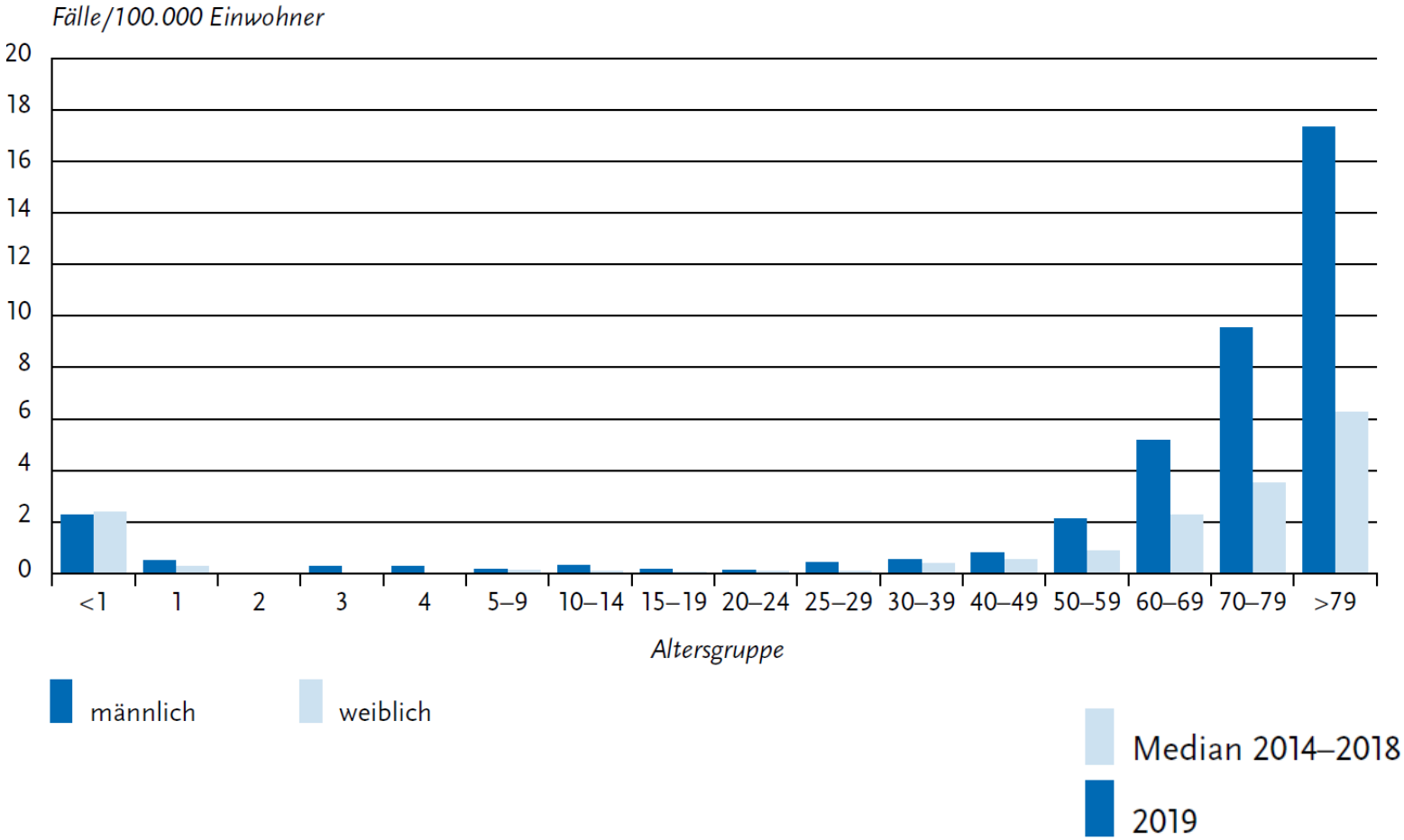
- Meldepflicht (bundesweit)
  - Invasive MRSA-Infektionen (Blut und Liquor)
  - Schwere CDAD-Verläufe
  - CRE und Acinetobacter spp. mit Carbapenemresistenz oder deren genetischer Determinante
- Nationale Referenzzentren
- Surveillance-Studien
  - PEG-Resistenzstudien

ROBERT KOCH INSTITUT

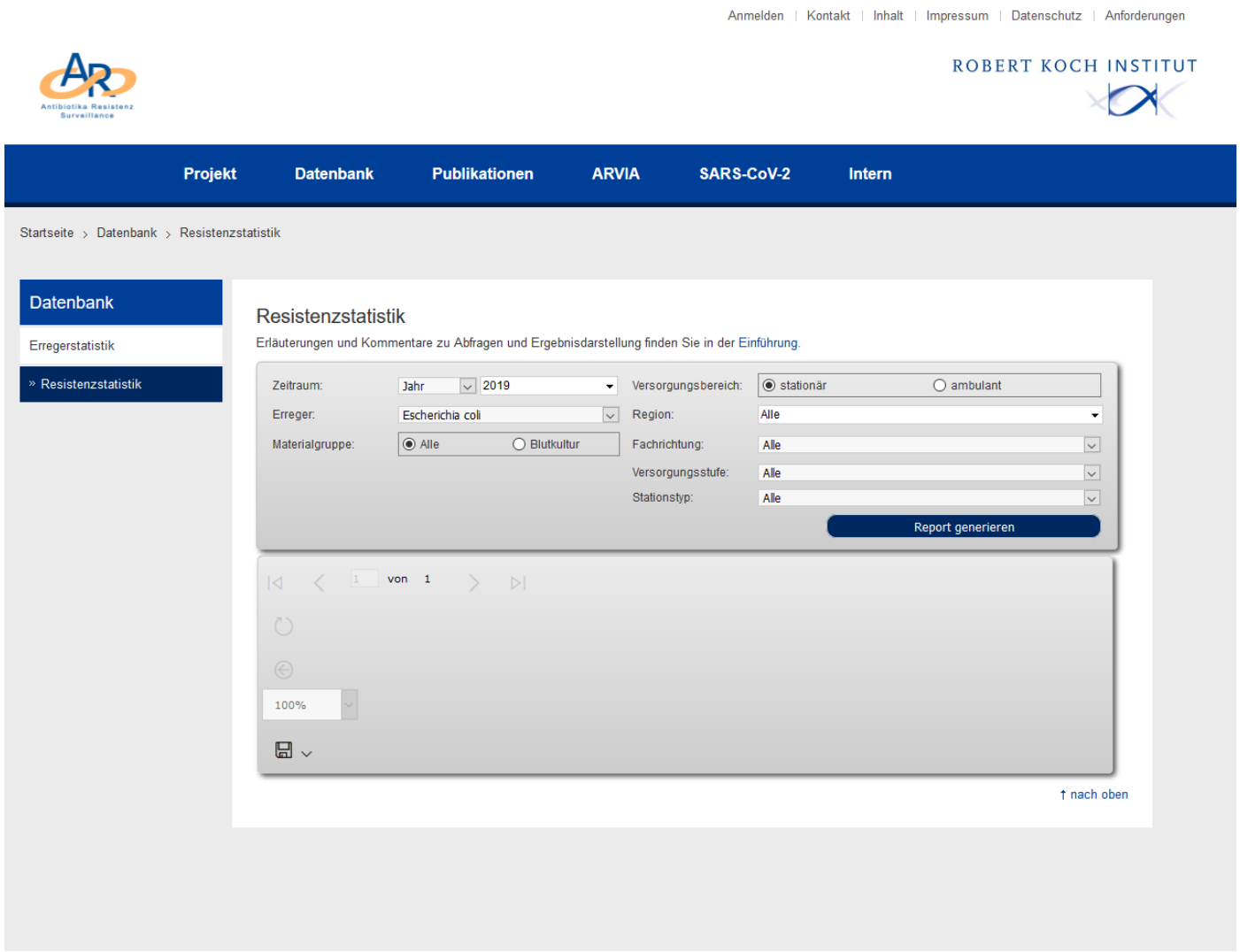
Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019


Krankheiten
Influenza (193.879)
Norovirus-Gastroenteritis (78.665)
Campylobacter-Enteritis (61.526)
Rotavirus-Gastroenteritis (36.874)
Windpocken (22.676)
Salmonellose (13.693)
Keuchhusten (10.302)
Hepatitis B (8.903)
Syphilis (7.889)
Hepatitis C (5.940)
Tuberkulose (4.791)
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (4.673)
Hepatitis E (3.724)
Giardiasis (3.296)
HIV-Infektion (3.093)
Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform (2.262)
Yersiniose (2.168)
Kryptosporidiose (1.974)
EHEC-Erkrankung (1.877)
MRSA, invasive Infektion (1.801)
Legionellose (1.548)
Hantavirus-Erkrankung (1.534)
Denguefieber (1.176)
Malaria (993)
Haemophilus influenzae, invasive Infektion (954)
Hepatitis A (873)
Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation (711)
Adenovirus-Konjunktivitis (647)
Shigellose (627)
Mumps (594)
Listeriose (591)
Masern (514)
FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) (445)
Meningokokken, invasive Erkrankung (256)
Leptospirose (159)
Q-Fieber (150)
Echinokokkose (134)
CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) (89)
Chikungunyavirus-Erkrankung (88)
Typhus abdominalis (86)
HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch (73)
Tularämie (72)
Hepatitis D (65)
Brucellose (37)
Paratyphus (36)
Arbovirus-Erkrankung (19)
Toxoplasmose, konnatal (18)
Röteln, postnatal (18)
Diphtherie (15)
Zikavirus-Erkrankung (11)
Ornithose (11)
Botulismus (8)
Trichinellose (3)
Lepra (1)
Fleckfieber (1)
Cholera (1)
0,001
0,01
0,1
1
10
100
1.000
Inzidenz

Gemeldete invasive MRSA-Infektionen 2019



ASR-Datenbank des RKI



ASR-Datenbank des RKI

Resistenzstatistik

Erreger:	***Escherichia coli***
Zeitraum:	**2019**
Versorgungsbereich:	**stationär**
Region:	Nordost, Nordwest, Südost, Südwest, West
Material:	Alle
Fachrichtung:	Alle
Stationstyp:	Alle
Versorgungsstufe:	Alle

	N	S %	I %	R %	95% KI R
Aminoglykoside					
Amikacin	62.800	64,2	33,8	**2,0**	**1,9 - 2,1**
Gentamicin	258.429	62,3	32,1	**5,6**	**5,5 - 5,7**
Tobramycin	71.997	57,0	32,9	**10,2**	**9,9 - 10,4**
Carbapeneme					
Ertapenem	161.934	99,9	0,0	**0,1**	**0,1 - 0,1**
Imipenem	209.950	99,9	0,0	**0,0**	**0,0 - 0,0**
Meropenem	275.640	100,0	0,0	**0,0**	**0,0 - 0,0**
Cephalosporine					
Cefepim	111.687	88,4	0,8	**10,8**	**10,6 - 10,9**
Cefotaxim	247.138	88,6	0,1	**11,3**	**11,2 - 11,4**
Ceftazidim	271.553	88,2	1,1	**10,7**	**10,6 - 10,8**
Ceftriaxon	166.830	88,6	0,1	**11,3**	**11,2 - 11,5**
Cefuroxim	263.598	35,7	47,6	**16,7**	**16,6 - 16,8**

Aber auch regionale Datenbanken BARDa des LGL in Bayern

Bayerisches Landesamt für
Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

Arbeitsschutz | Lebensmittel | Produkte | Gesundheit | Tiergesundheit | Fort-/Weiterbildung | Forschung

Startseite >> Gesundheit >> Infektionsschutz >> Barda

Suche

Infektionsschutz

- Infektionskrankheiten A-Z
- Infektionswege
- Infektionsepidemiologie
- Asylbewerber und Gesundheit
- Public Health Mikrobiologie
- BARDa

Die Bayerische Antibiotikaresistenz-Datenbank BARDa

- Hintergrund
- Ziele
- Datenmanagement
- Teilnehmer
- Aktuelles
- Nationale und internationale Informationen
- Kontakt
- Mehr zu diesem Thema

BARDa Ergebnisse

- 1. Halbjahr 2020
- Gesamtes Jahr 2019
- 1. Halbjahr 2019

Verwandte Themen

Vorträge

9. LARE-Symposium
Vortrag S. Hörmansdorfer

Bayern

Bayerisches Aktionsbündnis Antibiotikaresistenz (BAKT)

Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen

NRZ | SURVEILLANCE | SUPPORT | KONTAKT

» SURVEILLANCE / KISS

Suchbegriff

- Antibiotikaverbrauch (AVS)
- COVID-19-Surveillance (COSIK)
- KISS
  - Teilnahme
  - Modulfinder
  - Fragen & Antworten
  - KISS-Definitionen
  - KISS-Zertifikat
  - Import
  - AMBU-KISS
  - CDAD-KISS
  - DEVICE-KISS
  - HAND-KISS
  - ITS-KISS
  - MRSA-KISS
  - NEO-KISS
  - ONKO-KISS
  - OP-KISS
  - STATIONS-KISS
  - VARIA
  - SARI
- webKess-Infos

KISS (Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System) Projektbeschreibung

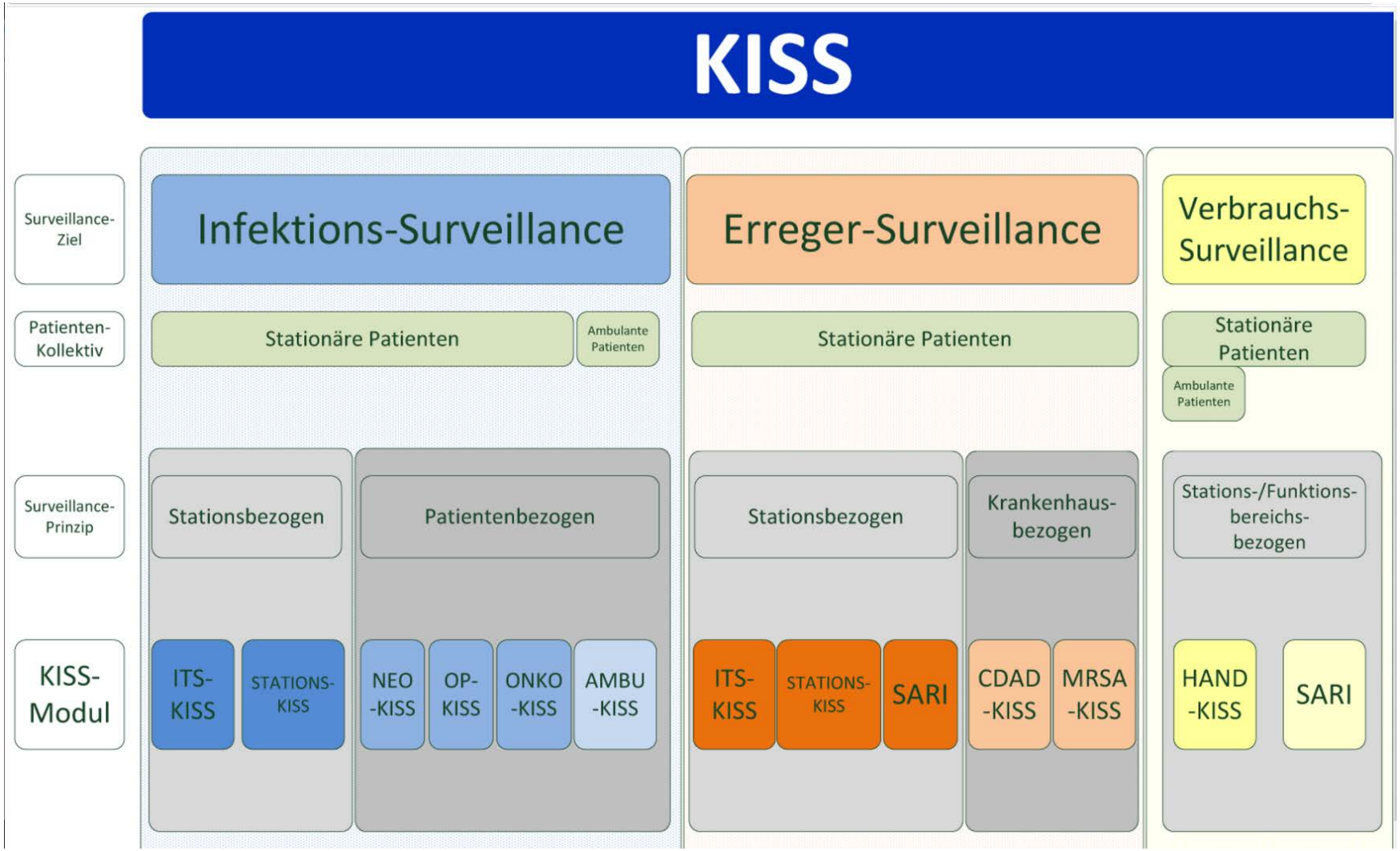
Seit bereits über 20 Jahren ist bekannt, dass die fortlaufende, systematische Erfassung, Analyse und Interpretation relevanter Daten zu nosokomialen Infektionen sowie deren Feedback an das ärztliche und pflegerische Personal die Häufigkeit nosokomialer Infektionen reduzieren kann. Diese Form der internen Qualitätssicherung wird als Surveillance bezeichnet. Die Aussagekraft und Wirksamkeit kann erhöht werden, wenn die eigenen Daten zu Infektionshäufigkeiten mit denen anderer verglichen werden. Erst im Kontext mit den Daten anderer Abteilungen oder Stationen ist das Niveau der eigenen Infektionshäufigkeit beurteilbar. Um nicht falsche Schlüsse zu ziehen, ist ein Vergleich jedoch nur möglich, wenn identische Methoden bei der Erfassung der Daten einschließlich fester Definitionen für die Diagnostik verwendet werden. Da verschiedene Stationen und Abteilung sowohl Risikofaktoren unterschiedlich häufig einsetzen, als auch von der Patientenzusammensetzung nicht exakt übereinstimmen, müssen diese Unterschiede durch Standardisierungs- und Stratifizierungsverfahren in der Berechnung und Analyse der Daten Berücksichtigung finden.

1996 wurde vom NRZ eine Methode entwickelt, mit der Stationen und Abteilungen in die Lage versetzt werden sollten, nach einer einheitlichen Methode eine Surveillance nosokomialer Infektionen durchzuführen, die die wichtigsten Einfluß- und Risikofaktoren berücksichtigt und somit orientierende Vergleiche ermöglicht. Die in den beteiligten Stationen und Abteilungen erhobenen Daten werden regelmäßig dem NRZ übermittelt und analysiert. Die zusammengefassten und anonymisierten Daten werden in geeigneter Form als Referenzdaten bereitgestellt.

Um die Aussagekraft der Daten und damit auch die Wirksamkeit der Surveillance zu steigern, erfolgt im KISS keine krankenhausweite Erfassung, sondern eine Konzentration auf besondere Risikobereiche innerhalb des Krankenhauses. Hierbei wird auf bestimmte Patienten (z.B. NEO-KISS) oder spezielle Stationen (z.B. ITS-KISS) mit hohem Infektionsrisiko fokussiert. KISS besteht aus diesem Grund aus mehreren Modulen entsprechend den unterschiedlichen Risikobereichen. Für die einzelnen Module existieren jeweils spezielle Surveillance Methoden. Folgende Risikobereiche werden bei KISS durch die einzelnen Module berücksichtigt:

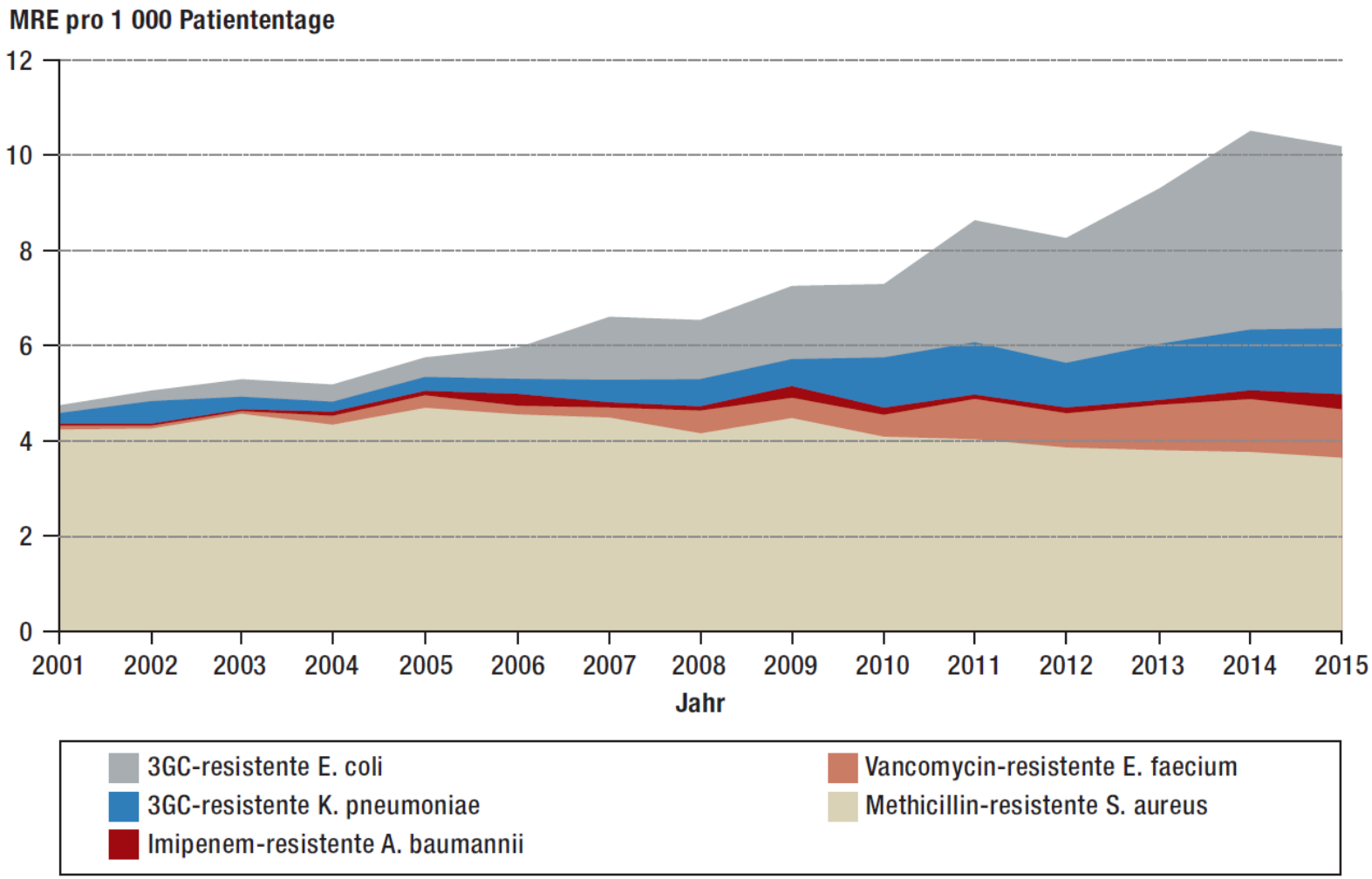
· Patienten auf Intensivstationen (Modul ITS-KISS)

Aktuelle KISS-Module



Bad bags, no drugs. NO ESCAPE !

Multiresistente Erreger auf Intensivstationen in Deutschland - SARI



Das KISS als Metadatenträger

KISS Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System

Modul OP-KISS
Referenzdaten
Berechnungszeitraum: Januar 2017 bis Dezember 2019
Erstellungsdatum: 6.März 2020

Nationales Referenzzentrum
für Surveillance
von nosokomialen Infektionen
Hindenburgdamm 27
12203 Berlin
Tel.: 030 / 450-577-612
Fax: 030 / 450-577-920
www.nrz-hygiene.de
Version: 6.März 2020

Das OP-KISS als Metadatenträger

KISS Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System
Modul OP-KISS
Berechnungszeitraum: Januar 2017 bis Dezember 2019

Referenzdaten

Operationsart: REKT, Rektum-Operationen (laparoskopisch)

Tabelle 1: **Wundinfektionsraten** je Risikokategorie

Risikokategorie	Anzahl Abteilungen	Anzahl Operationen	Anzahl Wundinfektionen	Wundinfektionsrate: gepoolter arithm.Mittelwert	Wundinfektionsrate: 25%-Quantil	Wundinfektionsrate: Median	Wundinfektionsrate: 75%-Quantil
0	24	629	24	3,82	0,00	0,65	6,07
1	24	781	36	4,61	0,00	4,33	7,69
2, 3	24	253	21	8,30	0,00	2,00	12,13
0, 1, 2, 3	24	1663	81	4,87	0,44	4,50	7,87

Tabelle 2: **Wundinfektionsraten** nach Art der Infektion

Wundinfektionsart	Anzahl Abteilungen	Anzahl Operationen	Anzahl Wundinfektionen	Wundinfektionsrate: gepoolter arithm.Mittelwert	Wundinfektionsrate: 25%-Quantil	Wundinfektionsrate: Median	Wundinfektionsrate: 75%-Quantil
A1	24	1663	17	1,02	0,00	0,00	1,83
A2	24	1663	7	0,42	0,00	0,00	0,00
A3	24	1663	57	3,43	0,00	2,87	5,80

Tabelle 3: **Inhouse-Wundinfektionsraten** je Risikokategorie

Risikokategorie	Anzahl Abteilungen	Anzahl Operationen	Anzahl Wundinfektionen	Inhouse-Wundinfektionsrate: gepoolter arithm.Mittelwert	Inhouse-Wundinfektionsrate: 25%-Quantil	Inhouse-Wundinfektionsrate: Median	Inhouse-Wundinfektionsrate: 75%-Quantil
0	24	629	18	2,86	0,00	0,00	3,64
1	24	781	28	3,59	0,00	1,43	7,18
2, 3	24	253	18	7,11	0,00	0,00	11,11
0, 1, 2, 3	24	1663	64	3,85	0,44	2,81	6,53

Tabelle 4: **Inhouse-Wundinfektionsraten** nach Art der Infektion

Wundinfektionsart	Anzahl Abteilungen	Anzahl Operationen	Anzahl Wundinfektionen	Inhouse-Wundinfektionsrate: gepoolter arithm.Mittelwert	Inhouse-Wundinfektionsrate: 25%-Quantil	Inhouse-Wundinfektionsrate: Median	Inhouse-Wundinfektionsrate: 75%-Quantil
A1	24	1663	6	0,36	0,00	0,00	0,00
A2	24	1663	7	0,42	0,00	0,00	0,00
A3	24	1663	51	3,07	0,00	1,87	5,51

Anmerkungen:

1. Risikokategorie (je ein Punkt) für: Op-Dauer(in Minuten) > 245, Wundklassifikation > 2 und ASA-Score > 2.
2. Nur Daten aus Abteilungen mit mindestens 30 gemeldeten Operationen gehen in die Referenzdaten ein.

Das OP-KISS als Metadatenträger

KISS Krankenhaus-Infektions-Surveillance-System
Modul OP-KISS
Berechnungszeitraum: Januar 2017 bis Dezember 2019

Referenzdaten - Erregerstatistik der häufigsten Erreger

Indikator-OP Gruppe	Abdominalchirurgie
Anzahl Infektionen insgesamt	4151
Anzahl Infektionen mit Erregerangabe	2829
Erregerangaben im Rahmen von Infektionen	6185

Tabelle 5.2.1: Anzahl Infektionen in der angegebenen Erregergruppe

	Anzahl	Pro 100 Infektionen
Erregergruppe		
Bacterium	2800	67,45
Fungus	119	2,87
Virus	1	0,02
Gram-Charakteristika		
Gram-positive	1651	39,77
Gram-negative	2071	49,89
MRE		
MRSA	13	0,31
VRE	139	3,35
3MRGN	220	5,30
4MRGN	7	0,17

Tabelle 5.2.2: Anzahl Infektionen für die angegebenen Genera und Spezies (Top 5)

Erreger	Anzahl	Pro 100 Infektionen
Escherichia spp.	1321	31,82
- davon Escherichia coli	1314	31,66
-- davon 3MRGN	176	4,24
-- davon 4MRGN	2	0,05
- davon Escherichia fergusonii	1	0,02
- davon andere Escherichia spp.*	6	0,14
Enterococcus spp.	1265	30,47
- davon Enterococcus faecalis	637	15,35
-- davon VRE	7	0,17
- davon Enterococcus faecium	629	15,15
-- davon VRE	132	3,18
- davon Enterococcus avium	65	1,57
- davon Enterococcus durans	15	0,36
Staphylococcus spp.	287	6,91
- davon Staphylococcus aureus	129	3,11
-- davon MRSA	13	0,31
- davon Staphylococcus epidermidis	110	2,65
- davon Staphylococcus haemolyticus	14	0,34
- davon Staphylococcus lugdunensis	8	0,19
- davon andere Staphylococcus spp.*	26	0,63
Klebsiella spp.	284	6,84
- davon Klebsiella pneumoniae	172	4,14
-- davon 3MRGN	21	0,51
-- davon 4MRGN	2	0,05

OP-KISS- und Resistenz-Daten

Referenzdaten - Erregerstatistik der häufigsten Erreger

Indikator-OP Gruppe	Gesamt
Anzahl Infektionen insgesamt	10884
Anzahl Infektionen mit Erregerangabe	7934
Erregerangaben im Rahmen von Infektionen	14599

Tabelle 5.9.1: Anzahl Infektionen in der angegebenen Erregergruppe

	Anzahl	Pro 100 Infektionen
Erregergruppe		
Bacterium	7894	72,53
Fungus	147	1,35
Virus	1	0,01
Gram-Charakteristika		
Gram-positive	5797	53,26
Gram-negative	3618	33,24
MRE		
MRSA	138	1,27
VRE	169	1,55
3MRGN	300	2,76
4MRGN	12	0,11

Tabelle 5.9.2: Anzahl Infektionen für die angegebenen Genera und Spezies (Top 5)

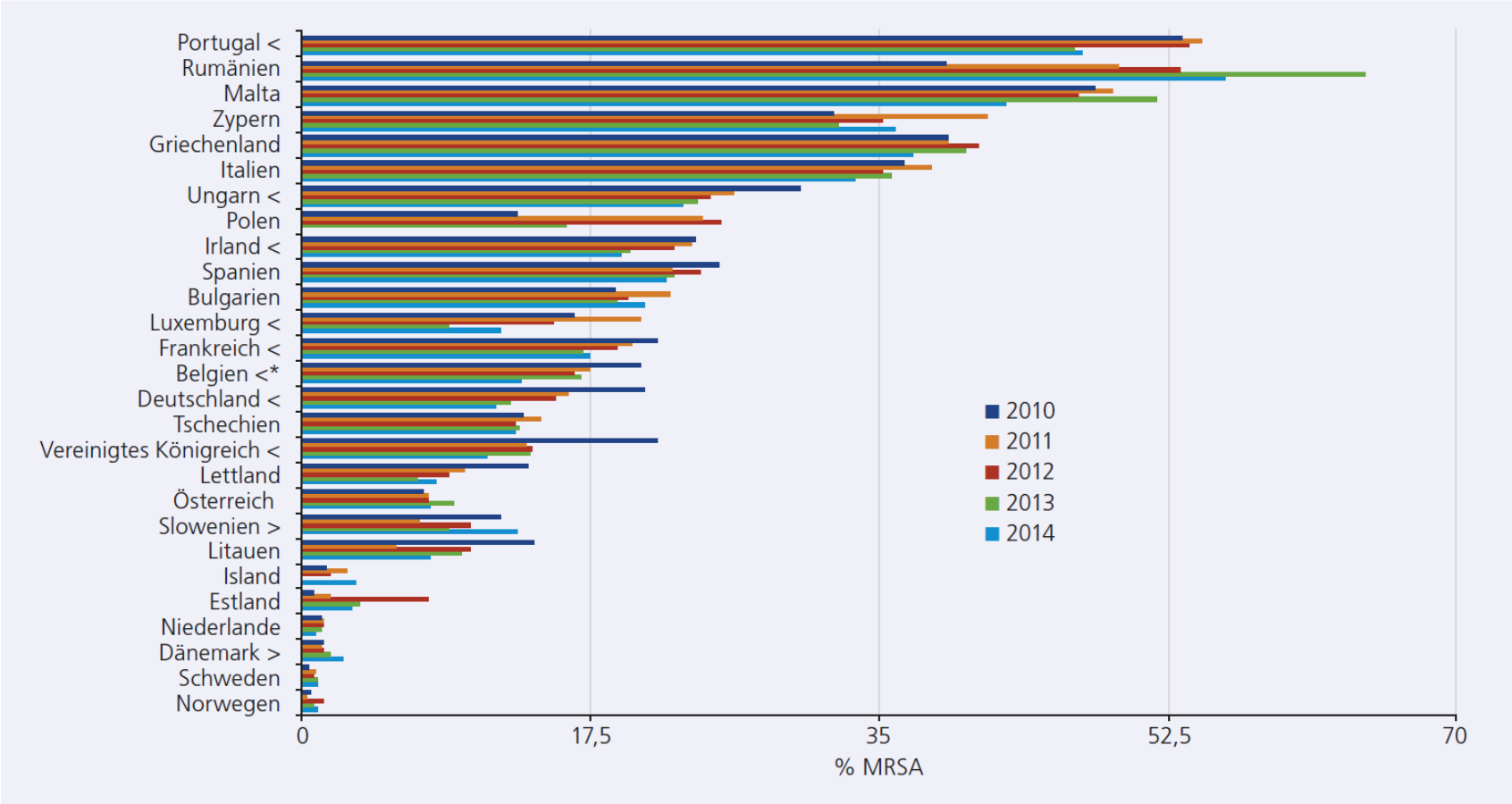
Erreger	Anzahl	Pro 100 Infektionen
Staphylococcus spp.	3469	31,87
- davon Staphylococcus aureus	1785	16,40
-- davon MRSA	138	1,27
- davon Staphylococcus epidermidis	1130	10,38
- davon Staphylococcus haemolyticus	150	1,38
- davon Staphylococcus capitis	128	1,18
- davon andere Staphylococcus spp.*	276	2,54
Enterococcus spp.	1937	17,80
- davon Enterococcus faecalis	1185	10,89
-- davon VRE	14	0,13
- davon Enterococcus faecium	749	6,88
-- davon VRE	155	1,42
- davon Enterococcus avium	67	0,62
- davon Enterococcus durans	15	0,14
Escherichia spp.	1812	16,65
- davon Escherichia coli	1802	16,56
-- davon 3MRGN	218	2,00
-- davon 4MRGN	2	0,02
- davon Escherichia vulneris	2	0,02
- davon Escherichia fergusonii	1	0,01
- davon andere Escherichia spp.*	7	0,06
Klebsiella spp.	501	4,60
- davon Klebsiella pneumoniae	310	2,85
-- davon 3MRGN	39	0,36
-- davon 4MRGN	4	0,04
- davon Klebsiella oxytoca	156	1,43
-- davon 3MRGN	1	0,01
- davon Klebsiella granulomatis	1	0,01
- davon andere Klebsiella spp.*	34	0,31
Pseudomonas spp.	482	4,43
- davon Pseudomonas aeruginosa	471	4,33
-- davon 3MRGN	9	0,08
-- davon 4MRGN	4	0,04
- davon Pseudomonas stutzeri	2	0,02

GERMAP 2015

Antibiotika-Resistenz und -Verbrauch

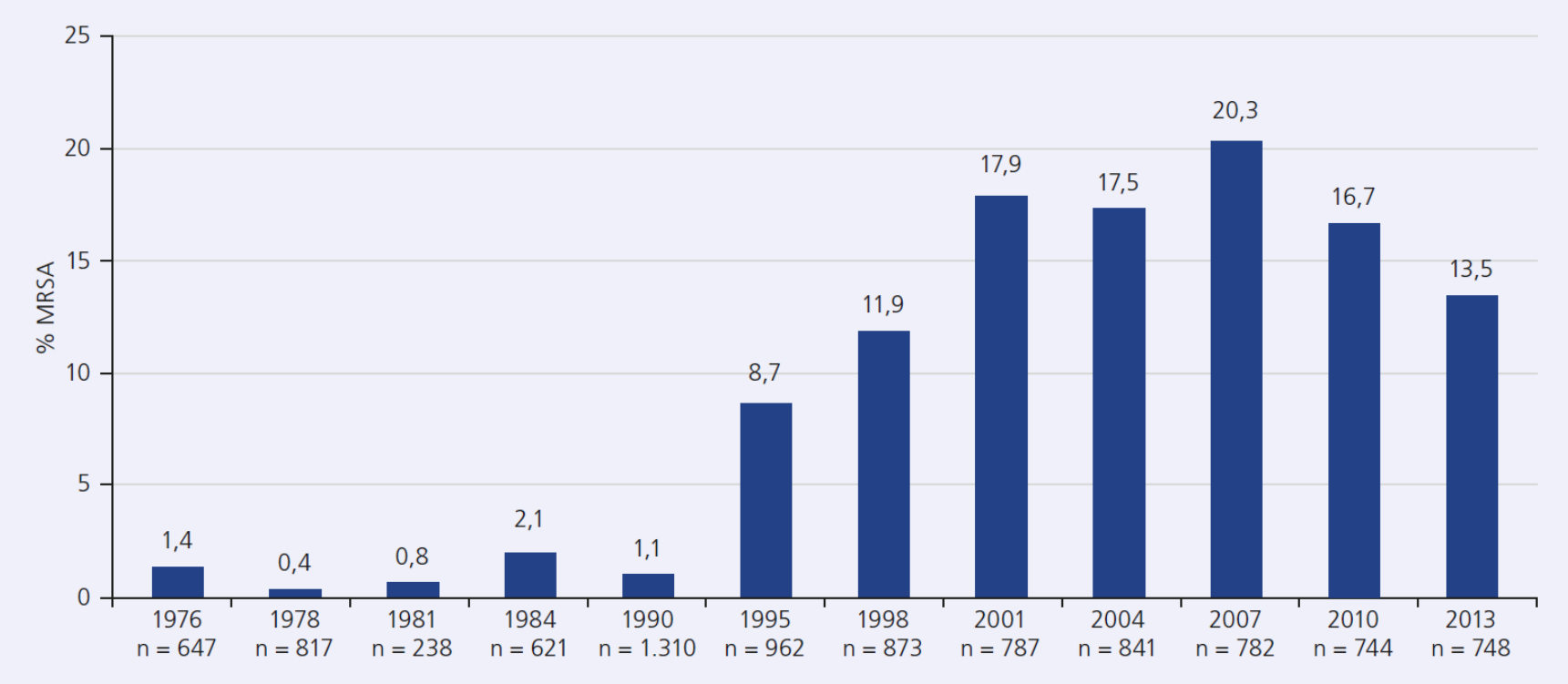
Bericht über den Antibiotikaverbrauch und die Verbreitung von Antibiotikaresistenzen in der Human- und Veterinärmedizin in Deutschland

S. aureus in BK aus Europa



GERMAP 2015

PEG-Daten zu MRSA in Deutschland



GERMAP 2015

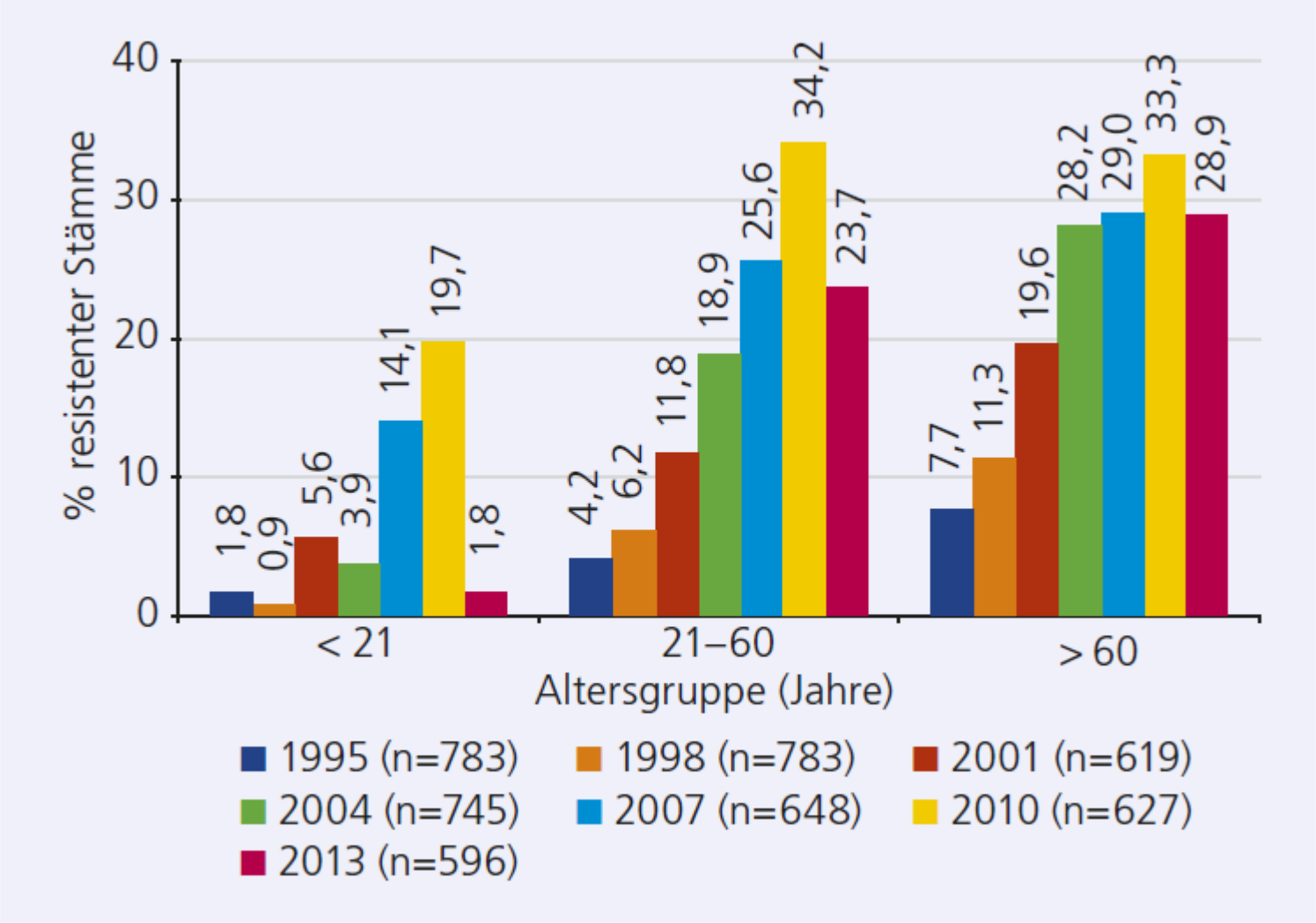
Resistenzdaten sind auch von der überregionalen Epidemiologie der MRSA-Klone abhängig …

Klonaler Komplex	Klonale Linie	2012	2013	2014	Häufige Resistenzphänotypen
CC5	ST228, t001, Süddeutscher Epidemiestamm	10,0%	2,0%	0%	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, CIP, MOX, (PHO), (MUP)
	ST5, t002, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	26,0%	28,6%	28,9%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, MOX
	ST225, t003, Rhein-Hessen-Epidemiestamm	70,0%	67,3%	62,2%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MOX), (MUP), (FUS)
CC8	ST8, t008	24,0%	24,5%	28,9%	PEN, OXA, (ERY), (CLI), (CIP), (MOX)
	ST239, t037, t030, Wiener Epidemiestamm	16,0%	2,0%	6,7%	PEN, OXA, GEN, ERY, CLI, TET, CIP, SXT, (RAM), MOX
CC22	ST22, t005,t020, t022, Barnim-Epidemiestamm	40,0%	42,9%	53,3%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MOX)
	ST22, t032, Barnim Epidemiestamm	88,0%	85,7%	84,4%	PEN, OXA, ERY, CLI, CIP, (MOX), (MUP), (FUS)
CC45	ST45, u.a. t004, t038, t065, Berliner-Epidemiestamm	28,0%	20,4%	17,8%	PEN, OXA, CIP, (MOX), (GEN), (ERY), (CLI)
Krankenhäuser gesamt		n = 50	n = 49	n = 45	

Angaben in Klammern: Nachweis nur bei einem Teil der Isolate

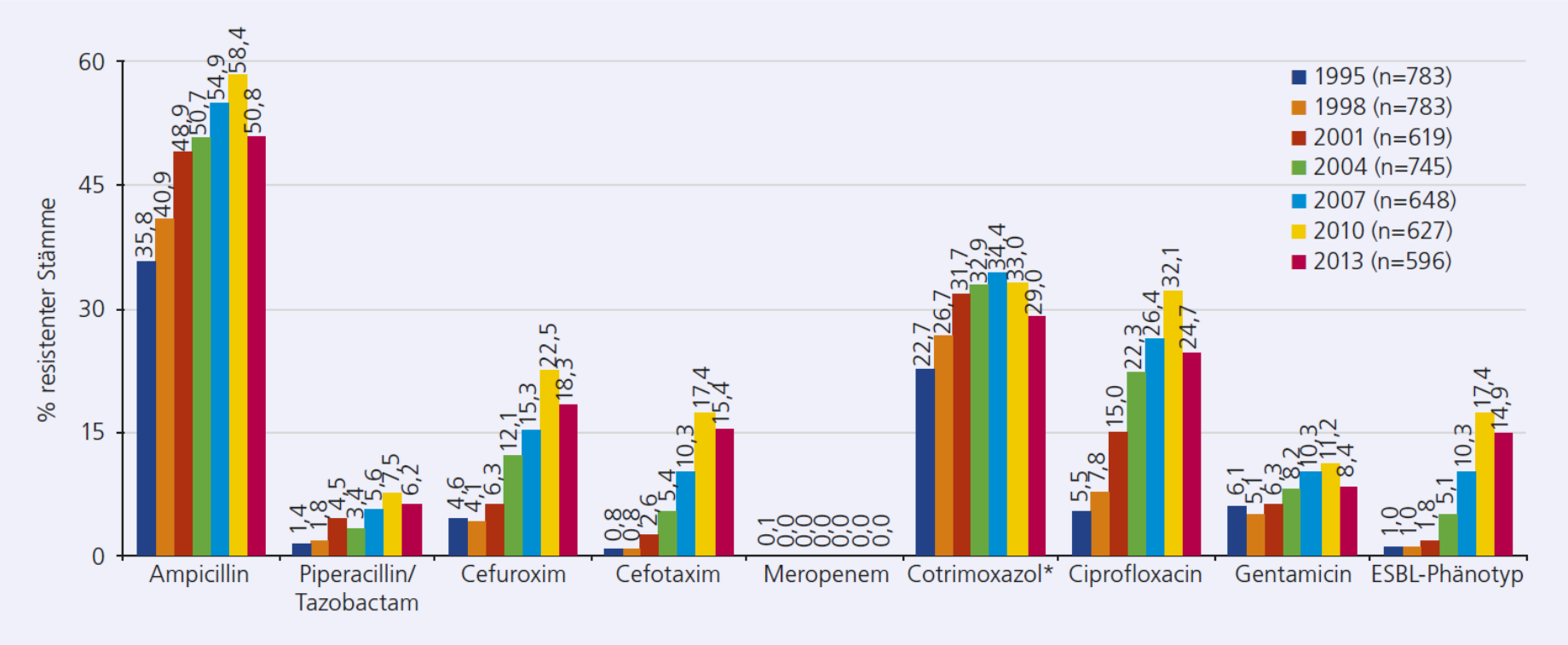
GERMAP 2015

Altersabhängigkeit der Chinolon-Resistenz E. coli



GERMAP 2015

Resistenzentwicklung *E. coli* im KH



GERMAP 2015

Vergleich ambulanter und stationärer ESBL-Resistenzmechanismen bei *E. coli*

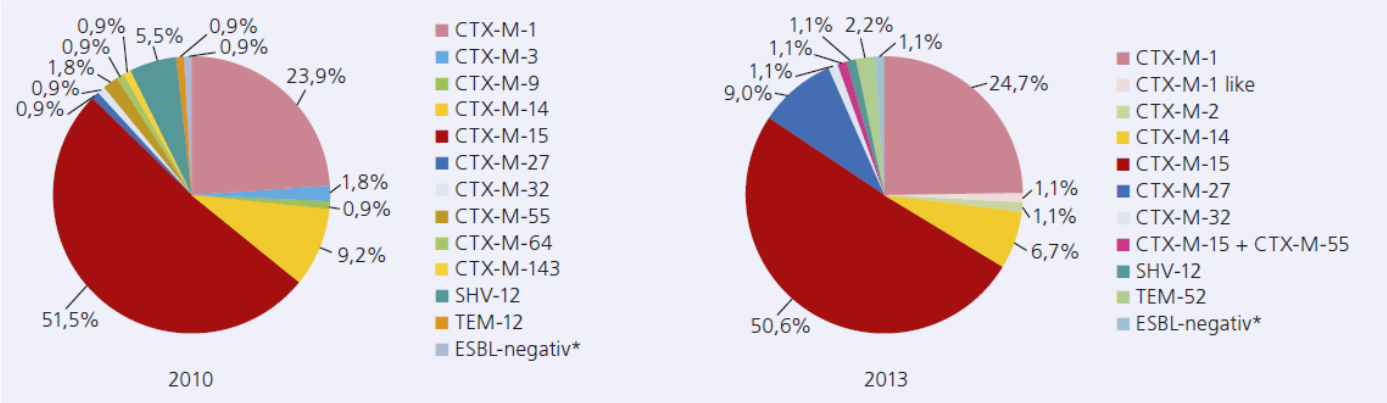


Abb. 4.1.5.1.9: Prozentuale Anteile von ESBL-Varianten an *E.-coli*-Isolaten mit dem ESBL-Phänotyp aus dem Hospitalbereich, 2010 (n=109) und 2013 (n=89) (Quelle: PEG-Resistenzstudie)
*Es konnte keine ESBL vom Typ CTX-M, SHV oder TEM entsprechend der Bush-Klassifikation nachgewiesen werden.

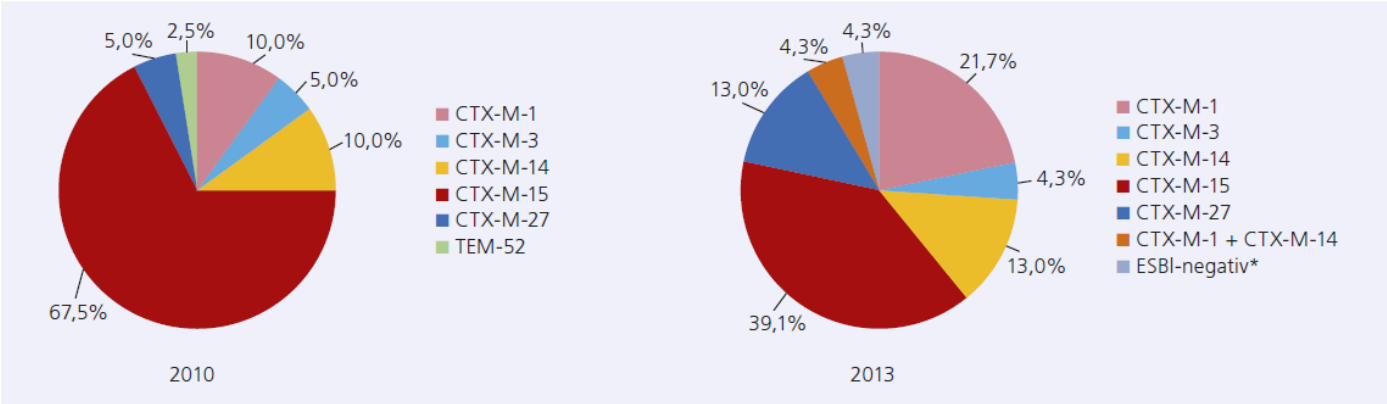


Abb. 4.1.5.1.10: Prozentuale Anteile von ESBL-Varianten an *E.-coli*-Isolaten mit dem ESBL-Phänotyp aus dem ambulanten Versorgungsbereich, 2010 (n=40) und 2013 (n=23) (Quelle: PEG-Resistenzstudie)
*Es konnte keine ESBL vom Typ CTX-M, SHV oder TEM entsprechend der Bush-Klassifikation nachgewiesen werden.

Gute Quelle: Die regelmäßigen Berichte aus den Nationalen Referenzzentren

ROBERT KOCH INSTITUT

Epidemiologisches Bulletin

17. Oktober 2019 / Nr. 42 AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2017/2018

Daten zur Häufigkeit von MRSA in Deutschland

Die nationale Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS) am Robert Koch-Institut (RKI) basiert auf Resistenzdaten aus der Routinediagnostik der stationären und ambulanten Versorgung. Der Anteil von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) an allen *S.-aureus*-Isolaten aus **allen Probenmaterialien** zeigt in diesem Surveillance-System seit Jahren rückläufige Tendenzen: In der stationären Versorgung sank der Anteil von 23,8 % im Jahr 2010 auf 13,3 % im Jahr 2018, in der ambulanten Versorgung von 13 % im Jahr 2010 auf 7,7 % im Jahr 2018 (Datenstand: 23.8.2019, Datum der Abfrage: 10.10.2019).[1]

Resistenzdaten aus ARS für **invasive Isolate** (Blutkulturen und Liquor) werden an das *European Antimicrobial Resistance Surveillance Network* (EARS-Net) übermittelt und ermöglichen so einen Vergleich im europäischen Kontext. Hier zeigt sich für Deutschland seit mehreren Jahren in Folge ein signifikanter Rückgang des Anteils von MRSA an allen *S.-aureus*-Isolaten von 12,8 % im Jahr 2013 auf 7,6 Prozent im Jahr 2018. Der europäische Durchschnitt sank ebenfalls von 18 % im Jahr 2013 auf 16,9 % im Jahr 2017. Dabei ist allerdings zu beachten, dass neben europäischen Ländern mit geringen MRSA-Raten (wie z. B. die Niederlande, Norwegen und Dänemark), diese in südeuropäischen Ländern (z. B. Griechenland und Portugal) 2017 weiterhin bei mehr als 35 % lagen.[2]

In der Surveillance der Antibiotika-Anwendung und bakteriellen Resistenzen (SARI) werden Daten zu Antibiotika-Verbrauch und Resistenzraten auf deutschen Intensivstationen erfasst. Dabei zeigt sich eine kontinuierliche Abnahme der MRSA-Rate von 27,2 % im Jahr 2011 auf 18,8 % im Jahr 2017 (https://eu-burden.info/sari/auswertung/down/RR_ZEIT.pdf).

Diese Woche 42/2019

Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2017/2018

Berufung des NRZ für Mykobakterien

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 39. Woche 2019

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 41. KW 2019

MRSA-Resistenzstatistik aus den Einsendungen ans Nationale Referenzzentren

Antibiotikum	2013 (%)	2014 (%)	2015 (%)	2016 (%)	2017 (%)	2018 (%)
Ciprofloxacin	81,8	80,0	79,7	75,5	72,80	68,81
Moxifloxacin	80,8	79,3	79,2	74,5	68,01	67,82
Erythromycin	58,9	58,2	56,3	56,6	49,34	46,76
Clindamycin	50,6	50,3	48,4	47,0	37,58	33,72
Gentamicin	5,0	6,6	5,4	5,1	5,78	9,88
Tetracyclin	7,2	8,6	10,9	13,5	15,07	13,90
Rifampicin	0,8	1,5	0,79	0,88	0,81	0,86
Cotrimoxazol	0,4	0,8	0,95	0,48	0,38	0,43
Fusidinsäure-Natrium	4,0	4,7	4,6	5,0	5,55	7,66
Fosfomycin	0,2	0,5	0,45	0,24	1,42	2,22
Linezolid	0,1	0,03	0,11	0,16	0,09	0,00
Tigecyclin	0,04	0,23	0,23	0	0,09	0,19
Daptomycin	2,7	2,9	3,2	2,4	3,84	2,47
Mupirocin	6,2*	I: 5,8/ R: 1,2	I: 4,1/ R: 1,2	I: 4,6/ R: 0,96	I: 3,79/ R: 1,04	I: 3,15/ R: 2,16
Vancomycin	0,04	0,03	0,04	0,04	0,05	0,19
Teicoplanin	0,3	0,13	0,04	0,16	0,05	0,12

Disease and laboratory networks

Emerging Viral Diseases-Expert Laboratory Network (EVD-LabNet)

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

About the network

Data collection and analysis

European Creutzfeldt-Jakob Disease Surveillance Network (EuroCJD)

European Diphtheria Surveillance Network (EDSN)

European Food- and Waterborne Diseases and Zoonoses Network (FWD-Net)

European Gonococcal Antimicrobial Surveillance Programme (Euro-GASP)

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

about us | networks and partnerships

About the network

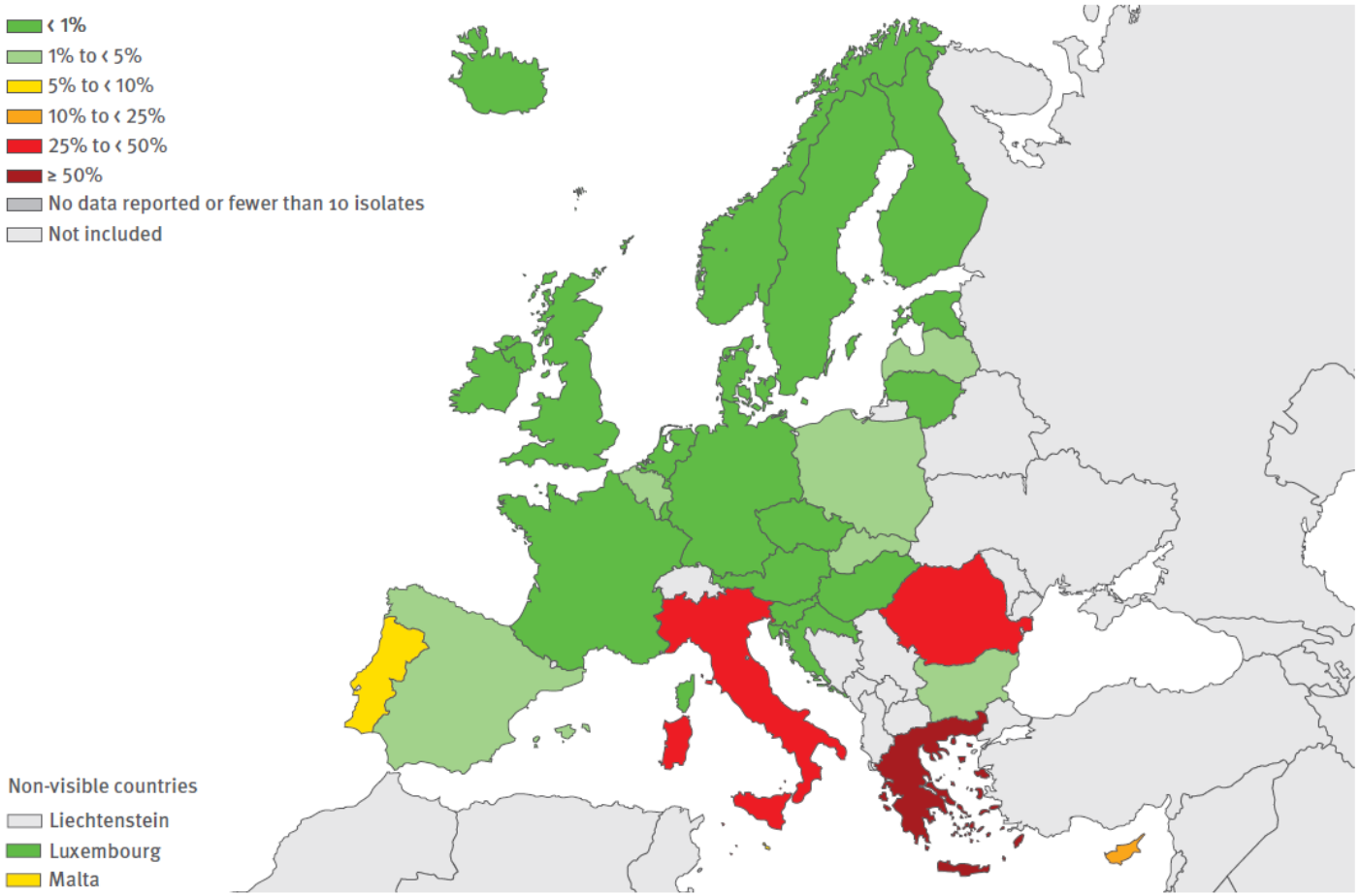
The European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net) is the largest publicly funded system for antimicrobial resistance (AMR) surveillance in Europe.

Data collection and analysis

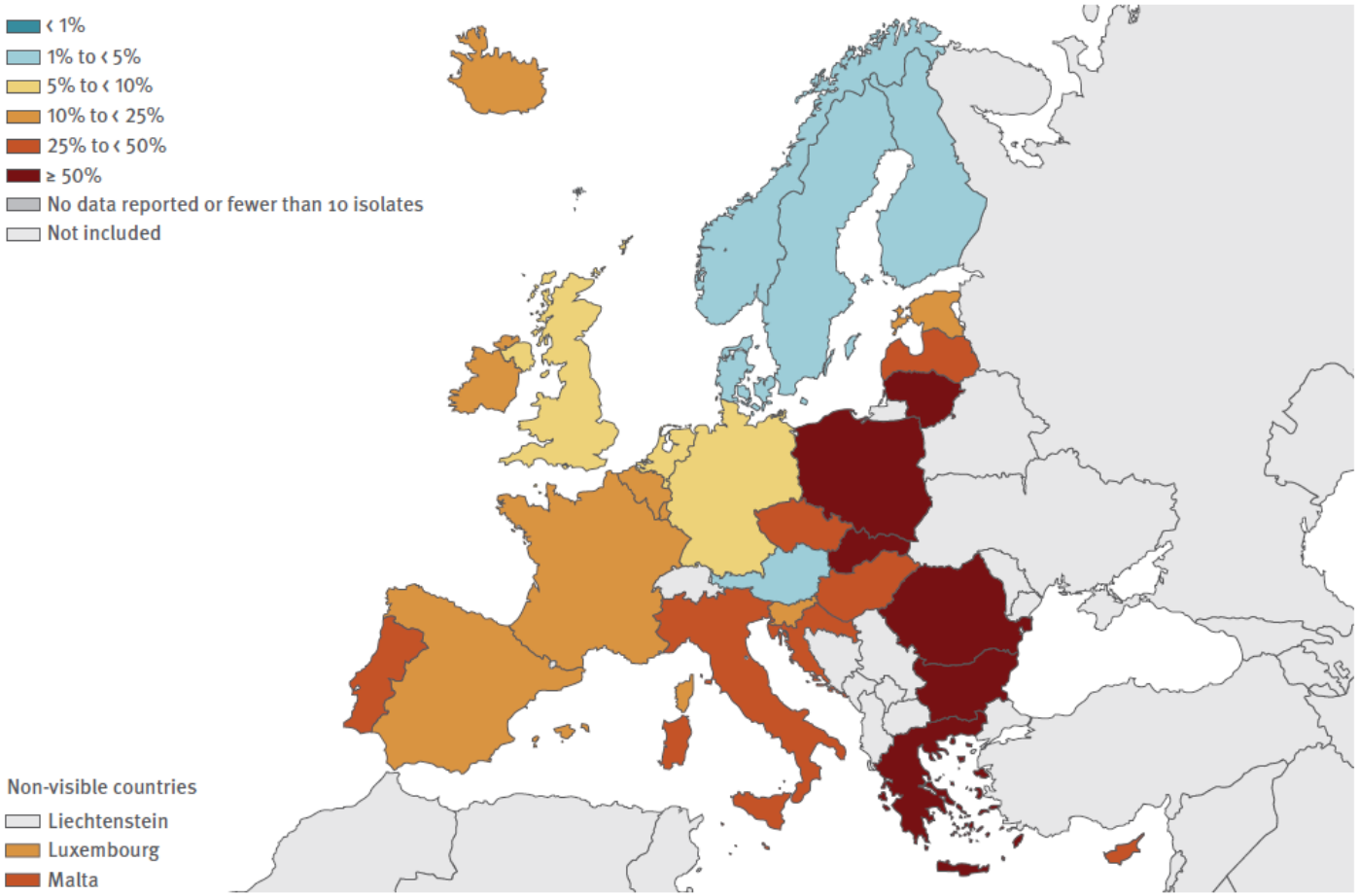
EARS-Net is based on routine clinical antimicrobial susceptibility data from local and clinical laboratories reported to ECDC by appointed representatives from the Member States.

Antibiotic/Antimicrobial resistance (AMR) | surveillance

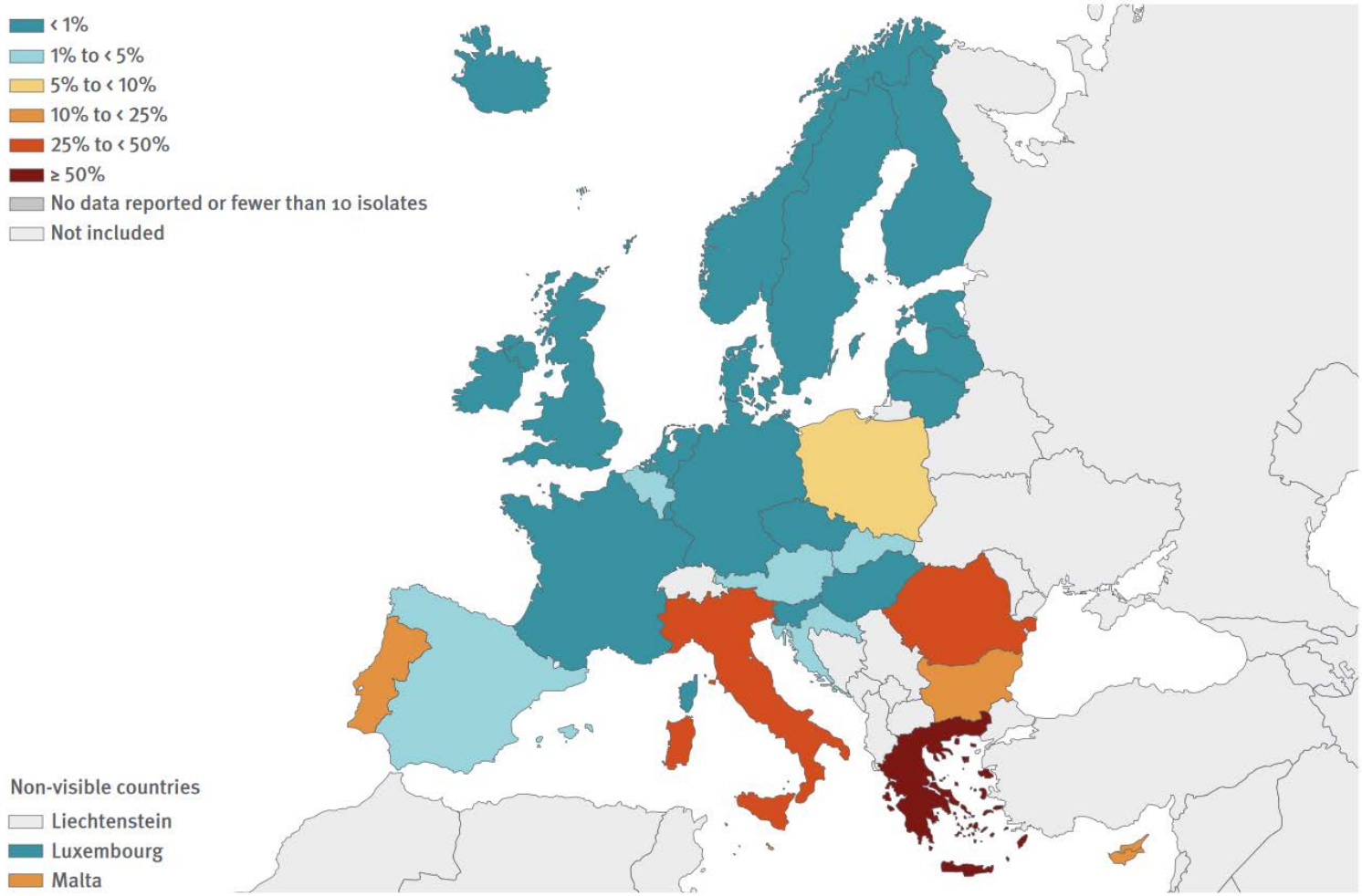
Anteil Carbapenemresistenz bei *K. pneumoniae* Blutstrominfektionen 2016



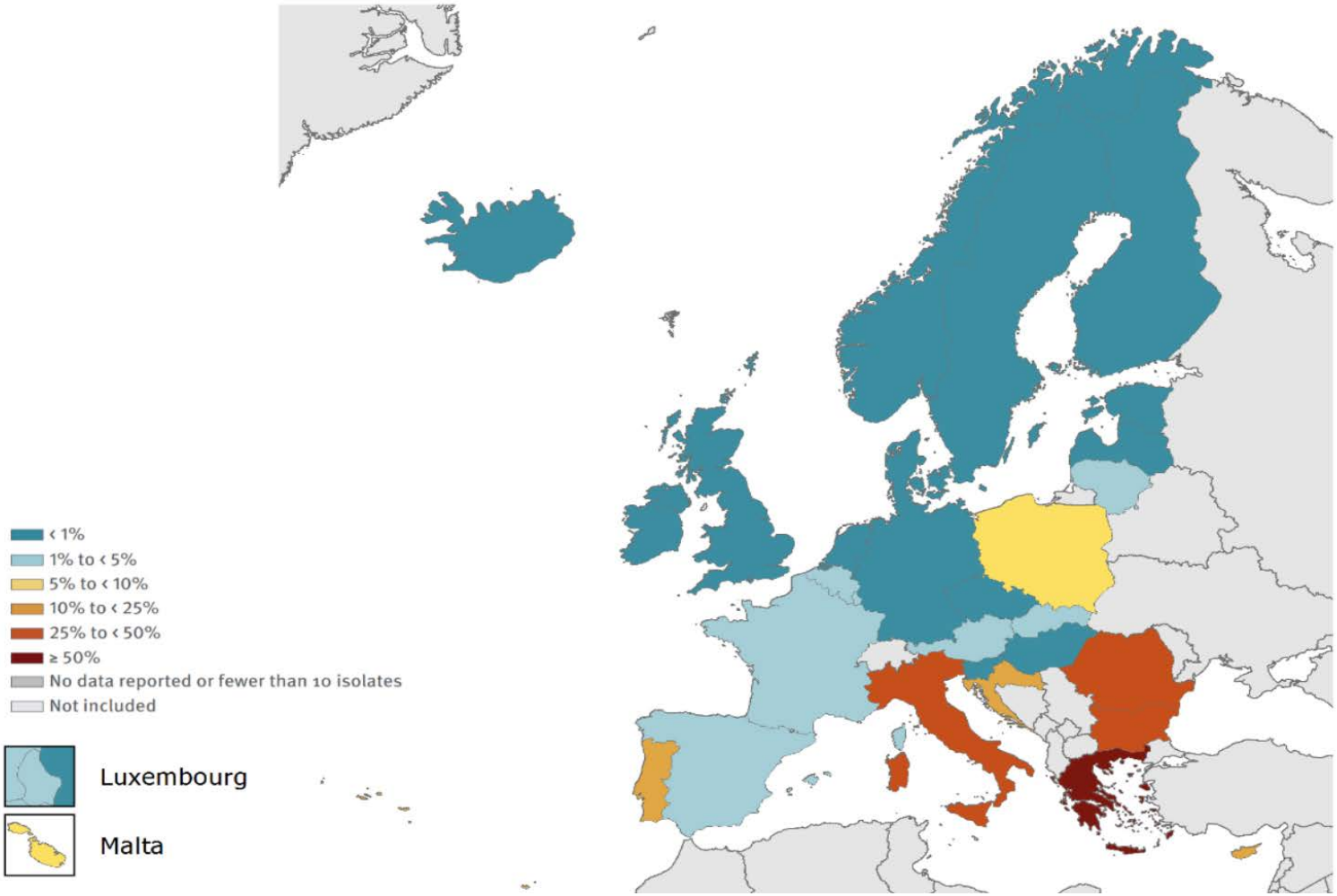
Anteil Carbapenemresistenz bei *K. pneumoniae* Blutstrominfektionen 2017



Anteil Carbapenemresistenz bei *K. pneumoniae* Blutstrominfektionen 2018



Anteil Carbapenemresistenz bei *K. pneumoniae* Blutstrominfektionen 2019



Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report

Early implementation

2020

World Health Organization

Germany

Population 83.52 million

The national surveillance of AMR is coordinated by the Robert Koch Institute, offering a publicly accessible interactive database for data of the AMR surveillance system (Antibiotika Resistenz Surveillance – ARS). The National action plan on prevention of AMR (DART 2020) was published in 2015.

SURVEILLANCE ACTIVITIES	IMPLEMENTATION
GLASS-AMR	✓
GLASS-AMC	
HIV DR[1]	
DR TB[2]	✓
Malaria TES[3]	
Tricycle	
EGASP	

1. HIV Drug-Resistance
2. Drug-Resistant TB
3. Malaria Therapeutic Efficacy Studies

National AMR surveillance systems key indicators

Indicators reported to GLASS

29571 surveillance sites participating to the national surveillance sytem

1163 hospitals

28408 outpatient facilities

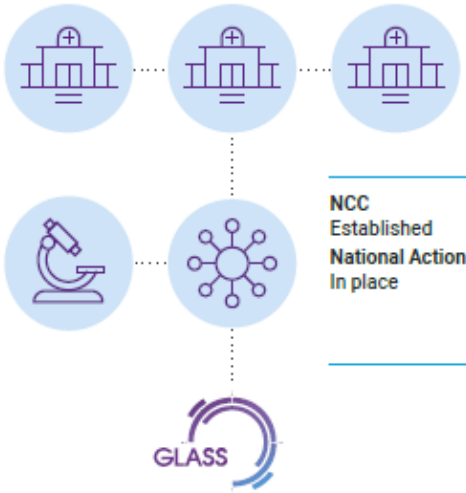
48 laboratories performing AST
EQA provided to all labs for bacterial identification and AST for some of GLASS pathogenes

NRL
Established

AST standard
EUCAST/CLSI

EQA
Provided

in 2019 data call
16429 surveillance sites providing data to GLASS
(602 hospitals)
(15827 outpatient facilities)



NCC
Established

National Action Plan
In place

GLASS - Germany: reported data

Drug-resistant TB surveillance	
High burden country[1]	No
Source of data	Surveillance
Surevillance coverage	National
Year of most recent activity	2015
Number of data points (1995-2019)[2]	19

1. This indicates whether the country has been defined by WHO for the period of 2016-2020 as having a high burden of TB and/or multidrug-resistant TB (MDR-TB)

2. Number of years from which data are available between 1995 and 2019

AMR data submission to GLASS (2019 data call)						
Specimen type	Pathogen	AST results	Age	Gender	Infection origin	Data on number of tested patient
Blood	Acinetobacter spp.	🟢	🟢	🟢	🔴	🔴
	E. coli	🟢	🟢	🟢	🔴	
	K. pneumoniae	🟢	🟢	🟢	🔴	
	Salmonella spp.	🔴	🔴	🔴	🔴	
	S. aureus	🟢	🟢	🟢	🔴	
	S. pneumoniae	🟢	🟢	🟢	🔴	
Stool	Salmonella spp.	🔴	🔴	🔴	🔴	🔴
	Shigella spp.	🔴	🔴	🔴	🔴	
Urine	E. coli	🔴	🔴	🔴	🔴	🔴
	K. pneumoniae	🔴	🔴	🔴	🔴	
Genital	N. gonorrhoeae	🟢	🟢	🟢	🔴	🔴

🟢 70-100% data reported 🟡 <70% data reported 🔴 No data reported