ROBERT KOCH INSTITUT

# Epidemiologisches Bulletin

22. Juni 2009 / Nr. 25

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

## Neue Influenza A/H1N1 in Deutschland

### Bewertung des bisherigen Geschehens

Nach dem Bekanntwerden der ersten humanen Fälle von Neuer Influenza A/H1N1 in Mexiko und den USA im April 2009 und der anschließenden Ausbreitung in anderen Ländern und auf anderen Kontinenten wurde von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) am 11.06.2009 aufgrund des Vorliegens fortgesetzter Mensch-zu-Mensch-Übertragungen über die WHO-Region Amerika hinaus die Phase 6 ausgerufen. In Deutschland wurde der erste Fall von Neuer Influenza A/H1N1 am 28.04.2009 bei einem deutschen Reisenden nach Rückkehr aus Mexiko bestätigt. Kurze Zeit später, am 01.05.2009, wurde der erste autochthone Fall in Deutschland diagnostiziert. Es handelte sich dabei um eine nosokomiale Infektion bei einem Mitpatienten des hospitalisierten ersten Falls.

Vom 28.04.2009–11.06.2009 (12.00 Uhr) wurden in Deutschland 103 laborbestätigte Fälle von Neuer Influenza A/H1N1 gemeldet (s. Abb. 1, S. 244). Laut Falldefinition (Stand: 15.05.2009) liegt ein bestätigter Fall vor, wenn bei der Person ein labordiagnostischer Nachweis von Neuer Influenza A/H1N1 durch oder in Absprache mit dem NRZ für Influenza erfolgt. Nachfolgend ist eine vorläufige Auswertung dieser Fälle dargestellt. Bei einem bestätigten Fall mit Reiseanamnese wird von einer importierten Infektion ausgegangen, wenn der Symptombeginn nicht länger als 7 Tage nach dem letzten Aufenthalt in dem Reisegebiet vorlag, von dem eine fortgesetzte Mensch-zu-Mensch-Übertragung gemeldet wird. Aus Abbildung 1 wird deutlich, dass anfangs fast ausschließlich importierte Fälle auftraten und später zunehmend autochthone Fälle gemeldet wurden.

Bei den bestätigten Fällen liegt der Altersmedian bei 25 Jahren (2–72 Jahre), eine Verteilung nach Altersgruppen ist in Abbildung 2 (s. S. 244) dargestellt. 52 % der Fälle waren männlich. Bisher sind 13 Bundesländer betroffen.

Bei 96 Fällen (93 %) ist die Quelle der Infektion bekannt. Es handelte sich bisher in der Mehrzahl der Fälle (76/96 = 79 %) um im Ausland erworbene Infektionen. Am häufigsten wurden die USA (61 Fälle) und Mexiko (9 Fälle) genannt, gefolgt von Argentinien (3 Fälle), Kanada, Panama und Großbritannien (jeweils ein Fall). Der Anteil autochthoner Fälle liegt bei 21 %. Bei 17 dieser 20 Fälle handelt es sich um Sekundärfalle mit Kontakt zu einem importierten Fall. Des Weiteren trat ein Tertiärfall im Zusammenhang mit einer importierten Infektion auf sowie 2 Fälle bei denen der Ursprung der Infektion nicht eindeutig zu ermitteln ist (keine Reiseanamnese und kein bekannter Kontakt zu einem bestätigten Fall). Sieben Sekundärfälle traten im familiären Umfeld auf, 6 Sekundärfälle im Freundeskreis, 3 Sekundärfälle in Krankenhaus bzw. bei ärztlicher Versorgung, bei einem Fall ist das Umfeld nicht eindeutig bestimmbar. Der Tertiärfall wurde aus einer KITA berichtet.

Sechs Cluster mit mehr als 2 Sekundär-/Tertiärfällen wurden identifiziert. Fünf dieser Cluster beinhalteten 2 Sekundär-/Tertiärfälle. Die Übertragung erfolgte innerhalb der Familie, im beruflichen Umfeld, in der KITA bzw. im Krankenhaus. Ein größerer Cluster mit 5 Sekundärfällen trat auf einer privaten Feier auf. Die am häufigsten geschilderten Symptome sind in Abbildung 3 (s. S. 244) dargestellt. In 11 % der Fälle lagen keine Angaben zur Klinik vor, 4 % der Fälle waren asymptomatisch.

Daten zur Hospitalisierung waren bei 85 Fällen (83 %) vorhanden. Knapp die Hälfte der Fälle (38/85 = 45 %) wurde in ein Krankenhaus aufgenommen. Soweit Informationen vorliegen, wurden die Hospitalisierungen vor allem aus

**Diese Woche 25/2009**

**Neue Influenza A/H1N1**
Bewertung des bisherigen Geschehens

**Rotaviren**
Zur molekularen Epidemiologie in Deutschland

**Meldepflichtige Infektionskrankheiten**
Aktuelle Statistik
22. Woche 2009
(Datenstand: 17. Juni 2009)

**Hinweis**
Getrennte Ausweisung von saisonaler Influenza und Neuer Influenza A/H1N1 ab 22. Woche 2009

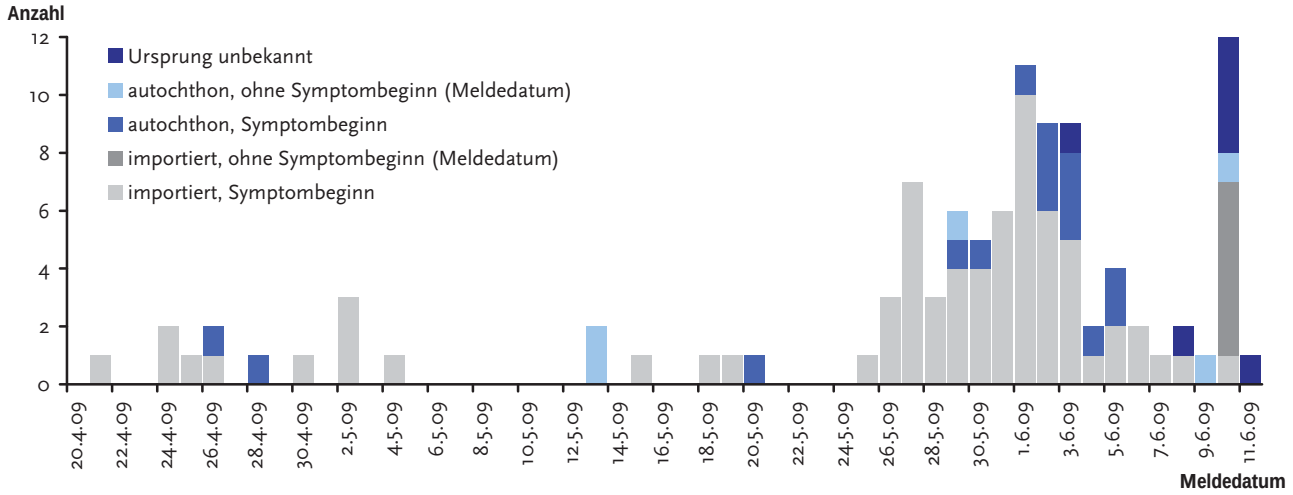


**Abb 1:** Laborbestätigte Fälle von Neuer Influenza A/H1N1, nach Meldedatum bzw. Symptombeginn, Deutschland, Stand: 11.06.2009, 12.00 Uhr (n = 103)

Gründen des Infektionsschutzes angeordnet, d. h. um den Fall abzusondern. Todesfälle traten bisher nicht auf.

Zuverlässige Daten zu Vorerkrankungen liegen nur bei einem Teil der Patienten vor, die besonders intensiv verfolgt wurden. Von diesen 18 Fällen wiesen 4 Fälle Vorerkrankungen auf (jeweils einmal metastasierendes Karzinoid, arterieller Hypertonus, Hypothyreose und chronische Atemwegserkrankung). Bisher musste kein Patient beatmet werden. Die Impfanamnese liegt von 63 Fällen vor. 16 % waren gegen saisonale Influenza geimpft worden.

Bei 72 % der Patienten sind Angaben zur Anzahl der ermittelten Kontaktpersonen verfügbar. Im Median waren dies 4 Kontakte (0–291). Genauere Angaben zur Art der Kontakte bzw. zu den veranlassten Quarantänemaßnahmen liegen derzeit noch nicht vor. Bei dem Teil der Fälle, die einschließlich ihrer Kontakte besonders intensiv verfolgt wurden, konnte die Anzahl der Kontakte mit laborbestätigter Neuer Influenza A/H1N1 pro Fall berechnet werden. Es wurden 7 laborbestätigte Kontakte von 22 Fällen ermittelt, somit ergeben sich ca. 0,3 laborbestätigte Kontakte/Fall.

## Zusammenfassung

Ca. **20 %** der bestätigten Fälle wiesen **kein Fieber** auf. Dies verdeutlicht die Bedeutung der Diagnostik bei Erkrankten mit respiratorischen Beschwerden, die für die entsprechende Person, Altersgruppe und Jahreszeit unerwartet auftritt, auch wenn das Vollbild einer *Influenza-like illness* nicht vorliegt. Entsprechende Expositionen, wie z. B. Auslandsanamnese und Kontakt zu wahrscheinlichen oder bestätigten Fällen, erhärten den diagnostischen Verdacht. Während zu Beginn die Mehrzahl der bestätigten Fälle von Neuer Influenza A/H1N1 aus Mexiko importiert wurde, kann inzwischen der überwiegende Anteil der importierten Infektionen auf einen Aufenthalt in den USA zurückgeführt werden. Mit der zunehmenden Ausbreitung der Erkrankung ändert sich dieses Bild jedoch rasch und die Bedeutung von autochthon erworbenen Infektionen nimmt weiter zu. Die Analyse einer Subgruppe von Patienten zeigte zunächst, dass verhältnismäßig wenige Kontakte der bestätigten Fälle Symptome entwickelten und/oder selbst virologisch bestätigt werden konnten (0,3 Kontakte/Fall). Auch, wenn nicht mit Sicherheit auszuschließen ist, dass es weitere nicht laborbestätigte Infektionen gegeben hat, deutet sich hier doch eine hohe Wirksamkeit der ergriffenen Maßnahmen an. Seit dem 02.06.2009 sind **zunehmend autochthone Fälle zu beobachten**, dies wird besonders deutlich an 2 größeren Ausbrüchen in 2 Schulen in Köln (8 bestätigte Fälle) und Düsseldorf (39 bestätigte

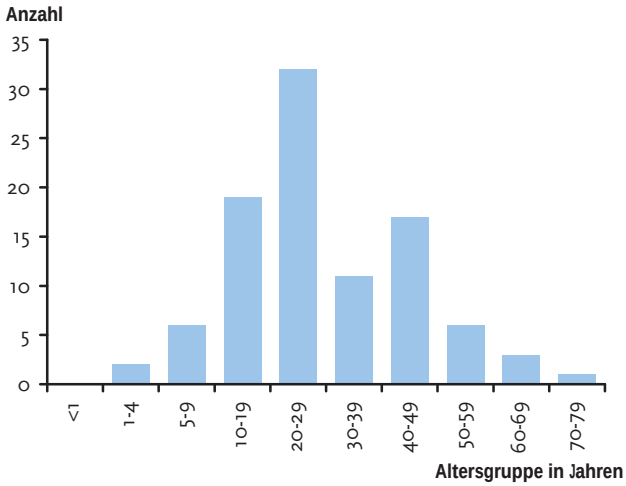


**Abb. 2:** Altersverteilung der laborbestätigten Fälle von Neuer Influenza A/H1N1, Stand: 11.06.2009, 12.00 Uhr (n = 97)

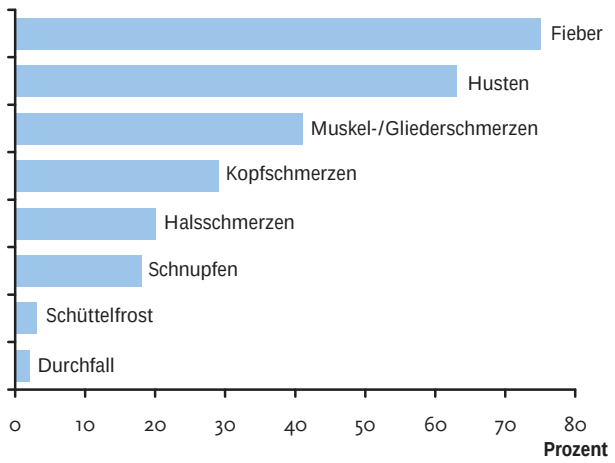


**Abb. 3:** Klinische Symptome der laborbestätigten Fälle von Neuer Influenza A/H1N1, Stand: 11.06.2009, 12.00 Uhr (n = 93)

Fälle, Stand: 15.06.2009, 12.00 Uhr). Dies ist ein Hinweis darauf, dass auch in Deutschland eine Zunahme der Mensch-zu-Mensch-Übertragung wie in anderen Ländern (Großbritannien, Japan, Australien) wahrscheinlich ist. Aufgrund der Tatsache, dass zunehmend in Deutschland auch Fälle bestätigt werden, die keine importierten Fälle darstellen, sollte das Vorliegen dieser Expositionen keineswegs als Vorbedingung für die spezifische Diagnostik auf Influenza A/H1N1 gesehen werden.

Bericht aus der Abteilung Infektionsepidemiologie im Robert Koch-Institut. Weitere Informationen unter: http://www.rki.de/influenza

## Molekulare Epidemiologie von Rotaviren in Deutschland

Rotaviren (RV) sind neben Noroviren die häufigsten Erreger einer viralen Gastroenteritis (GE). Mit RV-Infektionen sind weltweit jährlich über 500.000 Todesfälle unter Kindern assoziiert.[1] Zudem wird ein Viertel aller hospitalisierten GE-Fälle bei Kindern durch RV verursacht.[2] Symptomatische RV-Infektionen treten hauptsächlich bei Säuglingen und Kindern bis zum 5. Lebensjahr sowie bei Personen über 70 Jahren auf. Mehr als die Hälfte der Infizierten sind 2 Jahre alt oder jünger und ca. 95 % aller Kinder im Alter von 5 Jahren waren mindestens einmal mit RV infiziert. Während die Inzidenz der RV-Erkrankung in Ländern mit hohen und niedrigen Hygienestandards ähnlich ist, wird eine hohe Mortalität vor allem in Ländern mit geringem Einkommen bzw. mangelnder medizinischer Versorgung gefunden.[2] Die Zahl der in Deutschland seit dem Inkrafttreten des Infektionsschutzgesetzes im Jahr 2001 gemeldeten RV-Infektionen schwankte zwischen 38.000 und 77.000 Fällen (Zeitraum: 2001–2008), wobei jeweils eine saisonale Häufung im Frühjahr zu beobachten war.[3,4] Die Dunkelziffer dürfte jedoch mehr als das 5-Fache betragen, da oftmals bei einer akuten GE keine Diagnostik erfolgt. Zum diagnostischen Nachweis von RV werden in der Regel kommerzielle Antigen-Enzymimmunoassays eingesetzt.

Rotaviren werden primär fäkal-oral übertragen. Eine Übertragung kann über kontaminierte Nahrungsmittel und Oberflächen oder von Person zu Person, möglicherweise auch per Tröpfcheninfektion, erfolgen. Nach einer Inkubationszeit von 1–3 Tagen sind die häufigsten Symptome Durchfall, Erbrechen und Fieber, die zu einer starken Dehydrierung führen können. Die Behandlung ist symptomatisch und besteht in der i. v. Gabe von Elektrolytlösungen, wenn ein oraler Ausgleich nicht möglich ist, z. B. aufgrund schwerer Diarrhö oder Erbrechens. Todesfälle sind fast immer auf einen hohen Flüssigkeits- und Elektrolytverlust zurückzuführen.

### Virus und Klassifizierung

Rotaviren sind unbehüllte Viren mit einer hohen Infektiosität und Tenazität. Sie sind der Familie der *Reoviridae* zugeordnet. Die Bezeichnung Rotaviren erfolgte aufgrund des radähnlichen Erscheinungsbildes der 65–75 nm großen Viruspartikel (lateinisch: *rota* = Rad). Das RV-Genom umfasst 11 doppelsträngige RNA-Segmente. Die Klassifizierung von RV erfolgt anhand von 3 Kapsidproteinen der inneren und äußeren Kapsidschichten (bzw. derer kodierenden Genomsegmente): VP4, VP6 und VP7.[5] VP6 wird als gruppenspezifisches Antigen bezeichnet. Anhand des VP6 können derzeit 7 Gruppen (A–G) unterschieden werden, wobei sich in Gruppe A die häufigsten humanpathogenen GE-Erreger befinden. Sie sind in Europa und Nordamerika für über 90 % der Rotavirus-Erkrankungen verantwortlich. Innerhalb der Gruppe A wird weiter in sogenannte G- und P-Typen unterschieden. Aktuell werden anhand des VP7 mindestens 16 G-Typen (G = Glykoprotein) serologisch bzw. genetisch unterschieden, während 27 P-Typen (P = Protease-sensitives Protein VP4) bekannt sind. Bisher wurden 11 G- und 11 P-Typen bei humanen Rotavirus-Infektionen nachgewiesen. Während bei den G-Typen die Nomenklatur für Sero- und Genotypen identisch ist, unterscheidet sie sich bei den P-Typen. Beim humanen RV-Stamm Wa (G1P1A[8]) beispielsweise bezeichnet G1 den VP7-Geno- und Serotyp während P1A den VP4-Serotyp und P[8] den VP4-Genotyp bezeichnet (letzterer durch eckige Klammern gekennzeichnet). In aktuellen Studien wird vorwiegend der Genotyp bestimmt, da die hierfür verfügbaren molekularen Nachweismethoden zuverlässiger sind als die serologischen, dies trifft insbesondere auf VP4 zu.

### Molekulare Epidemiologie

Die Verteilung der zirkulierenden RV-Typen kann sich von Saison zu Saison sowie regional unterscheiden.[6–9] Trotz der heterogenen regionalen Verteilung sind globale Trends zu beobachten, z. B. die weltweite Ausbreitung vormals animaler RV-Typen als humane Virusstämme.[10] RV besitzen ein breites Wirtsspektrum. Neben Menschen infizieren RV diverse Tierarten, wie Rinder, Schweine, Hunde, Kaninchen und einige Vogelarten. Die verschiedenen RV-Varianten haben unterschiedliche Wirtsspezifitäten.

Humane Infektionen durch Gruppe A RV wurden in Europa und Nordamerika zu über 90 % durch G1P[8], G2P[4], G3P[8] und G4P[8] verursacht. Seit 10–15 Jahren wird hier jedoch verstärkt auch G9P[8] gefunden.[11] In einigen europäischen Ländern war G9P[8] bereits die zweithäufigste Typenkombination. Die humanen G9-Stämme haben sich in dieser Zeit deutlich verändert. Dies betrifft sowohl die **G/P-Typenkombination (Antigenshift)** als auch **Mutationen von G9 (Antigendrift)**. So wurde G9 in Europa ursprünglich als G9P[6]-Stamm bei humanen Infektionen nachgewiesen. G9 und P[6] sind RV-Typen, die häufig bei porcinen Gastroenteritiden gefunden werden. Eine verstärkte Ausbreitung von G9 erfolgte erst als G9P[*8*], wahrscheinlich aufgrund der besseren Adaptierung an humane Wirte. G3, G5, G6, G10 und G12 sind ebenfalls RV-Typen, die sowohl in humanen als auch in animalen Populationen zirkulieren. Das segmentierte RV-Genom erleichtert durch *Reassortment* (Austausch von Genomsegmenten) bei Zoonosen die Wirtsadaption und einen Antigenshift.[10] Der animale RV-Pool erhöht daher durch die Einbringung animaler Antigene erheblich das Risiko der Unterwanderung des humanen Immunsystems (Immunescape).

### Impfstoffe

Die WHO hat im Juni diesen Jahres vorgeschlagen, dass die Impfung gegen Rotaviren in alle nationalen Impfprogramme weltweit aufgenommen wird. Damit hat sie ihre frühere Empfehlung aus dem Jahr 2005 für Europa und den gesamten amerikanischen Kontinent insbesondere für Afrika und Asien erweitert.

Zur Immunprophylaxe sind derzeit in Deutschland zwei RV-Impfstoffe, Rotarix® (GlaxoSmithKline) und RotaTeq® (Sanofi Pasteur MSD), zugelassen, die bei Kindern im Alter zwischen 2 und 6 Monaten eingesetzt werden.

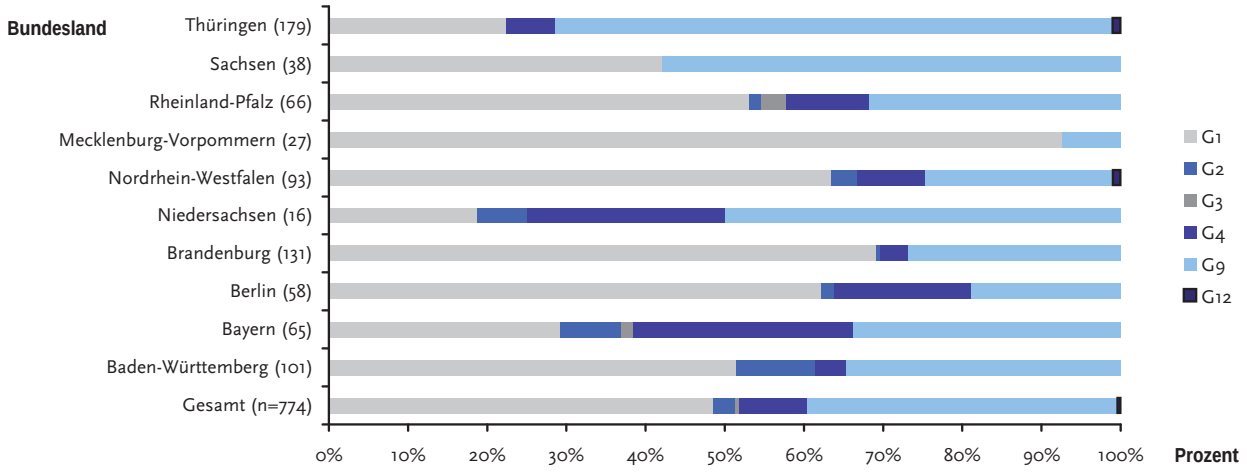


**Abb. 1:** Rotavirus-Typenverteilung nach Bundesland in Deutschland 2005/2006

**Rotarix®** ist ein monovalenter Impfstoff mit einem attenuierten humanen RV (Genotyp: G1P[8]).[12]

**RotaTeq®** ist ein pentavalenter, rekombinanter Impfstoff, der auf dem bovinen RV-Stamm WC3 basiert und die Antigene der humanen RV-Typen G1–G4 und P[8] enthält.[13]

Mit rund 90 % Effizienz der Impfungen bezüglich der Prävention schwerer GE sind die bisherigen Daten aus Impfstudien und erste Ergebnisse aus der Praxis positiv.[12,13] Da immer mehr Krankenkassen die Kosten übernehmen, dürfte in den kommenden Jahren die Impfrate steigen. Es ist möglich, dass sich unter dem Einfluss der RV-Impfung die RV-Zirkulation verändert. Denkbar wäre hierbei vor allem eine reduzierte Heterogenität beziehungsweise das verstärkte Auftreten von Stämmen, die nicht in den Impfstoffen enthalten sind und gegen die keine heterotypische Immunität induziert wird.

## Erfassung zirkulierender Rotavirustypen

Seit dem Jahr 2005 werden in Deutschland (Konsiliarlabor für Rotaviren am RKI) und anderen europäischen Ländern im Rahmen eines europäischen Netzwerkes (EuroRotaNet) die zirkulierenden RV-Typen erfasst.[7] Neben Deutschland führen 15 weitere Länder (Belgien, Bulgarien, Dänemark, Finnland, Frankreich, Griechenland, Großbritannien, Italien, Litauen, die Niederlande, Rumänien, Schweden, Slowenien, Spanien und Ungarn) unter Koordination der *Health Protection Agency* (Großbritannien) RV-Typisierungen durch. Die Datenerhebung erfolgt unter Vorgabe einheitlicher, PCR-basierter Nachweissysteme zur Typisierung von G1–4, G9, G10 und G12 sowie P[4], P[6] und P[8]–P[11], die in jedem Labor u. a. durch jährliche Ringversuche validiert werden.[7,9,14] Zu den epidemiologischen Parametern, die in die Datenauswertung einfliessen, gehören Alter, Geschlecht, geografische Zuordnung, *Setting* (ambulant oder stationär) und Datum (Beginn der Erkrankung und/oder Tag der Probennahme). Neben der Erfassung bekannter RV-Typen können durch VP6- oder NSP4-spezifische PCR-Systeme mit anschließender Sequenzierung auch nicht-typisierbare Proben nachgewiesen werden. Somit werden intratypische Veränderungen oder neue RV-Typen in humanen Populationen erfasst. Die Anzahl der im Rahmen von EuroRotaNet zu untersuchenden Proben hängt maßgeblich von der Einwohnerzahl in den jeweiligen Teilnehmerländern ab, in Deutschland liegt sie bei rund 800–1.000 Proben pro Jahr. Diese Proben werden freundlicherweise von Laboren aus Berlin, Potsdam, Cottbus, Rostock, Dresden, Erfurt, Hannover, Ingelheim, Leverkusen, Stuttgart und Weiden zur Verfügung gestellt, wo zunächst die Primärdiagnostik (Gruppe A RV Antigen-Nachweis) durchgeführt wird. Die Einzugsgebiete der untersuchten Proben entsprechen in der Regel den jeweiligen Bundesländern (Baden-Württemberg, Bayern, Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Sachsen und Thüringen).

## Daten zur Rotavirus-Typisierung der Jahre 2005–2008

Die ersten RV-Typisierungsdaten im Rahmen des EuroRotaNet wurden in Deutschland während der RV-Saison 2005/2006 erhoben.[9] Seit 2007/2008 werden jährlich Untersuchungen durchgeführt. In der RV-Saison 2005/2006 waren G1P[8] (49 %) und G9P[8] (39 %) die häufigsten RV-Genotypen in 774 untersuchten Proben. G2P[4], G3P[8] und G4P[8] lagen jeweils bei unter 10 %. Die regionale Verteilung unterschied sich sehr stark (s. Abb. 1). Der Anteil von G1P[8] und G9P[8] schwankte zwischen 19–93 % bzw. 7–70 %. Während G4P[8] insgesamt bei 9 % lag, wurde dieser Typ in einem Viertel aller Proben aus Niedersachsen und Bayern gefunden.

Die RV-Saison 2007/2008 wies im Vergleich zu 2005/2006 deutliche Änderungen in der Typenverteilung auf (s. Abb. 2). Obwohl in insgesamt 1.003 Proben G1P[8] weiterhin die häufigste Typenkombination war (41 %), wurde eine Zunahme von G4P[8] (30 %) registriert. Erste Daten der laufenden Saison 2008/2009 weisen auf einen weiteren Anstieg von G4P[8] hin.

Im Jahr 2007 wurde die PCR zur VP7-Typisierung durch Einschluss von Primern zur Detektion von G12 erweitert. Dieser Typ war bei 18 Proben der Saison 2007/2008 und retrospektiv bei 3 Proben aus 2005/2006 nachweisbar (überwiegend als G12P[8]). Im Gegensatz zu 2005/2006 war in 2007/2008 G9P[8] (6 %) nach G2P[4] (14 %) nur noch der vierthäufigste RV-Typ, lediglich in Proben aus Niedersachsen und Sachsen war die Frequenz deutlich

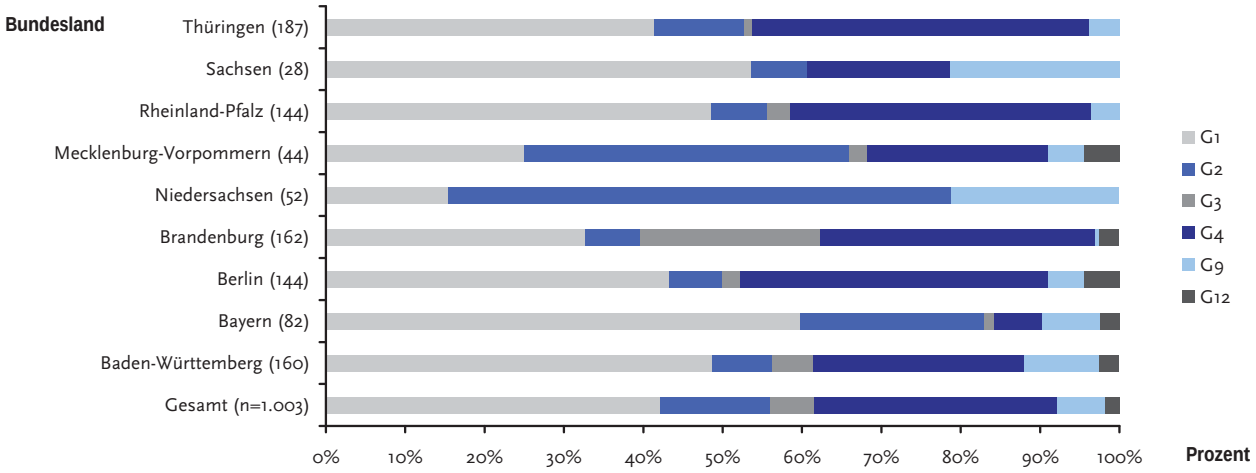


**Abb. 2:** Rotavirus-Typenverteilung nach Bundesland in Deutschland 2007/2008

höher (>20 %). Wiederum waren auch große Unterschiede in der regionalen Verteilung bei G1P[8] (15–60 %), G2P[4] (7–64 %), G3P[8] (0–22 %), G4P[8] (0–43 %) und G9P[8] (1–21 %) zu beobachten. Es kann daher nicht ausgeschlossen werden, dass die sehr unterschiedliche Probenanzahl aus den verschiedenen Regionen (s. Abb. 1 und 2) einen Einfluss auf die ermittelte RV-Verteilung in Deutschland hatte. Die Mediane der Typenverteilungen in den Bundesländern wichen jedoch weder 2005/2006 noch 2007/2008 wesentlich hiervon ab (maximale Abweichung: G9P[8], 2005/2006, Summe (Anteil) 39 % vs. Median 33 %).

Die in Deutschland beobachteten Trends spiegeln sich auch in Daten der anderen europäischen Länder wider. Hier war zunächst eine starke Präsenz von G9P[8] in 2005/2006 und ein sukzessiver Rückgang in 2006/2007 und 2007/2008 zu beobachten. Wurde 2005/2006 noch in 38 % der europäischen Proben G9P[8] gefunden, waren es 2006/2007 19 % und 2007/2008 12 %.[7]

Es gibt darüber hinaus aktuell diverse Hinweise auf die zoonotische Einbringung neuer RV-Stämme, wie beispielsweise der Anstieg von G9P[6]-Infektionen in Ungarn.[7] Hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen aus Indien eingeführten Stamm.[15] Eine aktuelle Studie aus Indien konnte in einem humanen Isolat einen G9P[6]-Stamm mit humanen und porcinen Genomsegmenten nachweisen.[16] Solche Stämme könnten sich, wie bereits geschehen (s. G9P[8]), weiter an humane Wirte anpassen und stark verbreiten.

Die Daten zur RV-Verteilung sind eine wichtige Grundlage für die Identifizierung von überregionalen Trends und tragen zum besseren Verständnis der Dynamik der RV-Verbreitung bei. In einer brasilianischen Studie wurde zum Beispiel die starke Zunahme der G2P[4]-Prävalenz in der untersuchten Region mit einer geringeren Effizienz der zuvor eingeführten RV-Impfung gegenüber diesem Typ in Verbindung gebracht.[17] Die Daten des EuroRotaNet zeigen jedoch für den gleichen Zeitraum (2006/2007) ebenfalls einen Anstieg von G2P[4] in den beteiligten Ländern[7] trotz unterschiedlicher, geringer Impfraten. Die Zunahme von G2P[4] ist in diesem Fall offensichtlich unabhängig von der RV-Impfung. Ob der verstärkte Einsatz der RV-Impfstoffe zukünftig einen wesentlichen Einfluss auf zirkulierende RV-Typen haben wird, ist nicht absehbar. Die jährliche Erfassung der RV-Zirkulation ist daher auch eine Voraussetzung für eine Einschätzung, ob Anpassungen der Impfstoffe notwendig sind.

**Literatur**

1. Parashar UD et al.: Rotavirus and severe childhood diarrhea. Emerg Infect Dis 2006; 12 (2): 304–306
2. Parashar UD et al.: Global illness and deaths caused by rotavirus disease in children. Emerg Infect Dis 2003; 9 (5): 565–572
3. RKI SurvStat: http://www3.rki.de/SurvStat
4. Wiese-Posselt M et al.: Rotaviren in Deutschland (2001–2006). Monatsschrift Kinderheilkunde 2007; 155 (2): 167–175
5. Desselberger U et al.: Rotaviruses and -vaccines. Br Med Bull 2009
6. O'Ryan M: The ever-changing landscape of rotavirus serotypes. Pediatr Infect Dis J 2009; 28 (3 Suppl): S60–62
7. Iturriza-Gómara M et al.: Rotavirus surveillance in Europe: Web-enabled reporting and real-time analysis of genotyping and epidemiological data. J Infect Dis 2009; (in press)
8. Oh DY et al.: Viral agents of acute gastroenteritis in German children: prevalence and molecular diversity. J Med Virol 2003; 71 (1): 82–93
9. Mas Marques A et al.: Group A rotavirus genotypes in Germany during 2005/2006. Arch Virol 2007; 152 (9): 1743–1749
10. Cook N et al.: The zoonotic potential of rotavirus. J Infect 2004: 48 (4): 289–302
11. Iturriza-Gomara M et al.: Characterisation of rotavirus G9 strains isolated in the UK between 1995 and 1998. J Med Virol 2000; 61 (4): 510–517
12. Bernstein DI: Live attenuated human rotavirus vaccine, Rotarix. Semin Pediatr Infect Dis 2006; 17 (4): 188–194
13. Clark HF et al.: The new pentavalent rotavirus vaccine composed of bovine (strain WC3) -human rotavirus reassortants. Pediatr Infect Dis J 2006; 25 (7): 577–583
14. Iturriza-Gomara M et al.: Rotavirus genotyping: keeping up with an evolving population of human rotaviruses. J Clin Virol 2004; 31 (4): 259–265
15. Laszlo B et al.: First detection of P[6],G9 rotaviruses in Hungary--an imported strain from India? J Travel Med 2009; 16 (2): 141–143
16. Mukherjee A et al.: Full genomic analysis of a human group A rotavirus G9P[6] strain from Eastern India provides evidence for porcine-to-human interspecies transmission. Arch Virol 2009; 154: 733–746
17. Gurgel RQ et al.: Predominance of rotavirus P[4]G2 in a vaccinated population, Brazil. Emerg Infect Dis 2007; 13 (10): 1571–1573

Bericht aus dem Konsiliarlabor für Rotaviren (FG 15) der Abteilung für Infektionskrankheiten im Robert Koch-Institut. **Ansprechpartner** ist Dr. Andreas Mas Marques (E-Mail: MasA@rki.de).

Wir danken folgenden diagnostischen Laboren für die Kooperation und die Zusendung von Probenmaterial: Labor Enders & Partner (Stuttgart), Synlab (Weiden), Laborarztpraxis Dr. W. Müller (Erfurt), Labor 28 (Berlin), Gemeinschaftslabor Dres. Mydlak/Thorausch (Cottbus), Ärztliches Labor Dr. Stettnisch (Potsdam), Medizinisches Labor Rostock, Niedersächsisches Landesuntersuchungsamt (Hannover), Laboratoriumsmedizin MVZ Leverkusen, Bioscentia (Ingelheim), Gemeinschaftspraxis Laboratoriumsmedizin und Mikrobiologie (Dresden), Vivantes Klinikum Neukölln (Berlin).

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

22. Woche 2009 (Datenstand: 17.06.2009)

| | Darmkrankheiten | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Campylobacter-Enteritis | | | EHEC-Erkrankung (außer HUS) | | | Erkr. durch sonstige darmpathogene E. coli | | | Salmonellose | | | Shigellose | | |
| | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. |
| **Land** | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 |
| Baden-Württemberg | 119 | 2.158 | 2.088 | 0 | 31 | 25 | 4 | 86 | 94 | 46 | 751 | 1.089 | 3 | 49 | 18 |
| Bayern | 156 | 2.537 | 2.156 | 0 | 39 | 37 | 19 | 292 | 379 | 88 | 1.215 | 1.395 | 1 | 56 | 43 |
| Berlin | 24 | 676 | 817 | 1 | 18 | 7 | 7 | 171 | 60 | 11 | 297 | 327 | 1 | 11 | 16 |
| Brandenburg | 32 | 599 | 636 | 0 | 10 | 4 | 6 | 130 | 96 | 20 | 302 | 446 | 0 | 7 | 2 |
| Bremen | 7 | 114 | 157 | 0 | 0 | 2 | 0 | 11 | 17 | 1 | 47 | 105 | 0 | 1 | 4 |
| Hamburg | 38 | 535 | 622 | 0 | 9 | 4 | 1 | 9 | 13 | 3 | 233 | 191 | 1 | 12 | 11 |
| Hessen | 78 | 1.228 | 1.081 | 0 | 5 | 2 | 0 | 46 | 42 | 43 | 616 | 789 | 0 | 15 | 14 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 37 | 511 | 521 | 0 | 1 | 4 | 6 | 85 | 91 | 21 | 319 | 333 | 0 | 2 | 0 |
| Niedersachsen | 105 | 1.580 | 1.721 | 1 | 38 | 50 | 5 | 173 | 96 | 59 | 977 | 1.229 | 0 | 7 | 17 |
| Nordrhein-Westfalen | 253 | 4.776 | 4.896 | 8 | 54 | 66 | 7 | 357 | 476 | 153 | 2.490 | 2.722 | 1 | 17 | 28 |
| Rheinland-Pfalz | 62 | 1.013 | 1.078 | 1 | 24 | 21 | 3 | 101 | 101 | 26 | 578 | 798 | 0 | 6 | 8 |
| Saarland | 21 | 333 | 385 | 0 | 3 | 1 | 1 | 16 | 18 | 4 | 138 | 206 | 0 | 1 | 0 |
| Sachsen | 78 | 1.508 | 1.846 | 3 | 24 | 40 | 12 | 261 | 339 | 53 | 779 | 1.236 | 0 | 12 | 8 |
| Sachsen-Anhalt | 29 | 518 | 456 | 0 | 5 | 4 | 2 | 170 | 161 | 39 | 425 | 714 | 1 | 7 | 2 |
| Schleswig-Holstein | 51 | 690 | 713 | 0 | 11 | 10 | 1 | 16 | 33 | 13 | 250 | 368 | 0 | 6 | 0 |
| Thüringen | 45 | 600 | 619 | 0 | 1 | 5 | 9 | 243 | 297 | 25 | 412 | 728 | 0 | 6 | 5 |
| **Deutschland** | **1.135** | **19.376** | **19.792** | **14** | **273** | **282** | **83** | **2.167** | **2.313** | **605** | **9.829** | **12.676** | **8** | **215** | **176** |

| | Virushepatitis | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Hepatitis A | | | Hepatitis B + | | | Hepatitis C + | | |
| | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. |
| **Land** | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 |
| Baden-Württemberg | 2 | 34 | 27 | 1 | 29 | 39 | 14 | 378 | 427 |
| Bayern | 4 | 75 | 61 | 1 | 38 | 40 | 24 | 469 | 518 |
| Berlin | 2 | 36 | 40 | 1 | 28 | 33 | 11 | 267 | 321 |
| Brandenburg | 0 | 17 | 3 | 1 | 8 | 10 | 3 | 31 | 49 |
| Bremen | 0 | 5 | 2 | 0 | 2 | 0 | 1 | 13 | 24 |
| Hamburg | 0 | 7 | 18 | 0 | 18 | 8 | 1 | 69 | 41 |
| Hessen | 0 | 37 | 25 | 0 | 17 | 29 | 8 | 131 | 156 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 0 | 12 | 11 | 0 | 3 | 8 | 0 | 29 | 27 |
| Niedersachsen | 0 | 28 | 29 | 0 | 11 | 29 | 3 | 114 | 152 |
| Nordrhein-Westfalen | 6 | 79 | 75 | 2 | 69 | 69 | 14 | 343 | 408 |
| Rheinland-Pfalz | 1 | 23 | 17 | 1 | 36 | 33 | 5 | 119 | 139 |
| Saarland | 0 | 4 | 12 | 0 | 5 | 7 | 1 | 27 | 33 |
| Sachsen | 3 | 14 | 14 | 1 | 19 | 12 | 14 | 98 | 127 |
| Sachsen-Anhalt | 0 | 9 | 11 | 0 | 4 | 9 | 5 | 72 | 74 |
| Schleswig-Holstein | 0 | 15 | 13 | 0 | 9 | 8 | 2 | 76 | 92 |
| Thüringen | 0 | 10 | 7 | 0 | 13 | 8 | 0 | 67 | 37 |
| **Deutschland** | **18** | **405** | **365** | **8** | **309** | **342** | **106** | **2.303** | **2.625** |

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die in der ausgewiesenen Woche im Gesundheitsamt eingegangen sind und bis zum 3. Tag vor Erscheinen dieser Ausgabe als klinisch-labordiagnostisch bestätigt (für Masern, CJK, HUS, Tuberkulose und Polio zusätzlich auch klinisch bestätigt) und als klinisch-epidemiologisch bestätigt dem RKI übermittelt wurden, **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr, 3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen,

22. Woche 2009 (Datenstand: 17.06.2009)

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

| Darmkrankheiten | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Yersiniose | | | Norovirus-Erkrankung | | | Rotavirus-Erkrankung | | | Giardiasis | | | Kryptosporidiose | | | |
| 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | |
| 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | Land |
| 1 | 62 | 88 | 86 | 12.561 | 14.804 | 92 | 2.797 | 4.081 | 5 | 213 | 256 | 0 | 6 | 22 | Baden-Württemberg |
| 11 | 158 | 179 | 208 | 16.719 | 15.334 | 158 | 5.909 | 6.409 | 17 | 349 | 399 | 0 | 7 | 16 | Bayern |
| 1 | 34 | 48 | 52 | 5.351 | 5.301 | 18 | 2.135 | 1.751 | 8 | 142 | 149 | 0 | 18 | 24 | Berlin |
| 1 | 45 | 69 | 65 | 6.533 | 6.674 | 69 | 4.007 | 3.494 | 1 | 44 | 60 | 0 | 8 | 7 | Brandenburg |
| 1 | 11 | 7 | 2 | 1.329 | 636 | 1 | 220 | 270 | 0 | 20 | 15 | 0 | 0 | 7 | Bremen |
| 1 | 41 | 30 | 34 | 3.507 | 3.217 | 10 | 1.199 | 1.612 | 0 | 41 | 58 | 0 | 4 | 3 | Hamburg |
| 3 | 89 | 88 | 31 | 7.733 | 8.254 | 39 | 2.157 | 2.361 | 4 | 99 | 130 | 0 | 7 | 21 | Hessen |
| 0 | 28 | 33 | 30 | 3.448 | 6.716 | 86 | 2.718 | 3.731 | 6 | 63 | 66 | 3 | 25 | 19 | Mecklenburg-Vorpommern |
| 3 | 122 | 142 | 63 | 10.745 | 14.804 | 106 | 3.825 | 5.086 | 2 | 72 | 97 | 0 | 33 | 42 | Niedersachsen |
| 9 | 237 | 241 | 146 | 30.612 | 31.944 | 192 | 7.883 | 10.254 | 2 | 221 | 333 | 1 | 60 | 37 | Nordrhein-Westfalen |
| 4 | 80 | 86 | 51 | 6.767 | 7.791 | 51 | 2.142 | 3.148 | 1 | 83 | 102 | 0 | 10 | 5 | Rheinland-Pfalz |
| 2 | 20 | 23 | 8 | 1.725 | 2.508 | 12 | 547 | 531 | 0 | 18 | 18 | 0 | 2 | 1 | Saarland |
| 6 | 177 | 242 | 158 | 12.705 | 13.709 | 151 | 5.990 | 9.161 | 3 | 102 | 133 | 0 | 23 | 28 | Sachsen |
| 2 | 63 | 90 | 44 | 7.097 | 5.950 | 35 | 2.984 | 3.895 | 1 | 38 | 47 | 0 | 2 | 16 | Sachsen-Anhalt |
| 4 | 51 | 80 | 79 | 4.071 | 5.937 | 28 | 915 | 2.061 | 1 | 31 | 19 | 0 | 3 | 3 | Schleswig-Holstein |
| 7 | 137 | 161 | 79 | 6.289 | 8.946 | 57 | 3.006 | 4.550 | 1 | 49 | 27 | 2 | 9 | 8 | Thüringen |
| **56** | **1.355** | **1.607** | **1.136** | **137.192** | **152.525** | **1.105** | **48.434** | **62.395** | **52** | **1.585** | **1.909** | **6** | **217** | **259** | **Deutschland** |

| Weitere Krankheiten | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Meningokokken-Erkrankung, invasiv | | | Masern | | | Tuberkulose | | | |
| 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | 22. | 1.–22. | 1.–22. | |
| 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | 2009 | | 2008 | Land |
| 2 | 29 | 30 | 3 | 51 | 358 | 12 | 230 | 234 | Baden-Württemberg |
| 0 | 54 | 42 | 0 | 26 | 242 | 11 | 231 | 280 | Bayern |
| 0 | 22 | 12 | 6 | 27 | 25 | 5 | 107 | 136 | Berlin |
| 0 | 8 | 7 | 0 | 4 | 4 | 0 | 36 | 37 | Brandenburg |
| 0 | 3 | 2 | 0 | 0 | 1 | 0 | 27 | 14 | Bremen |
| 0 | 4 | 2 | 2 | 207 | 1 | 2 | 84 | 64 | Hamburg |
| 1 | 14 | 12 | 1 | 18 | 33 | 8 | 160 | 160 | Hessen |
| 0 | 4 | 8 | 0 | 0 | 6 | 2 | 39 | 27 | Mecklenburg-Vorpommern |
| 0 | 22 | 18 | 0 | 61 | 10 | 4 | 147 | 169 | Niedersachsen |
| 2 | 71 | 52 | 0 | 63 | 39 | 19 | 484 | 491 | Nordrhein-Westfalen |
| 0 | 17 | 12 | 2 | 10 | 35 | 2 | 84 | 92 | Rheinland-Pfalz |
| 0 | 3 | 3 | 0 | 1 | 10 | 0 | 33 | 23 | Saarland |
| 0 | 12 | 14 | 0 | 2 | 2 | 2 | 79 | 78 | Sachsen |
| 0 | 4 | 6 | 0 | 0 | 1 | 0 | 49 | 72 | Sachsen-Anhalt |
| 1 | 13 | 8 | 9 | 15 | 5 | 3 | 44 | 31 | Schleswig-Holstein |
| 0 | 7 | 7 | 0 | 0 | 14 | 1 | 40 | 54 | Thüringen |
| **6** | **287** | **235** | **23** | **485** | **786** | **71** | **1.874** | **1.962** | **Deutschland** |

jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen. – Für das **Jahr** werden detailliertere statistische Angaben herausgegeben. Ausführliche Erläuterungen zur Entstehung und Interpretation der Daten finden sich im *Epidemiologischen Bulletin* 18/01 vom 4.5.2001.

+ Dargestellt werden Fälle, die vom Gesundheitsamt nicht als chronisch (Hepatitis B) bzw. nicht als bereits erfasst (Hepatitis C) eingestuft wurden (s. *Epid. Bull.* 46/05, S. 422). Zusätzlich werden für Hepatitis C auch labordiagnostisch nachgewiesene Fälle bei nicht erfülltem oder unbekanntem klinischen Bild dargestellt (s. *Epid. Bull.* 11/03).

## Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

22. Woche 2009 (Datenstand: 17.06.2009)

| Krankheit | 22. Woche 2009 | 1.–22. Woche 2009 | 1.–22. Woche 2008 | 1.–52. Woche 2008 |
|---|---|---|---|---|
| Adenovirus-Erkrankung am Auge | 5 | 61 | 62 | 180 |
| Brucellose | 0 | 6 | 13 | 24 |
| Creutzfeldt-Jakob-Krankheit * | 0 | 20 | 46 | 123 |
| Dengue-Fieber | 2 | 118 | 113 | 273 |
| FSME | 4 | 21 | 29 | 289 |
| Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS) | 0 | 17 | 14 | 59 |
| Hantavirus-Erkrankung | 1 | 16 | 119 | 243 |
| Hepatitis D | 0 | 2 | 2 | 7 |
| Hepatitis E | 2 | 35 | 45 | 104 |
| Saisonale Influenza | 9 | 26.788 | 14.055 | 14.852 |
| Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae | 3 | 95 | 69 | 152 |
| Legionellose | 10 | 138 | 154 | 524 |
| Leptospirose | 2 | 28 | 23 | 66 |
| Listeriose | 9 | 132 | 102 | 307 |
| Ornithose | 0 | 4 | 12 | 22 |
| Paratyphus | 0 | 10 | 19 | 86 |
| Q-Fieber | 2 | 73 | 179 | 370 |
| Trichinellose | 0 | 0 | 1 | 1 |
| Tularämie | 0 | 4 | 9 | 15 |
| Typhus abdominalis | 2 | 24 | 22 | 69 |

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

### Hinweis zur getrennten Ausweisung von saisonaler Influenza und Neuer Influenza A/H1N1

Ab der 22. Woche 2009 werden die Fälle von saisonaler Influenza und Neuer Influenza A/H1N1 getrennt ausgewiesen. In der aktuellen Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten sind nur die Meldungen für saisonale Influenza aufgeführt. Im Vergleich zur Vorwoche kann deshalb die Gesamtzahl der Meldungen (1.–22. Woche 2009) etwas geringer sein. Die Zahl der bestätigten Fälle an Neuer Influenza A/H1N1 pro Bundesland wird täglich aktualisiert und auf den Influenzaseiten des RKI veröffentlicht unter:
http://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/I/Influenza/IPV/Schweineinfluenza__Situation.html.

An dieser Stelle steht im Rahmen der aktuellen Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten Raum für kurze Angaben zu bestimmten neu erfassten Erkrankungsfällen oder Ausbrüchen von besonderer Bedeutung zur Verfügung („Seuchentelegramm"). Hier wird ggf. über das Auftreten folgender Krankheiten berichtet: Botulismus, vCJK, Cholera, Diphtherie, Fleckfieber, Gelbfieber, konnatale Röteln, Lepra, Milzbrand, Pest, Poliomyelitis, Rückfallfieber, Tollwut, virusbedingte hämorrhagische Fieber. Hier aufgeführte Fälle von vCJK sind im Tabellenteil als Teil der meldepflichtigen Fälle der Creutzfeldt-Jakob-Krankheit enthalten.

## Impressum

**Herausgeber**
Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18754–0
Fax: 030.18754–2328
E-Mail: EpiBull@rki.de

Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit

**Redaktion**
▶ Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)
Tel.: 030.18754–2324
E-Mail: SeedatJ@rki.de
▶ Dr. med. Ulrich Marcus (Vertretung)
E-Mail: MarcusU@rki.de
▶ Redaktionsassistenz: Sylvia Fehrmann
Claudia Paape (Vertretung)
Tel.: 030.18754–2455, Fax: –2459
E-Mail: EpiBull@rki.de

**Vertrieb und Abonnentenservice**
Plusprint Versand Service Thomas Schönhoff
Bucher Weg 18, 16356 Ahrensfelde
Tel.: 030.9487813
Fax: 030.9484781–50
E-Mail: info@pvsberlin.de

**Das Epidemiologische Bulletin**
gewährleistet im Rahmen des infektionsepidemiologischen Netzwerks einen raschen Informationsaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – den Ärzten in Praxen, Kliniken, Laboratorien, Beratungsstellen und Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie den medizinischen Fachgesellschaften, Nationalen Referenzzentren und den Stätten der Forschung und Lehre – und dient damit der Optimierung der Prävention. Herausgeber und Redaktion erbitten eine aktive Unterstützung durch die Übermittlung allgemein interessierender Mitteilungen, Analysen und Fallberichte. Das Einverständnis mit einer redaktionellen Überarbeitung wird vorausgesetzt.

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Es kann im Jahresabonnement für einen Unkostenbeitrag von € 49,– ab Beginn des Kalenderjahres bezogen werden; bei Bestellung nach Jahresbeginn errechnet sich der Beitrag mit € 4,– je Bezugsmonat. Ohne Kündigung bis Ende November verlängert sich das Abonnement um ein Jahr.

Die **aktuelle** Ausgabe des *Epidemiologischen Bulletins* kann über die **Fax-Abruffunktion** unter 03018.754–2265 abgerufen werden. Die Ausgaben ab 1997 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de > Infektionsschutz > Epidemiologisches Bulletin.

**Druck**
MB Medienhaus Berlin GmbH

**Nachdruck**
mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Belegexemplar erbeten. Die Weitergabe in elektronischer Form bedarf der Zustimmung der Redaktion.

**ISSN 1430-0265 (Druck)**
**ISSN 1430-1172 (Fax)**
**PVKZ A-14273**