



Epidemiologisches Bulletin

24. Juni 2013 / Nr. 26

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Aktuelles zur Epidemiologie von *Clostridium difficile*

Bericht aus dem Konsiliarlabor *C. difficile*

Diese Woche

26/2013

Einleitung

Clostridium difficile ist die häufigste Ursache für nosokomiale Durchfallerkrankungen. Darüber hinaus gewinnt *C. difficile* eine wachsende Bedeutung bei der ambulant erworbenen Diarrhö. Die Entwicklung der globalen Epidemiologie der vergangenen Jahre war geprägt durch eine Zunahme der Inzidenzdichte von *C. difficile* (besonders bei Menschen > 65 Jahre), das vermehrte Auftreten schwerer Infektionen mit hoher Morbidität und Mortalität, die epidemische Ausbreitung hypervirulenter Stämme vom Ribotyp 027 (BI/NAP1) und von hypervirulenten Stämmen zoonotischen Ursprungs mit Ribotyp 078. Zusammen mit dem epidemischen Auftreten hypervirulenter Infektionen des Ribotyps 027 in Deutschland¹ wurde im Jahr 2007 die namentliche Meldepflicht nach §6 IfSG für den Nachweis von Ribotyp-027-Infektionen sowie für die Diagnose schwerer bzw. rekurrender *C. difficile*-Infektionen (CDI) eingeführt.

Clostridium-difficile-Infektionen

Aktuelles zur Epidemiologie von *C. difficile* – Bericht aus dem Konsiliarlabor

Die Möglichkeiten zur Typisierung von *C. difficile* sind in der Regel nur in spezialisierten Laboratorien gegeben, so dass der Nachweis und die Meldung hypervirulenter Stämme unter Routinebedingungen limitiert sind. Bislang gibt es für die Bundesrepublik nur wenige, regional z. T. diskrepante, Daten über die molekulare Epidemiologie von *C. difficile* und von Stämmen des Ribotyps 027.²⁻⁴ Seit 2011 ist das Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene des Universitätsklinikums des Saarlandes (UKS) Konsiliarlabor für *Clostridium difficile*. Aufgrund der Untersuchungen von extern eingesandten Proben können nun in Deutschland für einen Zweijahreszeitraum erste Ergebnisse über die Häufigkeit verschiedener Ribotypen in verschiedenen geografischen Regionen beschrieben werden. Bei den von externen Einsendern charakterisierten Isolaten handelt es sich in der Regel um Patientenproben mit besonderer klinischer Relevanz im Sinne schwerer, rekurrenter Infektionen und von nosokomialen Ausbrüchen. Im Vergleich wurden zeitgleich gewonnene konsekutive Isolate des UKS für den Vergleichszeitraum charakterisiert, die im Rahmen von diagnostischen Routineuntersuchungen bei Patienten mit Durchfallerkrankungen gewonnen wurden. Diese Isolate bilden das gesamte Spektrum von *C. difficile*-Infektionen der Region ohne spezifische Restriktion ab.

Diagnostische Grundlage für die *C. difficile*-Analytik des Konsiliarlabors ist ein erweiterter zweistufiger Diagnostikalgorithmus in Anlehnung an die internationalen Empfehlungen^{5,6} mit GDH-Screening (GDH = Glutamat-Dehydrogenase) und Bestätigungstest mit Toxin-A- und/oder -B-Nachweis. Diese Diagnostik wird ergänzt durch die toxigene anaerobe Kultur und gegebenenfalls durch PCR. Für die genotypische Typisierung von *C. difficile* stehen international verschiedene Methoden zur Verfügung, die gleichermaßen in der Lage sind, die aktuellen epidemiologisch relevanten Stämme zu identifizieren.⁷ Dabei hat sich in Europa die Nomenklatur der Ribotypisierung durchgesetzt. Aufgrund der ausgezeichneten Standardisierung und Reproduzierbarkeit wurde während des Beobachtungszeitraums die Typisierung mithilfe von *single locus sequence typing* des

