

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018



Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018

Datenstand: 1. März 2019

Vorwort

Eine zeitnahe und kontinuierliche Surveillance bildet das zentrale Fundament für das Erkennen und Bewerten von Infektionsgefahren. Zwingend erforderlich ist auch eine regelmäßige Evaluation von Interventionsmaßnahmen. »Daten für Taten« meine sehr geehrten Damen und Herren, ist ein Leitgedanke des RKI. In ihm drückt sich aus, dass die Surveillance für den Infektionsschutz unverzichtbar ist.

Mit dem vorliegenden Jahrbuch möchten wir Sie erneut dazu einladen, mit uns zusammen strukturiert auf die Meldedaten des letzten Jahres zurückzuschauen. Diese haben wir ins Verhältnis zu den Meldedaten aus den Vorjahren gesetzt sowie Daten zu verschiedenen Erkrankungen innerhalb des vergangenen Jahres miteinander verglichen. Die bewährte Darstellung der Meldedaten als Jahrbuch ergänzt die kontinuierliche Bereitstellung der Daten in SurvStat sowie die wöchentlichen Veröffentlichungen im Epidemiologischen Bulletin.

Das Jahr 2018 war von einigen besonderen Herausforderungen geprägt: Zunächst erlebten wir eine ungewöhnlich schwere Influenzasaison 2017/18, deren Auswirkungen in der klinischen Patientenversorgung und im Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) sehr deutlich zu spüren waren. Das hohe Aufkommen von Meldungen, die zu bearbeiten waren, hat der ÖGD als Herausforderung verstanden und nach intensiver Problemanalyse gemeinsam mit dem RKI Möglichkeiten zu kurz-, mittel- und langfristigen Anpassungen entwickelt. Dazu gehört u. a. eine zum Jahreswechsel 2018/19 vom RKI eingeführte Änderung der Falldefinition für Influenza. Der Fortentwicklung und Verbesserung des Meldewesens wird im RKI ein hoher Stellenwert beigemessen, und für diesen Prozess pflegen wir eine offene Diskussionskultur mit allen Beteiligten.

Durch die europäische Datenschutz-Grundverordnung (DSGVO), die seit Mai 2018 ihre Anwendung findet, wurde die Datenschutzkonformität vieler Routineprozesse nochmals intensiv beleuchtet. Im Ergebnis steht die Meldepflicht gemäß IfSG nicht in Frage, aber mit den erweiterten Auflagen haben sich auch Meldepflichtige und der

ÖGD auseinandersetzen müssen. Die Umsetzung der DSGVO mit ihren deutlich gestiegenen Ansprüchen an die technischen Anforderungen des Datenschutz und der Datensicherheit insbesondere im Hinblick auf die Datenschutz-Folgenabschätzung stellt für die Anwender generell eine Herausforderung dar. In vielen Bereichen ist auch die Balance zwischen den Anforderungen der DSGVO und der technischen Ausstattung noch nicht erreicht. Eine rasche Entwicklung des Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystems für den Infektionsschutz (DEMIS) ist daher umso wichtiger. Für alle an diesem Prozess Beteiligten wäre es äußerst wünschenswert, wenn sowohl die IT-Infrastruktur als auch die personellen Ressourcen erweitert werden könnten.

Als Erfolg ist zu berichten, dass im Jahrbuch 2018 wieder Zahlen zu HIV präsentiert werden können, nachdem dies für das Jahrbuch 2017 aufgrund einer technischen Umstellung der Datenbank nicht möglich war. Das entsprechende Kapitel für das Jahrbuch 2017 kann nun aber auf der RKI-Webseite online eingesehen werden. Für die technische Umstellung wurde ein Algorithmus implementiert, der bei Eingang der Meldung automatisch erkennt, ob dieser Fall wahrscheinlich bereits gemeldet wurde. Da HIV-Nachweise gemäß Infektionsschutzgesetz § 7 Abs. 3 dem RKI direkt und nichtnamentlich gemeldet werden, konnten vor der Umstellung Meldungen, die sich auf den gleichen Fall beziehen, nicht leicht als solche erkannt werden. Das RKI kann nun die Daten auf der Basis einer deutlich präziseren Schätzung der HIV-Neudiagnosen darstellen. Die Korrektur wird auch für zurückliegende Jahre vorgenommen. Wichtig ist daher zu bedenken, dass die in diesem Jahr angegebene Zahl der HIV-Neudiagnosen für vorhergehende Jahre von der Zahl in früheren Berichten abweicht.

Die Verfügbarkeit der Daten ist indes keine Selbstverständlichkeit. Mit höchster Sorgfalt und Zuverlässigkeit werden die Daten zu den Fällen von Meldenden und Gesundheitsämtern zusammengetragen und auf Plausibilität und Vollständigkeit geprüft. Allen am Meldesystem Beteiligten gilt daher auch in diesem Jahr mein Dank für

ihren außerordentlich wichtigen Beitrag. Ohne ihren unermüdlichen Einsatz und Fleiß wäre weder die erfolgreiche Umsetzung des Infektionsschutzes in Deutschland, noch die Erstellung dieses Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs möglich.

Warum veröffentlichen wir die gemäß IfSG erhobenen Daten jedes Jahr in dieser Form? Das geschieht sicher nicht zum Selbstzweck. Der große Aufwand ist dadurch gerechtfertigt, dass die Daten als Teil der Evidenzbasis für rationale und

differenzierte Public-Health-Entscheidungen gewürdigt und genutzt werden. Um diese Evidenzgrundlage zu schaffen, arbeiten und forschen viele Menschen auf unterschiedlichsten Ebenen in unserem Land. Ihnen allen möchte ich hiermit meinen Dank und meine Wertschätzung aussprechen.

Prof. Dr. Lothar H. Wieler
Präsident des Robert Koch-Instituts, Berlin

Inhalt

Vorwort	3
Inhalt	5
Autoren	7
Abkürzungen	8
1 Zusammenfassung/ Executive Summary	9
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen	13
2.2 Datengrundlage	19
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	25
3 Datenqualität	27
3.1 EDV-technische Unterstützung	27
3.2 Sicherung der Datenqualität	28
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung	29
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	31
3.5 Zeitnähe	31
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	35
4.1 Inzidenzen	35
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	35
4.3 Klinische Aspekte	39
5 Ausbrüche	43
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	44
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	45
6 Spezielle Krankheiten	51
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ..	51
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis	55
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige	58
6.4 Botulismus	59
6.5 Brucellose	60
6.6 <i>Campylobacter</i> -Enteritis	61
6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung	65
6.8 Cholera	66
6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	67
6.10 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	69
6.11 Denguefieber	73
6.12 Diphtherie	75
6.13 Echinokokkose	77
6.14 EHEC-Erkrankung	81
6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	85
6.16 Fleckfieber	90

6.17	FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	90
6.18	Giardiasis	95
6.19	Haemophilus influenzae, invasive Infektion	98
6.20	Hantavirus-Erkrankung	102
6.21	Hepatitis A	105
6.22	Hepatitis B	111
6.23	Hepatitis C	117
6.24	Hepatitis D	122
6.25	Hepatitis E	123
6.26	HIV-Infektion	126
6.27	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	132
6.28	Influenza	135
6.29	Keuchhusten	144
6.30	Kryptosporidiose	151
6.31	Läuserückfallfieber	154
6.32	Legionellose	155
6.33	Lepra	160
6.34	Leptospirose	160
6.35	Listeriose	163
6.36	Malaria	166
6.37	Masern	169
6.38	Meningokokken, invasive Infektion	176
6.39	Milzbrand	182
6.40	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	182
6.41	Mumps	186
6.42	Norovirus-Gastroenteritis	191
6.43	Ornithose	195
6.44	Paratyphus	196
6.45	Pest	197
6.46	Poliomyelitis	197
6.47	Q-Fieber	198
6.48	Rotavirus-Gastroenteritis	200
6.49	Röteln	205
6.50	Salmonellose	210
6.51	Shigellose	214
6.52	Syphilis	217
6.53	Tollwut	221
6.54	Toxoplasmose, konnatale Infektion	222
6.55	Trichinellose	223
6.56	Tuberkulose	224
6.57	Tularämie	228
6.58	Typhus abdominalis	229
6.59	Virale Hämorrhagische Fieber	231
6.60	Windpocken	233
6.61	Yersiniose	239
6.62	Zikavirus-Erkrankung	242
6.63	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	244
	Impressum	247

Autoren

Maria an der Heiden
Mona Askar
Susanne Behnke
Sonia Boender
Viviane Bremer
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Tanja Charles
Michaela Diercke
Sandra Dudareva
Tim Eckmanns
Julia Enkelmann
Werner Espelage
Mirko Faber
Gerhard Falkenhorst
Christina Frank
Martyna Gassowski
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Alexandra Holzer
Klaus Jansen
Anja Klingeberg
Judith Koch
Katrín Kremer
Theresa Kreusch
Amrei Krings
Wiebe Külpers
Raskit Lachmann
Ulrich Marcus
Adine Marquis
Dorothea Matysiak-Klose
Lynn Meurs
Kai Michaelis
Inge Mücke
Nita Perumal
Kirsten Pörtner
Annicka Reuss

Eugenia Romo Ventura
Bettina Rosner
Anika Schielke
Julia Schilling
Nicole Schmidt
Anette Siedler
Klaus Stark
Sabine Vygen-Bonnet
Ole Wichmann
Hendrik Wilking
Aryna Zanuzdana
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Maria an der Heiden
Mona Askar
Hermann Claus
Michaela Diercke
Inge Mücke
Ute Rexroth
Meike Schöll
Juliane Seidel

Weitere Mitarbeiter

Linus Grabenhenrich
Kerstin Dehmel
Alexandra Hofmann
Ann-Sophie Lehfeld
Astrid Milde-Busch
Kerstin Prahm
Andrea Sailer
Madlen Schranz

Abkürzungen

Abs.	Absatz
AGI	Arbeitsgemeinschaft Influenza
AIDS	Acquired Immune Deficiency Syndrome (erworbenes Immundefizienz-Syndrom)
AK	Antikörper
CJK (CJD)	Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (Creutzfeldt-Jakob Disease)
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EHEC	Enterohämorrhagische <i>Escherichia coli</i>
Einw.	Einwohner
ELISA	Enzyme Linked Immunosorbent Assay
Erkr.	Erkrankungen
FD	Falldefinition
FSME	Frühsommer-Meningoenzephalitis
GA	Gesundheitsamt
HIV	Humanes Immundefizienz-Virus
HUS	Hämolytisch-urämisches Syndrom
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IfSG-MeldAnpV	Infektionsschutzgesetz-Meldepflicht-Anpassungsverordnung
IGV	Internationale Gesundheitsvorschriften
IPV	inaktivierte Polio-Vakzine
ISO	International Organization for Standardization
i. m.	intramuskulär
i. v.	intravenös
LK	Landkreis
MERS-CoV	Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus
MRSA	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
MSM	Männer, die Sex mit Männern haben
NAT	Nukleinsäure-Amplifikationstest
NRZ	Nationales Referenzzentrum
OPV	orale Polio-Lebendvakzine
PFGE	Pulsfeld-Gelelektrophorese
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
PLZ	Postleitzahl
RD	Referenzdefinition
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
RT-PCR	Real-time PCR
spp.	Spezies (pl.)
STI	Sexually Transmitted Infections
STIKO	Ständige Impfkommission am Robert Koch-Institut
subsp.	Subspezies
SurvNet@RKI	Software zur Eingabe, Verwaltung, Übermittlung und Auswertung von Meldedaten für den Öffentlichen Gesundheitsdienst, die vom RKI entwickelt wurde
SurvStat@RKI	Software zur Auswertung von Meldedaten, die das RKI der Fachöffentlichkeit online zur Verfügung stellt
WBK	Weitere Bedrohliche Krankheit
WHO	World Health Organization (Weltgesundheitsorganisation)
ZNS	Zentralnervensystem

1 Zusammenfassung

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die an das Robert Koch-Institut (RKI) gemeldeten bzw. übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet.

Wie auch im Vorjahr sind gastrointestinale Krankheiten, wie **Norovirus-Gastroenteritis**, **Campylobacter-Enteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis**, sowie die impfpräventablen Krankheiten **Influenza** und **Windpocken** die 5 häufigsten meldepflichtigen Infektionskrankheiten. Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen spiegelt eine deutlich stärkere Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr, aber auch im Vergleich zu allen vorangegangenen Influenzawellen seit Inkrafttreten des Infektionsschutzgesetzes wider. Der Erkrankungsgipfel lag hier erneut bei Kindern. Im Vergleich zum Vorjahr war jedoch auch die Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen stärker betroffen, ähnlich wie die Gruppe der Hochaltrigen (ab 80 Jahre).

Steigende Fallzahlen waren im Jahr 2018 u. a. bei **FSME** und **Hepatitis E** zu beobachten. Bei anderen meldepflichtigen Krankheiten war über die letzten Jahre ein deutlicher Rückgang der Fallzahlen, nicht zuletzt aufgrund wirksamer Präventionsmaßnahmen im Bereich Infektionsschutz, zu beobachten. Der deutliche Rückgang der **Rotavirus-Erkrankungen**, insbesondere bei Kindern, kann unter anderem als Effekt der Umsetzung der STIKO-Empfehlung für eine Rotavirus-Impfung im Säuglingsalter angesehen werden. Die bessere Implementierung von Hygienemaßnahmen in Krankenhäusern wird wahrscheinlich zum seit Jahren zu beobachtenden deutlichen Rückgang der invasiven **MRSA-Infektionen** beigetragen haben.

Im Mai 2016 wurden mit der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung neue Meldepflichten eingeführt und mit bestehenden Meldepflichten aus weiteren Verordnungen zusammengeführt. Darauf basierend wurden die Daten für invasive **MRSA-Infektionen**, **Clostridium-difficile-Erkrankungen** mit klinisch schwerem Verlauf, **Chikungunyavirus-** und **Zikavirus-Erkrankungen** bereits im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch

2016 veröffentlicht. Im Jahr 2018 werden zum zweiten Mal Daten zu **Carbapenem-nichtempfindlichen Erregern** dargestellt. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, Fälle wurden aus allen Bundesländern übermittelt.

Die molekulare Surveillance spielt bei der Erkennung von Ausbruchsgeschehen eine immer wichtigere Rolle. Eines der größten Ausbruchsgeschehen 2018 umfasste 191 Erkrankungen in mehreren Bundesländern und wurde durch **Salmonella Enteritidis** Complexotyp (CT) 1734 verursacht. Das wahrscheinliche Infektionsvehikel waren Eier aus Bodenhaltung. Bei diesem Ausbruch konnte erst anhand der Ergebnisse der molekularen Typisierung von Erregerisolaten der Zusammenhang mit 24 kleineren Ausbrüchen entdeckt werden.

Durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es auch bei der **Legionellose** möglich, ursächliche Infektionsquellen zu identifizieren. Jedoch werden bei fast allen Krankheiten die Typisierungsergebnisse weiterhin mit unzureichender Vollständigkeit den Fällen zugeordnet und übermittelt. Dass die Typisierungsergebnisse an die Gesundheitsämter gemeldet werden müssen, wurde im Rahmen der IfSG-Novellierung 2017 durch explizite Nennung als Melde- und Übermittlungsinhalt klargestellt.

Allgemein wird seit Jahren eine Abnahme der übermittelten Angaben zur Erregertypisierung beobachtet, die zum Beispiel bei **EHEC-Erkrankung**, **HUS** oder **Listeriose** eine Ausbruchserkennung erschwert.

Durch Ausbruchsuntersuchungen können Übertragungswege identifiziert werden, denen ggf. in der Vergangenheit weniger Bedeutung beigegeben wurde. Einem größeren Ausbruchsgeschehen wurden 59 Personen mit **Hepatitis-C-Virus-Infektion** zugeordnet. Die Übertragung fand wahrscheinlich durch Injektionen im Rahmen des Krankenhausaufenthaltes statt. Beachtenswert war im Jahr 2018 darüber hinaus ein **Tularämie**-Ausbruch unter Mitgliedern einer Jagdgesellschaft. Infektionsquelle waren frisch erlegte Hasen.

Von starken Schwankungen geprägt sind typischerweise auch die **Hantavirus-Erkrankungen** aufgrund des Zusammenhangs zwischen der Dichte der Nagetierpopulationen und der Buchenmast der Vorjahre. Nach einer schwachen Buchenmast im Jahr 2017 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumalavirus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2018 ausgesprochen niedrig. Auch die Anzahl der übermittelten **Q-Fieber-Erkrankungen** zeigt, dass es sowohl bei sporadischen Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland starke und, wie im Berichtsjahr, schwache Jahre gibt. Seit 2001 schwanken die Zahlen deutlich, ohne erkennbaren Trend.

Bei einem Großteil der impfpräventablen Krankheiten, z. B. **FSME**, **Hepatitis A**, **Windpocken** und **Keuchhusten**, traten die meisten Erkrankungen bei Ungeimpften auf, obwohl eine wirksame Schutzimpfung zur Verfügung steht. Zudem ist die Überwachung der Serogruppenverteilung (z. B. bei invasiven **Meningokokken-Infektionen**) und des Impfstatus der Fälle sowie der Impfquoten in der Bevölkerung für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischimpfungen unerlässlich. Das Auftreten anderer Krankheiten, z. B. **Chikungunyavirus-Erkrankung**, **Denguefieber** und

Zikavirus-Erkrankung, ist stark von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern und den Reiseströmen abhängig. Im Jahr 2018 wurde bei den 3 genannten Krankheiten ein Rückgang der Erkrankungszahlen verzeichnet. Insbesondere wurden nochmalig deutlich weniger Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Dies ist vermutlich mit dem Rückgang der Zikavirus-Zirkulation in Amerika, aber auch mit einer zurückgegangenen Aufmerksamkeit zu erklären.

Der seit Jahren zu beobachtende Trend zunehmender Fallzahlen von **Hepatitis-E-Erkrankungen** hat sich auch im Jahr 2018 fortgesetzt. Wahrscheinlich ist dies auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärztinnen und Ärzte und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen. Auch bei anderen Krankheiten, z. B. **EHEC-Erkrankung** und **Leptospirose** ist unklar, inwieweit die Fallzahlen durch zunehmende Labordiagnostik beeinflusst werden.

Neben länger andauernden Trends und Ausbruchsgeschehen können aber auch andere Faktoren Einfluss auf die Veränderung der Fallzahlen haben, die bei der Interpretation der Fallzahlen berücksichtigt werden sollten. So beeinflusst auch die Änderung der Falldefinitionen, insbesondere der Referenzdefinition, sowie der Meldepflicht, die Fallzahlen, z. B. bei **Hepatitis B**.

Executive Summary

The Infectious Disease Epidemiology Annual Report provides a summary of notifications of infectious diseases reported to the Robert Koch Institute.

As in the previous year, the gastrointestinal diseases **norovirus gastroenteritis**, **Campylobacter enteritis** and **rotavirus gastroenteritis** and the vaccine-preventable diseases **influenza** and **chickenpox** were the five most commonly reported notifiable diseases. The number of notified influenza cases reflected demonstrated a severe flu season in comparison to the previous year, but also in comparison to all previous influenza seasons since the new German Prevention and Control of Infectious Diseases Act came into force. The majority of cases were again in children. Compared to the previous year, however, the age group of 40- to 59-year-olds was more affected, as were the very old (over 80 years).

An increase in reported cases of **tick-borne encephalitis (TBE)** and **hepatitis E** was seen in 2018. For other notifiable diseases, a significant drop in the number of re-reported cases was observed over the last few years, likely as a result of effective infection control measures. The significant decline in **rotavirus disease**, particularly in children, can be accounted to the implementation of the Standing Committee on Vaccination recommendation of rotavirus vaccine in infancy. The improved implementation of hygiene measures in hospitals also likely contributed to the significant reduction in reported **invasive MRSA infections** seen over the last years.

With the amendment of the German Prevention and Control of Infectious Diseases Act in May 2016, new reporting requirements were introduced and integrated into existing notification regulations. As a result of the new requirements, data on **MRSA infections**, **Clostridium difficile** infections with a severe clinical course, **Chikungunya virus** and **Zika virus** have already been published in the 2016 Infectious Disease Epidemiology Annual Report. In 2018, data on **carbapenem-resistant pathogens** were displayed in the current report for the second time. The number of notified cases as well as the fact that notifications came from all

German states indicate a good acceptance of the newly introduced requirements.

Molecular surveillance plays an increasingly important role in the detection of outbreaks. One of the largest outbreaks in 2018 included 191 cases in several federal states and was caused by **Salmonella enteritidis** complex type (CT) 1734. The probable vehicle of infection were barn eggs. During this outbreak, the results of molecular typing of pathogen isolates were used to discover the association with 24 smaller outbreaks.

Through the comparison of environmental samples with samples from reported **Legionella** cases, molecular techniques also enable identification of the source of outbreaks. However, for the majority of notifiable diseases, molecular typing results are incomplete or not reported. The 2017 amendment of the Infection Protection Act emphasises that molecular typing results have to be included in disease notifications.

In general, a decrease in the transmitted data on pathogen typing has been observed for years, which makes it difficult to detect outbreaks of **EHEC enteritis**, **HUS** or **listeriosis**, for example.

Through outbreak investigations, routes of transmission were identified that had not previously played an important role in outbreaks. 59 persons with **hepatitis C infection** were assigned to one large outbreak. Transmission was probably through injections during hospital stay. In 2018, a tularemia outbreak among members of a hunting society was also noteworthy. The source of infection was freshly hunted hares.

Typically, the occurrence of **hantavirus** cases is highly variable due to the association between the population density of rodents and the masting of beech trees in the previous years. After poor beech masting in 2017, the incidence of the Hantavirus disease in the south and west of Germany, mainly caused by the Puumalavirus, was extremely low in 2018. The number of reported **Q fever** cases also shows that there are exceptional and, as in the year under review, unsubstantial years for both sporadic diseases and outbreaks in Germany. Since 2001, the figures have fluctuated significantly, without any discernible trend.

Most of the vaccine-preventable diseases, such as **TBE**, **hepatitis A**, **chickenpox** and **whooping cough**, have occurred in unvaccinated individuals, although effective vaccination is available. The surveillance of serogroup distribution (e. g. of invasive **meningococcal infections**), the vaccination status of the cases, as well as vaccination quotas in the population are necessary for the evaluation of the impact of recommended vaccinations, determination of the need for booster vaccinations, as well as the implementation of vaccination against additional serogroups.

The occurrence of other diseases, e. g., **Chikungunya virus**, **Dengue virus**, and **Zika virus** disease is strongly dependent on the epidemiological situation in endemic countries as well as the travel patterns of people. In 2018, a decline in the number of cases of these three diseases was observed. In particular, significantly fewer cases of Zika virus disease were reported than in previous years.

This can probably be explained by the decline in the circulation of Zika virus in America, but also due to a decrease in attention.

The increasing trend in the number of reported **hepatitis E** cases, which has been observed over the past several years, continued in 2018. The increase can possibly be attributed to increased awareness among physicians and an increase in samples submitted for testing. For other diseases, e. g., **Shiga toxin-producing *E. coli*** infection and **leptospirosis**, it is also not clear if the increase in the number of cases is due to an increase in the number of samples submitted for testing.

In addition to long-lasting trends and outbreaks, there are other factors that need to be taken into account when interpreting the number of reported cases. For example, changing the case definitions, in particular the reference definition, and notification requirements also influences the case numbers e.g. for **hepatitis B**.

2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten

2.1 Gesetzliche Grundlagen

Infektionsschutzgesetz

Das am 01.01.2001 in Kraft getretene Infektionsschutzgesetz (IfSG) regelt, welche Krankheiten und welche Nachweise von Erregern bundesweit meldepflichtig sind. In § 6 IfSG ist festgelegt, welche Krankheiten bei Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod an der Krankheit meldepflichtig sind. Bei der Auswahl der Krankheiten wurden sowohl die Gefährlichkeit der Krankheit, gemessen an Schwere des Krankheitsverlaufs, Letalität und Ausbreitungsgefahr in der Bevölkerung, als auch das Erfordernis von Maßnahmen seitens der Gesundheitsbehörden berücksichtigt. In § 7 IfSG ist festgelegt, welche Nachweise von Krankheitserregern meldepflichtig sind. Hier wird zwischen den Erregernachweisen, die eine direkte Maßnahme der Gesundheitsämter erfordern können und deshalb namentlich an diese zu melden sind, und den Erregernachweisen unterschieden, bei denen das Gesundheitsamt im Einzelfall nicht unmittelbar tätig werden muss und die deshalb nichtnamentlich direkt an das Robert Koch-Institut (RKI) gemeldet werden. Daneben ist das gehäufte Auftreten von Erkrankungen bzw. Erregernachweisen zu melden.

Weiterhin legt das IfSG fest, welche Personen zur Meldung verpflichtet sind, welche Angaben die Meldungen enthalten müssen und welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt werden. Seit Einführung des IfSG wurde die Meldepflicht durch Gesetzesänderungen und Verordnungen mehrmals erweitert, um sie an die epidemische Lage anzupassen. Die letzte und bisher umfangreichste Änderung erfolgte mit Inkrafttreten des Gesetzes zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten am 25.07.2017.

Erweiterung der Meldepflicht

Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze

Seit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« am 03.08.2011 wird ein gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt gemeldetes, gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt.

Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze

Am 29.03.2013 trat das »Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze« in Kraft. Neben einer Verkürzung der Übermittlungsfristen auf einen Arbeitstag wurde unter anderem die Meldepflicht auf die Krankheiten Mumps, Keuchhusten, Röteln und Windpocken sowie die Nachweise von deren Erregern *Bordetella pertussis* und *Bordetella parapertussis*, Mumpsvirus, Rubellavirus und Varicella-Zoster-Virus erweitert.

IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

Zum 01.05.2016 trat die Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSG-MeldAnpV) in Kraft. Mit der IfSGMeldAnpV wurden Meldepflichten für *Clostridium-difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und Nachweise von Enterobacteriaceae und *Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie für Nachweise von Arboviren, z.B. Chikungunyavirus, West-Nil-Virus und Zikavirus, eingeführt. Die Meldepflicht für aviäre Influenza, die seit 2007 durch die Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung bestanden hatte, wurde auf zoonotische Influenza ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von Methicillin-resistenten Stämmen von *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor, die im Jahr 2009 mit der Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung ein-

geführt worden war, wurde in die IfSGMeldAnpV übernommen.

Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten

Am 25.07.2017 trat das Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten in Kraft. Dieses Gesetz umfasst die umfangreichste Änderung des IfSG seit dessen Einführung im Jahr 2001 mit dem Ziel, das bestehende Meldesystem zu modernisieren. Die zentrale Regelung in § 14 IfSG schafft die Basis für das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS), das bis Ende 2020 implementiert werden soll. Gleichzeitig wurden mit dem Gesetz weitere umfangreiche Anpassungen des IfSG vorgenommen, die auch schon vor Einführung von DEMIS das bestehende Meldesystem für Infektionskrankheiten verbessern. Neben Verbesserungen für die Arbeit in den Gesundheitsämtern und der besseren Erfassung von Krankenhausinfektionen wurden auch die Melde- und Benachrichtigungspflichten erweitert. So wurde die Meldepflicht für Nachweise von Hepatitis-B-Virus, Hepatitis-C-Virus und Hepatitis-D-Virus auf alle Nachweise unabhängig vom klinischen Bild (symptomatisch oder asymptomatisch) und Stadium (akut oder chronisch) ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von *Corynebacterium diphtheriae* (toxinbildend) und von *Yersinia enterocolitica* (darmpathogen) wurde auf die Nachweise anderer Spezies von Toxin bildenden Corynebakterien und darmpathogenen Yersinien ausgedehnt. Zudem sind nun alle Norovirus-Nachweise unabhängig vom Untersuchungsmaterial meldepflichtig, soweit sie auf eine akute Infektion hinweisen. Als Melde- und Übermittlungsinhalte (§ 9 und § 11 IfSG) werden nun explizit weitere Angaben aufgeführt, die für die epidemiologische Bewertung der aufgetretenen Infektionskrankheiten von entscheidender Bedeutung sind. Dies betrifft u. a. den Impfstatus, Angaben zur intensivmedizinischen Behandlung sowie bei Tuberkulose, Hepatitis B und Hepatitis C Angaben zum Geburtsstaat, der Staatsangehörigkeit und dem Jahr der Einreise nach Deutschland.

Zur Meldung verpflichtete Personen

In § 8 IfSG werden die zur Meldung verpflichteten Personen benannt:

Meldepflichtig für Meldungen von Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod (gemäß § 6 IfSG)

- ▶ Ärztinnen/Ärzte
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärztinnen/Tierärzte (§ 6 Abs. 1 Nr. 4 IfSG; bei Tollwut)
- ▶ Angehörige anderer Heil- oder Pflegeberufe
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen, Pflegeeinrichtungen, Justizvollzugsanstalten, Heimen, Lagern
- ▶ Heilpraktikerinnen/Heilpraktiker

Meldepflichtig für Meldungen von Erregernachweisen (gemäß § 7 IfSG)

- ▶ Leiterinnen/Leiter von Laboratorien oder sonstigen Untersuchungsstellen
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Medizinaluntersuchungsämtern
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärztinnen/Tierärzte (§ 7 Abs. 1 Nr. 38 IfSG; Rabiesvirus)
- ▶ Niedergelassene Ärztinnen/Ärzte, sofern der Erregernachweis im eigenen Labor erfolgt

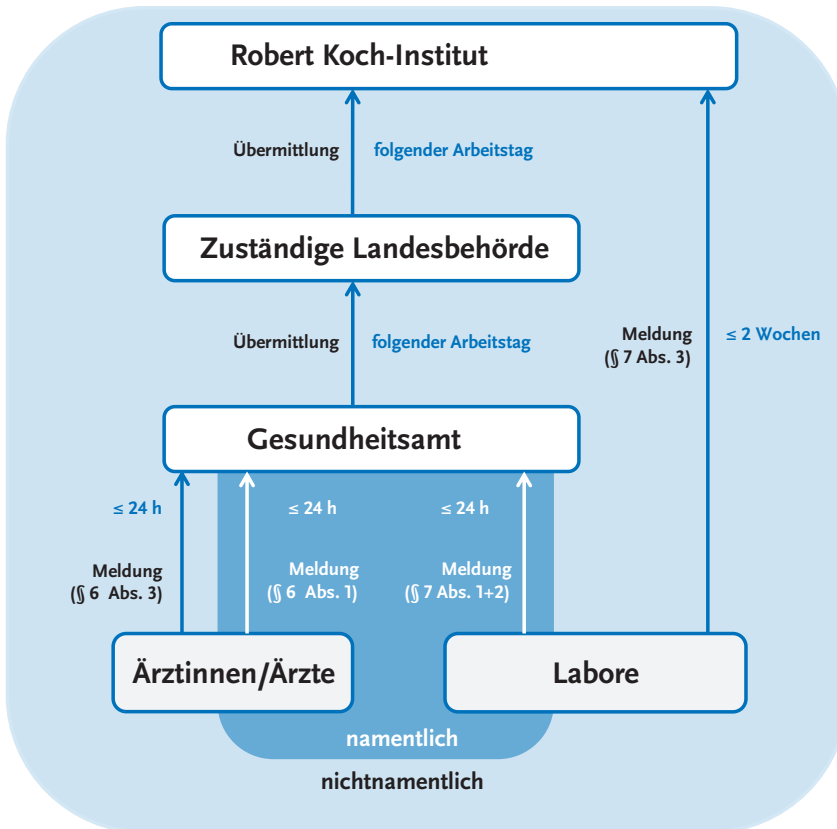
Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird vereinfachend im Folgenden von einer Arztmeldung gesprochen, wenn es sich um eine Meldepflicht gemäß § 6 IfSG handelt. Dementsprechend wird der Begriff Labormeldung für Meldungen gemäß § 7 IfSG verwendet.

Meldeweg

Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Zur Meldung verpflichtete Personen melden die in § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG benannten Krankheiten oder die in § 7 Abs. 1 IfSG festgelegten Nachweise von Krankheitserregern namentlich an das zuständige Gesundheitsamt (s. Abb. 2.1.1). Die Meldung hat

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



unverzüglich zu erfolgen und muss dem Gesundheitsamt spätestens 24 Stunden, nachdem die meldende Person Kenntnis erlangt hat, vorliegen. Das Gesundheitsamt führt eigene Ermittlungen zum gemeldeten Sachverhalt durch und ordnet entsprechende Infektionsschutzmaßnahmen an.

Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien, so wird dieser Fall ohne Angabe personenbezogener Daten jeweils spätestens am folgenden Arbeitstag vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde sowie spätestens am folgenden Arbeitstag von der zuständigen Landesbehörde an das RKI übermittelt. Das RKI wertet die übermittelten Meldedaten infektionsepidemiologisch aus und veröffentlicht diese periodisch.

Nichtnamentliche Meldung an das RKI

Besteht eine Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG, erfolgt die Labormeldung nichtnamentlich innerhalb von 2 Wochen direkt an das RKI. Einsendende Ärztinnen und Ärzte haben gemäß § 10 IfSG das meldende Labor bei den Angaben zu unterstützen. Um diesen Vorgang zu vereinfachen, werden nummerierte Durchschlagbögen vom RKI zur Verfügung gestellt. Während das meldende Labor das erste Blatt des Meldebogens an das RKI sendet, sollen einsendende Ärztinnen und Ärzte die fehlenden Informationen, z. B. zur Klinik, zur möglichen Infektionsursache und zum möglichen Infektionsland, auf dem Durchschlag ergänzen und ebenfalls direkt an das RKI senden.

In Tab. 2.1.1 ist dargestellt, welche Krankheiten und Erregernachweise, die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden, namentlich und welche nichtnamentlich gemeldet

werden. Zusätzlich ist dargestellt, welche der Krankheiten am RKI einer Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2) unterliegen.

Tab. 2.1.1:
Meldepflichtige Krankheiten und Erregernachweise gemäß IfSG

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfall- kontrolle am RKI ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²	Labor- meldung ²	
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ⁴		■		
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.3 Arbovirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.4 Botulismus	■	■		■
6.5 Brucellose		■		■
6.6 <i>Campylobacter</i> -Enteritis		■		
6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.8 Cholera	■	■		■
6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/ vCJK (variante CJK)	■			■
6.10 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf ⁴	■			■
6.11 Denguefieber	■ ⁵	■ ⁴		■
6.12 Diphtherie	■	■		■
6.13 Echinokokkose			■	
6.14 EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ⁴		■		
6.16 Fleckfieber		■		■
6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.18 Giardiasis		■		
6.19 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion		■		■
6.20 Hantavirus-Erkrankung	■ ⁵	■		■
6.21 Hepatitis A	■	■		
6.22 Hepatitis B	■	■		
6.23 Hepatitis C	■	■		
6.24 Hepatitis D	■	■		■

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI		Einzelfall- kontrolle am RKI ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²		Labor- meldung ²	
6.25 Hepatitis E	■	■			
6.26 HIV-Infektion				■	
6.27 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ ⁶			■
6.28 Influenza	■ ⁷	■			■ ⁷
6.29 Keuchhusten ⁸	■	■			■ ⁹
6.30 Kryptosporidiose		■			
6.31 Läuserückfallfieber		■			■
6.32 Legionellose		■			
6.33 Lepra		■			■
6.34 Leptospirose		■			■
6.35 Listeriose		■			
6.36 Malaria				■	
6.37 Masern	■	■			
6.38 Meningokokken, invasive Infektion	■	■			
6.39 Milzbrand	■	■			■
6.40 Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion ⁴		■			
6.41 Mumps ⁸	■	■			
6.42 Norovirus-Gastroenteritis		■			
6.43 Ornithose		■			■
6.44 Paratyphus	■	■			■
6.45 Pest	■	■			■
6.46 Poliomyelitis	■	■			■
6.47 Q-Fieber		■			■
6.48 Rotavirus-Gastroenteritis		■			
6.49 Röteln, konnatale Infektion ¹¹ Röteln, postnatale Infektion ⁸	■ ■	■ ■			■
6.50 Salmonellose		■			
6.51 Shigellose		■			
6.52 Syphilis				■	
6.53 Tollwut	■	■			■
6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion				■	
6.55 Trichinellose		■			■
6.56 Tuberkulose	■ ¹⁰	■			
6.57 Tularämie		■			■
6.58 Typhus abdominalis	■	■			■
6.59 Virale hämorrhagische Fieber ¹²	■	■			■

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfall- kontrolle am RKI ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²	Labor- meldung ²	
6.60 Windpocken ⁸	■	■		
6.61 Yersiniose		■		
6.62 Zikavirus-Erkrankung ⁴		■		■

1 Meldung des Verdachts, der Erkrankung und des Todes gemäß § 6 IfSG (in der Regel durch Ärztinnen/Ärzte)

2 Labordiagnostischer Nachweis meldepflichtig gemäß § 7 IfSG (in der Regel durch das Labor)

3 Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

4 Gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

5 Nur bei hämorrhagischem Verlauf

6 Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

7 Nur bei zoonotischer Influenza (gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung)

8 Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

9 Bei unter 1-Jährigen

10 Nur bei behandlungsbedürftiger Tuberkulose. Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

11 Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

12 Gilt auch für Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen (zwei oder mehr nosokomiale Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird) ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Gemäß § 10 Abs. 1 IfSG muss die Meldung einzelfallbasierte Informationen und auch Angaben zu den zum Ausbruchsgeschehen dazugehörigen Kolonisationen beinhalten. Dabei steht im Vordergrund, dass die Gesundheitsbehörde als Berater bei der Ermittlung der Infektionsquelle durch deskriptive und analytische Untersuchungen beteiligt wird. Seit 2011 mit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« werden diese Fälle auch an das RKI übermittelt. An das RKI übermittelte nosokomiale Ausbrüche werden im Kapitel 5.2 gesondert dargestellt.

Melde- und Übermittlungsinhalte

In den §§ 9, 10 IfSG ist festgelegt, welche Angaben die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt sowie die nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt oder das RKI enthalten dürfen. Zusätzlich wird im § 11 IfSG geregelt, welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an das RKI übermittelt werden. Die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt enthält neben Angaben zur Erkrankung bzw. zum Erregernachweis u.a. auch Kontaktdaten der betroffenen Person. Diese werden benötigt, damit das Gesundheitsamt weitere Informationen zum Fall ermitteln und die nötigen Infektionsschutzmaßnahmen einleiten kann. Es werden jedoch keine namentlichen Daten an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt, hier werden lediglich die jeweils fallbezogenen epidemiologischen Informationen hinsichtlich der Datenqualität geprüft und zur Erfassung der epidemiologischen Situation ausgewertet.

2.2 Datengrundlage

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beruhen auf folgenden im IfSG geregelten Vorgängen:

- ▶ Namentliche Meldung von Verdacht auf, Erkrankung an oder Tod durch bestimmte Krankheiten an das Gesundheitsamt sowie deren gehäuftes Auftreten (§ 6 Abs. 1 Nr. 1, 2, 5 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung des gehäuften Auftretens nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt (§ 6 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Namentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern sowie deren gehäuftes Auftreten an das Gesundheitsamt (§ 7 Abs. 1 und Abs. 2 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern an das RKI (§ 7 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Benachrichtigung des Gesundheitsamts durch Leiterinnen und Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen (Schulen, Kindergärten usw.) (§ 34 Abs. 6 IfSG)
- ▶ Ermittlungen der Gesundheitsbehörden (§ 25 Abs. 1 IfSG)

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beziehen sich auf Daten, die bundesweit einheitlich erfasst wurden. Nicht berücksichtigt wurden zum einen Fälle, die einer bundeslandspezifischen erweiterten Meldepflicht unterlagen, und zum anderen Fälle, die hauptsächlich in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« übermittelt wurden, da diese Kategorie nicht systematisch krankheitsspezifisch eingeordnet werden kann und in den einzelnen Gesundheitsämtern und Bundesländern sehr unterschiedlich gehandhabt wird.

Definitionen

Falldefinitionen

Die Falldefinitionen sind vom RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechend den jeweiligen epidemiologischen Erfordernissen erstellte Kriterien zur Kategorisierung von Fällen. Auf Grundlage

der Falldefinitionen wird an den Gesundheitsämtern entschieden, welche Fälle an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Die Falldefinitionen sind nicht dazu bestimmt, die meldepflichtigen Sachverhalte für die Meldenden zu definieren. Die im IfSG aufgeführten Krankheiten oder Erreger sollen, unabhängig davon gemeldet werden, ob die Falldefinitionen erfüllt sind oder nicht.

Durch die Anwendung der Falldefinitionen wird gewährleistet, dass die Meldedaten zwischen den Landkreisen und kreisfreien Städten sowie zwischen Bundesländern vergleichbar sind.

Die Falldefinitionen werden regelmäßig überarbeitet, um sie an neue diagnostische Methoden und wissenschaftliche Erkenntnisse anzupassen. Die letzte aktualisierte Version ist am 01.01.2019 in Kraft getreten.

Bei der Umsetzung der aktualisierten Falldefinitionen ist zu beachten, dass seit 2015 jedem Fall die Falldefinitionsversion zugeordnet wird, in der er elektronisch erfasst wird. Hierbei werden Fälle, die in alten Software-Versionen erfasst werden, entsprechend der alten Falldefinition zugeordnet und übermittelt. Demzufolge kann es vorkommen, dass innerhalb einer Übermittlungskategorie je nach Falldefinitionsversion Fälle unterschiedlich bewertet werden.

Evidenztypen

Es werden drei Evidenztypen unterschieden:

Klinisches Bild

Hier werden die Kriterien (Symptome, klinische Zeichen und anamnestische Angaben) genannt, die beim betroffenen Patienten vorliegen müssen, um das klinische Bild der jeweiligen Krankheit zu erfüllen.

Labordiagnostischer Nachweis

Hier werden die Materialien und Labormethoden aufgeführt, die für den Erregernachweis verlangt werden, um den labordiagnostischen Teil der Falldefinition zu erfüllen.

Epidemiologische Bestätigung

Eine epidemiologische Bestätigung liegt vor, wenn ein Fall mit erfüllttem klinischen Bild entweder

- ▶ mit einem labordiagnostisch nachgewiesenen Fall in einen epidemiologischen Zusammenhang gebracht werden kann oder
- ▶ eine andere relevante Expositionsform zu einer anderen labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionsquelle vorliegt.

Falldefinitions-kategorien

Aus der Kombination dieser drei Evidenztypen ergeben sich die folgenden fünf Falldefinitionskategorien, die ihrerseits die Übermittlungspflicht vom Gesundheitsamt über die zuständige Landesbehörde an das RKI begründen:

A: Klinisch diagnostizierte Erkrankung

Hier genügt es für die Übermittlungspflicht, wenn der Fall das festgelegte klinische Bild der Falldefinition erfüllt.

B: Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

Hierfür muss das klinische Bild laut Falldefinition erfüllt sein und zusätzlich eine epidemiologische Bestätigung vorliegen.

C: Klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankung

Diese Kategorie fordert die umfassendste diagnostische Evidenz. Hier müssen sowohl die Kriterien des klinischen Bildes als auch die Kriterien des labordiagnostischen Nachweises der Falldefinition erfüllt sein.

D: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfüllttem klinischen Bild

Hier ist zwar der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, aber das klinische Bild – auch wenn bekannt – erfüllt nicht die Kriterien der Falldefinition. Hierunter fallen sowohl unspezifische und untypische Verlaufsformen als auch asymptomatische Infektionen.

E: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

Hier ist der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, Angaben zum klinischen Bild sind jedoch nicht zu ermitteln oder wurden nicht erhoben.

In der Darstellung der Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird auf diese Einordnung Bezug genommen. Die Möglichkeit, nach den einzelnen Falldefinitionskategorien zu differenzieren, erlaubt es, die Stärke der diagnostischen Evidenz einzuschätzen und außerdem zwischen Erkrankungen einerseits und Infektionen ohne erfülltes klinisches Bild andererseits zu unterscheiden.

Für Fälle, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, existieren keine Falldefinitionen. Die Fallprüfung erfolgt stattdessen am RKI anhand festgelegter Fallkriterien.

Referenzdefinition

Alle Fälle, die eine entsprechende Falldefinitionskategorie erfüllen, werden an das RKI übermittelt. Veröffentlicht werden jedoch nur die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Alle Abbildungen und Tabellen im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch beziehen sich – sofern nicht anders angegeben – auf Fälle, die der Referenzdefinition entsprechen. Auch die Fallzahlen in der wöchentlichen Statistik und im Jahresüberblick, die im Epidemiologischen Bulletin veröffentlicht werden, werden gemäß Referenzdefinition ausgewiesen.

Für die meisten meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise umfasst die Referenzdefinition die Kategorien B »klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung« und C »klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankung« (s. Tab. 2.2.1).

Durch dieses Vorgehen soll die Aufmerksamkeit in der vereinfachten Darstellung epidemiologischer Daten auf die klinisch manifesten Erkrankungen gelenkt werden. Entsprechend wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für Auswertungen nach Referenzdefinition, in die nur Fälle, die die Kriterien des klinischen Bildes erfül-

len, eingehen, der Begriff »Erkrankungen« (oder ein krankheitsspezifisches Äquivalent) benutzt, während sonst umfassender von »Fällen« die Rede ist.

Bei Hepatitis B, C und D, bei invasiven MRSA-Infektionen und Poliomyelitis erfüllen alle labordiagnostisch nachgewiesenen Fälle (Kategorien C, D und E) unabhängig davon die Referenzdefinition, ob bei ihnen das klinische Bild bekannt oder erfüllt ist.

Die Kapitel enthalten in der Regel eine Übersichtstabelle, die sowohl die Fallzahlen in jeder Falldefinitionskategorie einzeln als auch die Fallzahlen nach Referenzdefinition ausweist, um so die Datengrundlage transparent zu halten.

Die übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden – für detailliertere epidemiologische Auswertungen zur Verfügung. Z. B. erlaubt SurvStat@RKI auf der Webseite des RKI die Abfrage nach jeder gewünschten Kombination der Falldefinitionskategorien.

Die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldeten Erregernachweise werden nicht in Falldefinitionskategorien eingeordnet. Bei diesen Krankheiten werden auch Erregernachweise ohne klinisches Bild ausgewiesen. Das betrifft vor allem HIV-Infektionen und Syphilis.

Literaturhinweise

Reuss A, Diercke M: *Änderungen im Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2016 und 2017*. Krankenhaushygiene up2date 2018; 13:295–306.
 Höhl N: *Infektionsschutzgesetz mit Trinkwasserverordnung*. 6. Auflage. Verlag Reckinger, Siegburg; 2018
 Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017; 31:309–310.
 Diercke M, Buda S, Weiß B, Frank C, Gilsdorf A: *Infektiologie: Neue Meldepflichten beachten*. Dtsch Arztebl 2016; 113:A1648–A1649.
 Erdle H: *Infektionsschutzgesetz – Kommentar*. 4. Auflage. ecomed Medizin, Landsberg/Lech; 2013
 Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftensammlung*. 2. Auflage. Verlag W. Kohlhammer, Berlin; 2003

Tab. 2.2.1:
Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitionskategorien

Übermittlungskategorie	Falldefinitionskategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Influenza ¹ , Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-Erkrankung		■	■		
Arbovirus-Erkrankung, Chikungunyavirus-Erkrankung, <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebola fieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber)			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (konnatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

¹ Die Referenzdefinition von Influenza wurde zum 01.01.2019 um die Falldefinitionskategorien D und E erweitert. Diese Änderung hat noch keine Auswirkungen auf das vorliegende Infektionsepidemiologische Jahrbuch 2018.

Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2013, Teil 1, Nr. 15:566–584.

Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2011; Teil I, Nr. 41:1622–1630.

Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV). 2016. http://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/ifsg_meldanpv/gesamt.pdf

Zuordnung nach Zeit, Ort und Person

Grundlage für die Interpretation epidemiologischer Daten ist die Zuordnung der Fälle nach Zeit und Ort ihres Auftretens sowie nach Alter und Geschlecht der Fälle. Um Fehlinterpretationen zu vermeiden, wird im Folgenden beschrieben, wie diese Variablen definiert sind und wie sie erhoben werden.

Zuordnung nach Zeit

Für alle namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten Fälle ist die Meldewoche die Einheit für die zeitliche Zuordnung. Die Meldewoche entspricht der Kalenderwoche nach den Regeln des internationalen Standards ISO 8601 (entspricht DIN 1355). Sie beginnt montags und endet sonntags. Die Meldewochen eines Jahres sind fortlaufend nummeriert, beginnend mit der ersten Woche, die mindestens 4 Tage des betreffenden Jahres enthält. Meldejahre können 52 oder gelegentlich 53 Wochen haben. In das Meldejahr 2018 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 01.01.2018 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 30.12.2018 (einem Sonntag) endet. Der letzte Tag des Kalenderjahres 2018 wird dem Meldejahr 2019 zugeordnet.

Die Zuordnung zur Meldewoche wird durch den Tag bestimmt, an dem das Gesundheitsamt offiziell Kenntnis von einem Fall erlangt. Normalerweise ist das der Tag, an dem erstmalig eine Meldung oder Verdachtsmeldung zu einem Fall im Gesundheitsamt eintrifft. Es kann auch vorkommen, dass das Gesundheitsamt nicht durch Meldung, sondern durch eigene Ermittlungen Kenntnis von einem Fall erlangt.

Der Grund für die zeitliche Einordnung der Fälle nach Meldewoche ist die Tatsache, dass das Meldedatum die einzige gemäß IfSG übermittlungsfähige Information ist, die ungeachtet der Vollständigkeit einer Meldung immer vorhanden ist und auch bei späteren Korrekturen der Angaben zum Fall nicht verändert wird. Auch bei der Weitergabe eines Falls an ein anderes Gesundheitsamt bleibt die Meldewoche erhalten. Demgegenüber kann es vorkommen, dass Diagnosedatum oder Erkrankungsbeginn nicht gemeldet werden und auch nicht genau ermittelt werden können. Diese Daten können (und sollen) zudem bei Vorliegen neuer Erkenntnisse geändert werden.

Nichtnamentlich an das RKI zu meldende Erregernachweise werden nicht nach Meldewoche zugeordnet, sondern Diagnosemonat und -jahr werden für die zeitliche Zuordnung verwendet. In den seltenen Fällen, in denen die Meldebögen diese Information nicht enthalten, werden ersatzweise Monat und Jahr des Eingangs am RKI verwendet.

Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Dies ist in der Regel das Gesundheitsamt, in dessen Bezirk die betroffene Person ihre Hauptwohnung hat oder zuletzt hatte. Falls ein Hauptwohnsitz nicht feststellbar ist oder die betroffene Person sich dort gewöhnlich nicht aufhält, so ist das Gesundheitsamt zuständig, in dessen Bezirk sich die betroffene Person gewöhnlich aufhält. Falls ein solcher Aufenthaltsort nicht feststellbar ist oder in den Fällen der Meldung nach § 6 Abs. 3 Satz 1 IfSG ist das Gesundheitsamt zuständig, welches die Daten erstmals verarbeitet hat. Das zuständige Gesundheitsamt kann diese Zuständigkeit an ein anderes Gesundheitsamt mit dessen Zustimmung abgeben, insbesondere wenn schwerpunktmäßig im Zuständigkeitsbereich des anderen Gesundheitsamtes weitere Ermittlungen nach § 25 Abs. 1 IfSG angestellt werden müssen. Dabei kann es vorkommen, dass die Infektion an einem anderen Ort innerhalb Deutschlands oder im Ausland erworben wurde, wie dies beispielsweise oft bei nosokomialen Infektionen oder rei-

seassozierten Krankheiten der Fall ist. Personen ohne festen Wohnsitz oder ohne Wohnung in Deutschland werden dem für ihren Aufenthaltsort zuständigen Gesundheitsamt zugeordnet. Im Regelfall ist hierbei der Aufenthaltsort zum Zeitpunkt der Meldung maßgeblich.

Über die Kreiszugehörigkeit der betroffenen Personen wird das Bundesland zugeordnet. In sehr seltenen Fällen ist die Zuordnung zu einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt und damit zu einem Bundesland nicht möglich. Diese Fälle sind in Auswertungen nach Landkreis bzw. kreisfreier Stadt oder Bundesland (z. B. Inzidenzrechnungen) nicht berücksichtigt.

Nichtnamentlich direkt an das RKI zu meldende Erregernachweise können nicht eindeutig einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt oder einem Bundesland zugeordnet werden. Die örtliche Zuordnung erfolgt indirekt durch die ersten drei Ziffern der fünfstelligen Postleitzahl (PLZ) des Patientenwohnorts. Fehlt diese Information auf dem Meldebogen, so wird die PLZ der einsendenden Ärztinnen und Ärzte benutzt. Fehlt auch diese, so erfolgt die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors. Dadurch kann die geografische Darstellung der epidemiologischen Daten verzerrt sein. Da Laboruntersuchungen zunehmend in Großlaboren durchgeführt werden, die mitunter weit vom Aufenthaltsort der betroffenen Personen entfernt liegen, kann dies zu einer Überrepräsentation einzelner Bundesländer führen. Tab. 2.2.2 zeigt, aufgeschlüsselt nach der dem Erregernachweis zugrundeliegenden Infektion, zu welchen Anteilen die unterschiedlichen PLZ

für die örtliche Zuordnung herangezogen wurden. Je nach Krankheit gibt es große Unterschiede. Bei konnataler Toxoplasmose waren bei 94% der Fälle Angaben zur PLZ der betroffenen Personen vorhanden, bei Syphilis 92%, bei Echinokokkose 90%, bei Malaria 84% und bei HIV-Infektionen 76%. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2018 nur für sehr wenige der gemeldeten Fälle.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandgrenzen überschreiten. In diesen Fällen wurden die Postleitzahlbereiche auf der Basis der Bevölkerungsverteilung jeweils einem Bundesland zugeordnet. Aufgrund der beschriebenen Hindernisse werden die nichtnamentlichen Meldungen in der Regel lediglich dem Bundesland, nicht jedoch dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt zugeordnet.

Infektionsort

Sofern dies für die Epidemiologie der Krankheit von Bedeutung ist, werden auch Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland dargestellt. Dabei ist zu beachten, dass es sich hier nicht um das Land handelt, in dem die Infektion nachweisbar erworben wurde, sondern in der Regel um die Länder, in denen sich die betroffene Person während der Inkubationszeit aufgehalten hatte. Da für einen Fall mehrere Infektionsländer in Frage kommen können, sind Mehrfachangaben möglich. Deshalb kann die Summe der genannten Infektionsländer (»Nennungen«) größer als die Summe der Fälle sein. Bei der Angabe verschiedener

Tab. 2.2.2:
Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2018

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Wohnortes der betroffenen Person	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	7.328	92 %	7 %	1 %
HIV-Infektion	2.818	76 %	21 %	3 %
Malaria	894	84 %	11 %	5 %
Echinokokkose	155	90 %	8 %	1 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	16	94 %	0 %	6 %

Landkreise bzw. kreisfreier Städte in Deutschland als wahrscheinlichen Infektionsort wird dies bei der Auswertung nach Ländern als eine einzelne Nennung von Deutschland gewertet. Die Länder werden geografisch den Kontinenten zugeordnet. Die Anzahl der Ländernennungen ist aufgrund von Mehrfachnennungen mehrerer Länder eines Kontinents meist ungleich der Nennungen bei Auswertungen nach Kontinent.

Bei der tabellarischen Darstellung der Länder werden in der Regel die 10 Länder mit den meisten Nennungen gewählt. Wenn rund um das zehnte Land hinaus mehrere Länder die gleiche Anzahl von Nennungen aufweisen, wird die Grenze so gezogen, dass entweder alle oder keines dieser Länder in der Tabelle aufgeführt werden. Dabei sollte die Anzahl der dargestellten Länder nächstmöglich an 10 liegen.

Zuordnung nach Person

Alter

Für alle meldepflichtigen Sachverhalte werden nur der Geburtsmonat und das Geburtsjahr der Fälle an das RKI gemeldet bzw. übermittelt. Per Zufallsverfahren wird ein Geburtstag erzeugt, der für Altersberechnungen benutzt wird. Altersangaben beziehen sich auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Meldung, bei nichtnamentlichen Meldungen auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Diagnose. Bei Meldungen bzw. Übermittlungen, die keine Angabe zum Geburtsmonat und -jahr enthalten, kann kein Alter errechnet werden. Diese Fälle werden in der Darstellung nach Altersgruppe nicht berücksichtigt.

Im entsprechenden Abschnitt der krankheits-spezifischen Kapitel wird dargestellt, wie stark die jeweiligen Altersgruppen von der Krankheit betroffen sind. Je nach Krankheit werden unterschiedliche Altersgruppen dargestellt. Auf eine Abbildung wird in der Regel verzichtet, wenn die Gesamtfallzahl unter 100 liegt.

Geschlecht

Das Geschlecht der Fälle ist eine melde- und übermittlungspflichtige Angabe (s. Kap. 2.1). Fälle ohne Angabe zum Geschlecht können in der Darstellung nach Geschlecht nicht berücksichtigt werden.

Inzidenzen

Neben absoluten Fallzahlen werden Inzidenzen zur Beschreibung der Häufigkeit einer Krankheit in ihrer geografischen und demografischen Verteilung eingesetzt. Anstelle von »Inzidenzrate« wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch verkürzend der Begriff »Inzidenz« verwendet.

Als Inzidenz wird dabei die Anzahl der übermittelten Fälle pro Jahr bezogen auf 100.000 Personen der jeweils zugrundeliegenden Bevölkerung berechnet. Im Meldesystem können in der Regel nur die Fälle von Infektionskrankheiten erfasst werden, die im medizinischen Versorgungssystem z. B. von niedergelassenen Ärztinnen und Ärzten, Ärztinnen und Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren erkannt und gemeldet wurden. Wenn infizierte Personen z. B. wegen asymptomatischer oder milder Verläufe keine ärztliche Praxis aufsuchen, und somit keine Diagnostik in einem Labor veranlasst wird, oder nach Diagnose keine Meldung erfolgt, werden diese Fälle in der Regel nicht im Meldesystem erfasst. Die Untererfassung kann je nach Meldeweg oder Krankheit unterschiedlich stark ausgeprägt sein (s. Kap. 3.3). Aufgrund der Untererfassung sind die dargestellten Inzidenzen als Meldeinzidenz zu interpretieren.

Gegebenenfalls werden Inzidenzen auch aufgliedert nach Alter, Geschlecht und Bundesland oder Kreiszugehörigkeit dargestellt. Durch den Bezug auf die Anzahl der Einwohner in der jeweiligen Alters- und Geschlechtsgruppe wird auch bei alters- und geschlechtsspezifischen Vergleichen die demografische Verteilung berücksichtigt.

Zudem kann die Inzidenz von Bevölkerungsbewegungen beeinflusst werden. Erfolgt ein Zugang von Personengruppen, in denen bestimmte Krankheiten, z. B. Tuberkulose, Hepatitis B oder Hepatitis C, häufiger vorkommen, führt dies zu einem Anstieg der Inzidenzen.

Als Grundlage der Inzidenzberechnungen für das Meldejahr 2018 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2017 verwendet, da sie zum Zeitpunkt der Erstellung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs die aktuellste verfügbare, hinreichend differenzierte Statistik war.

Da die Inzidenzen der Vorjahre auf Grundlage der jeweiligen Jahresendstatistiken berechnet werden, führen neue Bevölkerungszahlen zum Teil zu Veränderungen bei den Inzidenzen der Vorjahre. Unterschiede im Vergleich zu den Vor-

jahren lassen sich daher nicht nur durch veränderte Fallzahlen erklären, sondern eventuell auch durch Veränderungen in den zu Grunde liegenden Bevölkerungszahlen. In den Abbildungen zum zeitlichen Verlauf in den krankheitsspezifischen Kapiteln des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs werden Fallzahlen statt Inzidenzen verwendet.

Anders als bei bundesweiten, nicht altersspezifischen Darstellungen werden bei Darstellungen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickeln können.

Datenstand

Änderungen von Datensätzen ist keine zeitliche Grenze gesetzt, der Zeitpunkt jeder Änderung und der Gültigkeitszeitraum jeder Version eines Falls werden jedoch dokumentiert. Insofern ist jede Darstellung der Daten eine Momentaufnahme, die vom jeweiligen Datenstand abhängig ist. Für die Darstellung der Daten eines Berichtsjahres im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird der Datenstand 01.03. des Folgejahres verwendet. Dieser Datenstand gilt dann für jahresübergreifende Abbildungen und Tabellen sowie für Angaben

im Text, die weiter zurückliegende Jahre betreffen. Wenn z. B. im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2018 Fallzahlen für das Jahr 2017 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2019 angewendet. Durch Ermittlungen der Gesundheitsämter bzw. im Ergebnis der Einzelfallkontrolle am RKI werden Datensätze durch die Gesundheitsämter teilweise ergänzt oder verändert; gegebenenfalls werden einzelne Fälle nach gründlicher Recherche auch wieder gestrichen. In Ausnahmefällen kann es auch nach mehreren Jahren noch zu Korrekturen kommen. Dadurch können die Fallzahlen für das Jahr 2017 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2017 – mit Datenstand 01.03.2018 – abweichen.

2.3 Veröffentlichung der Meldedaten

Das RKI veröffentlicht die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelten Daten mit einem Zeitverzug von 3 Wochen im Epidemiologischen Bulletin und aktualisiert gleichzeitig die Datengrundlage des im Internet verfügbaren SurvStat@RKI.

Die Veröffentlichung der nichtnamentlichen Meldungen erfolgt – durchschnittlich um zwei Monate gegenüber dem Diagnosedatum verzögert – in der jeweils ersten Ausgabe des Epidemiologischen Bulletins eines Monats und in SurvStat@RKI.

3 Datenqualität

3.1 EDV-technische Unterstützung

Die namentlichen Meldungen an das Gesundheitsamt, die über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax) im Gesundheitsamt eintreffen und bearbeitet werden, werden vor der Übermittlung an die zuständige Landesbehörde und das RKI elektronisch erfasst. Die Übermittlung erfolgt elektronisch.

Das RKI stellt für die Gesundheitsämter und zuständigen Landesbehörden kostenlos die gemäß den gesetzlichen Vorgaben und Erfordernissen des Meldewesens entwickelte Software SurvNet@RKI zur Verfügung, die zur Erfassung, Auswertung und Übermittlung der Meldedaten gemäß IfSG dient. Von den 377 datenliefernden Gesundheitsämtern in Deutschland nutzen 209 (55%) SurvNet@RKI (Tab. 3.1.1). Die anderen Gesundheitsämter verwenden eines von mehreren kommerziellen Produkten, die ein nach Vorgaben des RKI strukturiertes Meldemodul als Komponente einer umfassenderen Softwarelösung für das ganze Aufgabenspektrum der Gesundheitsämter anbieten. Die Daten, die mit der jeweiligen Software erfasst wurden, werden bei der Übermittlung nichtnamentlich vom Gesundheitsamt zur zuständigen Landesbehörde in definierte Schnittstellenformate exportiert und dann in SurvNet@RKI eingelesen. Alle zuständigen Landesbehörden benutzen SurvNet@RKI für den

Empfang und die Weiterleitung von übermittelten Meldedaten.

SurvNet@RKI wurde mit der Einführung des IfSG erstmals im Jahr 2001 implementiert. Aufgrund von Änderungen im Meldesystem, aber auch aufgrund des technischen Fortschritts wird die Software kontinuierlich weiterentwickelt und an die Bedürfnisse der Nutzer angepasst. Die aktuellen Versionen des Programms sowie die Änderungshistorie sind auf den Internetseiten des RKI abrufbar.

Im Jahr 2011 wurden mit der Umstellung von SurvNet@RKI Version 2 auf Version 3 umfassende Änderungen implementiert. Bis März 2019 wurden in 376 (99%) Gesundheitsämtern SurvNet@RKI-Version-3-kompatible Softwareprodukte eingeführt. Ein verbleibendes Gesundheitsamt sowie das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI bewerten und übermitteln. Wie bereits im Vorjahr werden auch im aktuellen Berichtsjahr Daten, die gemäß SurvNet-Version-2-Standard übermittelt wurden, in der Berichterstattung berücksichtigt werden, um die epidemiologischen Daten nicht durch zusätzliche Faktoren zu beeinflussen.

Durch den Einsatz der unterschiedlichen Softwareprodukte kann es aufgrund einer fehlerhaften Umsetzung der Vorgaben des RKI zu Kompatibilitätsproblemen und damit zur Beeinträchtigung der Datenqualität kommen. Dies kann zum Datenverlust, zur Dopplung von Fällen und zu falsch übermittelten Inhalten führen.

Tab. 3.1.1:
Verteilung der Softwareprodukte zur Erfassung der Meldedaten in den 377 datenliefernden Stellen der Gesundheitsämter

Software	Datenliefernden Gesundheitsämter	
	Anzahl	Anteil
SurvNet@RKI	209	55 %
Octoware	75	20 %
ISGA	52	14 %
Unisoft	27	7 %
Gumax	14	4 %
Gesamt	377	100 %

Literaturhinweis

RKI: SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.11 zu SurvNet Version 0.9.25.0. <https://SurvNet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx>

3.2 Sicherung der Datenqualität

Das RKI unterstützt und berät die meldepflichtigen Ärztinnen und Ärzte sowie Labore bezüglich ihrer Meldepflicht unter anderem durch folgende Angebote:

- ▶ Vorlagen für Meldebögen
- ▶ Kostenfreie Software zur Identifizierung der Anschrift des Gesundheitsamtes auf Grundlage der Postleitzahl (PLZ-Tool)

Für die Qualitätssicherung der übermittelten und gemeldeten Daten werden am RKI Fehler durch folgende Maßnahmen identifiziert:

- ▶ Regelmäßige Auswertung der epidemiologischen Daten nach Krankheit, Ort und Zeit sowie seltener Ereignisse wie Tod oder Hinweise auf Impfversagen
- ▶ Einzelfallkontrolle bei seltenen Krankheiten (s. Tab. 2.1.1)
- ▶ Regelmäßiger Austausch mit Vertreterinnen und Vertretern der zuständigen Landesbehörden und der obersten Landesgesundheitsbehörden

Auf Grundlage dieser Qualitätssicherungsmaßnahmen wird die Struktur der Meldedaten kontinuierlich verbessert und die Hilfefunktion von `SurvNet@RKI` weiter ausgebaut. Darüber hinaus werden Prüfalgorithmen in die Software integriert, die Plausibilitätskontrollen automatisch durchführen, so dass die Gesundheitsämter, die `SurvNet@RKI` verwenden, bereits bei der Dateneingabe auf mögliche Fehler hingewiesen werden.

Den Gesundheitsämtern werden Informationen, Erläuterungen und Hilfsmittel zur Verfügung gestellt, um eine hohe Datenqualität zu sichern. Beispiele für entsprechende Angebote des RKI an die Gesundheitsämter sind:

- ▶ Informationsbriefe, in denen Hinweise zur Eingabe der Meldedaten und Bearbeitung von Fällen gegeben werden
- ▶ `SurvNet@RKI`-Anwenderhandbuch
- ▶ Erläuterungen im Rahmen der Einzelfallkontrolle
- ▶ Teilnahme von RKI-Mitarbeitern und Mitarbeiterinnen an Dienstbesprechungen und Schulungen, die von den zuständigen Landesbehörden veranstaltet werden

- ▶ Erläuternde Beiträge im Epidemiologischen Bulletin
- ▶ Antworten auf häufig gestellte Fragen im Epidemiologischen Bulletin und auf den Internetseiten des RKI
- ▶ Ausführliche Informationen auf den Internetseiten des RKI

Jeder Fall, der eine seltene Krankheit betrifft, wird am RKI überprüft und erst dann zur Veröffentlichung freigegeben, wenn die übermittelten Informationen plausibel und mit der Falldefinition vereinbar sind. Die Einzelfallkontrolle wird durchgeführt, da zum einen einzelne Gesundheitsämter aufgrund des seltenen Auftretens dieser Krankheiten kaum die Möglichkeit haben, Routine in der Bearbeitung dieser Meldungen zu entwickeln. Zum anderen sind es oft die seltenen Krankheiten, die eine besondere Aufmerksamkeit der Fach- und Allgemeinöffentlichkeit genießen, so dass bereits der Einzelfall besonderen Qualitätsansprüchen genügen muss. Sind die übermittelten Informationen unplausibel oder nicht mit der Falldefinition vereinbar, wendet sich das RKI in der Regel an die zuständige Landesbehörde des jeweiligen Bundeslandes und weist auf die inhaltlichen Widersprüche im übermittelten Datensatz hin.

Am RKI selbst werden keine Änderungen an Datensätzen, die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelt wurden, vorgenommen. Korrekturen erfolgen auf der Ebene der Gesundheitsämter, bevor sie auf der Landesebene oder am RKI wirksam werden. Dieses Verfahren wurde gewählt, damit der Datenstand zu einem Fall möglichst auf jeder Ebene (Kreis, Bundesland und RKI) identisch ist, sofern dies übermittlungspflichtige Dateninhalte betrifft.

Literaturhinweise

RKI: *SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.11 zu SurvNet Version 0.9.25.0.* <https://SurvNet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx>

RKI: *Software – SurvNet@RKI. Postleitzahl-Tool des Robert Koch-Institutes.* www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html

RKI: *Epidemiologisches Bulletin* (erscheint wöchentlich). www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/epid_bull_node.html

3.3 Vollständigkeit der Erfassung

Eine häufige Frage bezüglich der Qualität der epidemiologischen Überwachung ist die der Vollständigkeit, d. h. die Frage, ob tatsächlich alle Fälle erfasst werden. Hierbei ist zu beachten, auf welche Sachverhalte sich die Erfassung beziehen soll.

Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

Das Meldewesen gemäß IfSG (s. Kap. 2) erfasst hauptsächlich diejenigen Erkrankungen oder Infektionen, die im medizinischen Versorgungssystem, also in der Regel von Ärztinnen und Ärzten oder Laboren, erkannt werden. Asymptomatische Infektionen werden in der Regel nur im Rahmen von Routineuntersuchungen (z. B. bei betriebsärztlichen Untersuchungen) oder Umgebungsuntersuchungen bei Ausbrüchen labordiagnostisch erfasst.

Der Anteil der Erkrankten, der tatsächlich eine ärztliche Praxis oder eine diagnostische Einrichtung aufsucht, hängt unter anderem von folgenden Faktoren ab:

- ▶ Objektiv oder subjektiv schwere Erkrankungen führen eher zum Arztbesuch als leichte Erkrankungen.
- ▶ Berufstätigkeit, Alter, Geschlecht und Sozialstatus wirken sich unterschiedlich stark auf die Wahrscheinlichkeit aus, eine ärztliche Praxis aufzusuchen.
- ▶ Die Bereitschaft, sich in ärztliche Behandlung zu begeben, unterliegt unter Umständen saisonalen Schwankungen und regionalen Einflüssen.

Der Anteil der Erkrankten, der eine Diagnostik erhält, wird unter anderem durch folgende Faktoren beeinflusst:

- ▶ Die Schwere der Erkrankung und eventuell auch das Alter der Erkrankten wirken sich auf

die Wahrscheinlichkeit aus, mit der eine labor-diagnostische Untersuchung veranlasst wird.

- ▶ Labordiagnostische Untersuchungen werden eventuell deshalb nicht angeordnet, weil Befürchtungen bestehen, dass diese das Budget der Praxis belasten. In der Regel fallen jedoch diagnostische Laboruntersuchungen im Zusammenhang mit Infektionen, die gemäß IfSG meldepflichtig sind, nicht in das Laborbudget der Niedergelassenen. Dies gilt auch, wenn es sich lediglich um einen Verdacht handelt. Dieser Tatsache wurde im Einheitlichen Bewertungsmaßstab (EBM) durch die Kennziffer 32006 Rechnung getragen.
- ▶ In Krankenhäusern besteht im Bezug auf die Fallpauschalen eine ähnliche Problematik.

Die genannten Faktoren bleiben vermutlich weitgehend konstant und beeinflussen die Interpretation des Trends epidemiologischer Daten nur in einem geringen Maße. Andere Ereignisse können hingegen einen kurzfristigen Einfluss auf die Häufigkeit von diagnostischen Maßnahmen und somit die Wahrscheinlichkeit von Erregernachweisen oder die Wahrscheinlichkeit einer Meldung haben. Zum Beispiel könnte ein öffentlichkeitswirksamer Ausbruch von Salmonellen dazu führen, dass mehr Erkrankte als sonst wegen gastrointestinaler Symptome ärztliche Praxen aufsuchen. Es würden aufgrund der vorhandenen Kenntnisse über den Ausbruch eher Laboruntersuchungen veranlasst werden und die Labore würden im Anschluss an positive Salmonellen-Befunde, aber möglicherweise auch anderer Erreger gastrointestinaler Symptome, Labormeldungen abgeben. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellen, aber möglicherweise auch von anderen gastrointestinalen Krankheiten, durch das Gesundheitssystem wäre somit vorübergehend erhöht. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben.

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Es ist davon auszugehen, dass nicht alle Meldepflichtigen der Meldepflicht nachkommen, so

dass ein Teil der ärztlich oder labordiagnostisch erfassten meldepflichtigen Krankheiten oder Erregernachweise nicht Eingang in das Meldesystem findet. Folgende Faktoren beeinflussen unter anderem die Vollständigkeit der Meldungen:

- ▶ Meldepflichtige sind sich ihrer Meldepflicht für einzelne Krankheiten bzw. Erregernachweise nicht bewusst.
- ▶ Meldepflichtige Einrichtungen, in denen selten meldepflichtige Krankheiten diagnostiziert werden, sind organisatorisch nicht darauf eingestellt, die Meldungen zuverlässig und mit wenig Aufwand abzusetzen.
- ▶ Meldepflichtige Personen oder Einrichtungen verweigern die Befolgung der Meldepflicht, oftmals mit dem Hinweis auf den Arbeitsaufwand und wegen fehlender Einsicht in den Nutzen des Verfahrens.

Die oben genannten Aspekte und vor allem die Befolgung der Meldepflicht durch zur Meldung verpflichteten Personen wirken sich überwiegend auf die Sensitivität des Erfassungssystems aus. Diese ist ein Maß für den Anteil der gemeldeten Fälle an allen vorhandenen Fällen.

Um die Meldecompliance zu verbessern und den Meldevorgang zu vereinfachen, wird derzeit im Rahmen eines vom Bundesministerium für Gesundheit geförderten Projekts am RKI ein elektronisches Meldesystem entwickelt, das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; www.rki.de/demis).

Übermittlung von Fällen vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde

Meldepflichtige Krankheiten oder Erregernachweise, die dem Gesundheitsamt gemeldet wurden, sollten immer dann übermittelt werden, wenn sie die jeweilige Falldefinition erfüllen. Die Falldefinitionen haben zum Ziel, bundesweit einheitliche Kriterien im Rahmen der epidemiologischen Überwachung von Infektionskrankheiten sicherzustellen. Für jede meldepflichtige Infektionskrankheit und jeden meldepflichtigen Erregernachweis wird durch die Falldefinition ein Kriterienkatalog zur Verfügung gestellt, auf dessen

Grundlage das Gesundheitsamt die Entscheidung fällt, einen Fall zu übermitteln. An dieser Stelle wird deutlich, dass die Gesundheitsämter eine verantwortungsvolle und arbeitsintensive Filterfunktion innerhalb des gesamten Meldesystems haben. Der positive Vorhersagewert - ein Qualitätskriterium, das beschreibt, mit welcher Sicherheit ein erfasster Fall tatsächlich den zu erfassenden Sachverhalt darstellt - wird durch die Arbeit des Gesundheitsamtes entscheidend beeinflusst.

Die zuständigen Landesbehörden unterstützen das beschriebene Qualitätsmanagementsystem des RKI (s. Kap. 3.2) durch entsprechende Beratung und Information der Gesundheitsämter, um fälschlich übermittelte Fälle zu vermeiden und so den positiven Vorhersagewert zu optimieren.

Auch bei der Übermittlung von Fällen kann es unter anderem aus folgenden Gründen dazu kommen, dass nicht alle übermittlungspflichtigen Fälle tatsächlich an die zuständige Landesbehörde übermittelt werden:

- ▶ Mängel in der vom Gesundheitsamt benutzten Software oder deren Fehlbedienung können zum Verlust von Daten oder fehlerhaften Übermittlungen führen.
- ▶ Ungenügende personelle Ausstattung in den Gesundheitsämtern kann zur Folge haben, dass gemeldete Fälle und Ausbrüche nicht ausreichend ermittelt werden und somit (epidemiologisch) assoziierte Fälle unentdeckt bleiben oder bekannte Fälle nicht übermittelt werden.

Übermittlung von Fällen von der zuständigen Landesbehörde an das RKI

Fälle, die sich auf Landesebene in der Datenbank befinden, müssen an das RKI übermittelt werden, damit sie bundesweit zusammengefasst und ausgewertet werden können. Der Übermittlungsprozess ist weitgehend automatisiert, so dass davon auszugehen ist, dass der Anteil der bei diesem Vorgang verlorengegangenen Daten vernachlässigbar ist.

Literaturhinweise

- Blümel B, Diercke M, Sagebiel D, Gilsdorf A: *Positive predictive value of the German notification system for infectious diseases: Surveillance data from eight local health departments, Berlin, 2012*. PLoS One 2019. doi: 10.1371/journal.pone.0212908
- Diercke M: *Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS)*. Epid Bull 2017; 30:291–293.
- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. Epidemiol Infect 2016; 144:3305–3315.
- Plass D, Mangan MJ, Kraemer A, et al.: *The disease burden of hepatitis B, influenza, measles and salmonellosis in Germany: first results of the burden of communicable diseases in Europe study*. Epidemiol Infect 2014; 142:2024–2035.
- Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J: *Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016–2017*. BMC Public Health 2018. doi: 10.1186/s12889-018-5971-y
- Takla A, Wichmann O, Rieck T, Matysiak-Klose D: *Measles incidence and reporting trends in Germany, 2007–2011*. Bull World Health Org 2014; 92:742–749.
- Wilking H, Spitznagel H, Werber D, Lange C, Jansen A, Stark K: *Acute gastrointestinal illness in adults in Germany: a population-based telephone survey*. Epidemiol Infect 2013; 141:2365–2375.

3.4 Vollständigkeit der Datensätze

Die Datenqualität ist in einem System mit Einzelfallmeldungen u. a. deshalb von besonderer Bedeutung, weil alle Meldungen eine Fülle von Informationen enthalten, die wertvolle Auswertungen ermöglichen.

Viele Informationen werden in standardisierter Form erfasst. Dabei werden einige Informationen für alle Einzelfälle erhoben, wie z. B. Alter, Geschlecht, Hospitalisierung, Tod oder Zugehörigkeit der einzelnen Fälle zu Ausbrüchen. Andere Informationen, wie Symptome, Impfstatus, Labormaterial und -methode, werden entsprechend den Erregerereigenschaften und Falldefinitionskategorien nur für einen Teil der Fälle angegeben.

Die Vollständigkeit der Datensätze hängt auch davon ab, wie vollständig die Angaben auf den Meldebögen durch die meldenden Personen sind und inwieweit die notwendigen Informationen den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung zur Verfügung gestellt werden. So sind die Angaben zu Alter und Geschlecht bei nahezu 100 % der

Fälle vorhanden. Auch die Angaben, die zur Erfüllung der Falldefinition erforderlich sind, wie die Verfügbarkeit von klinischen Informationen und Laborangaben, sind bei über 98 % vollständig. Angaben, die teilweise von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen, z. B. Angaben, ob die betroffene Person geimpft ist, oder Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort, liegen dagegen nur in 82 % bzw. 52 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

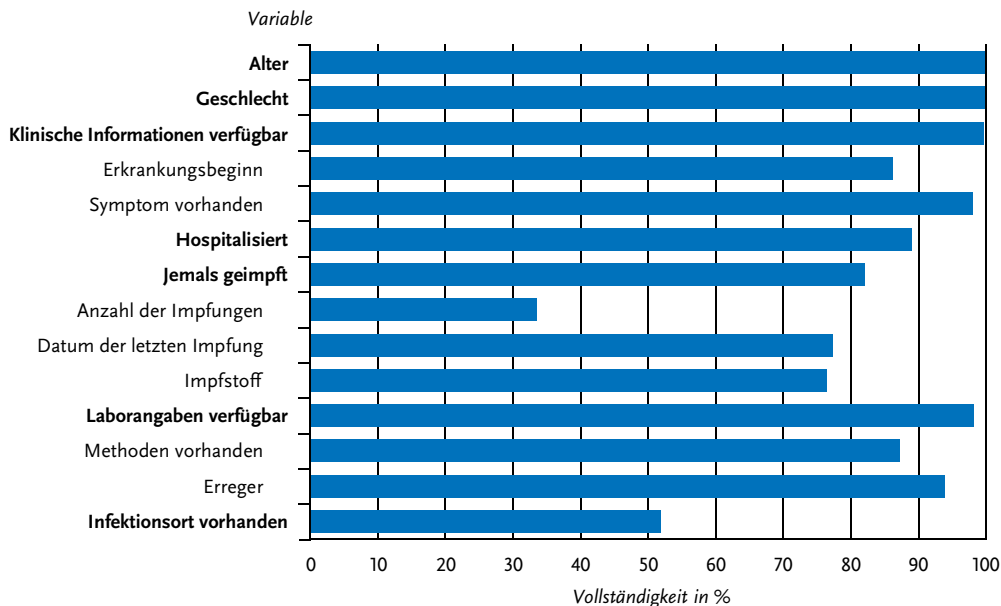
3.5 Zeitnähe

Wie zeitnah die Meldedaten zur Verfügung stehen, hat entscheidenden Einfluss auf ihren Nutzen für den Infektionsschutz, da sich gerade die epidemiologische Situation von Infektionskrankheiten kurzfristig ändern kann und frühzeitige Interventionen notwendig werden können. Nicht nur die Gesundheitsämter, sondern auch die zuständigen Landesbehörden und das RKI sind auf frühzeitige Informationen zur epidemiologischen Lage angewiesen, denn vielfach haben z. B. Krankheitsausbrüche ihre Auswirkungen über die Grenzen von Bundesländern und Staaten hinaus. Zum Teil können Ausbrüche erst durch die bundesweite Zusammenführung von Meldedaten erkannt werden, weil sich die einzelnen Fälle über mehrere Kreise so verteilen, dass dort diese Häufung gar nicht wahrgenommen werden kann.

Die namentlichen Meldungen müssen innerhalb von 24 Stunden nach erlangter Kenntnis dem Gesundheitsamt vorliegen. Die gemeldeten Erkrankungen und Erregernachweise, die die Falldefinition erfüllen, müssen vom Gesundheitsamt spätestens am folgenden Arbeitstag an die zuständige Landesbehörde sowie von dort spätestens am folgenden Arbeitstag an das RKI übermittelt werden (s. Kap. 2).

Für das Jahr 2018 wurden für die namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise die Dauer zwischen den einzelnen Etappen des Melde- und Übermittlungsweges berechnet (s. Abb. 3.5.1). In den verschiedenen Kategorien sind der Median (50. Perzentil; Linie), das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. In diese Berechnung gingen nur die Fälle

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2018



ein, die mittels SurvNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im aktuellen Berichtsjahr 532.598 Fälle mit hinreichenden Angaben, das sind 99 % aller übermittelten Fälle. Fälle, die nicht mit SurvNet@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Meldewoche anstelle von datumsgenauen Angaben, somit kann bei diesen kein Zeitintervall in Tagen gemessen werden.

Folgende in der Datenbank am RKI vorliegende Zeitangaben wurden zur Berechnung der Dauer verwendet:

- ▶ **Erkrankungsdatum:** Datum des Erkrankungsbeginns
- ▶ **Diagnosedatum:** Datum der Diagnose (bei differierenden Angaben beim Vorliegen mehrerer Meldungen zum gleichen Fall das früheste Datum)
- ▶ **Melddatum:** Datum des Eingangs einer Meldung beim Gesundheitsamt
- ▶ **Falleingabedatum:** Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Gesundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeit-

stempel am Gesundheitsamt der ersten übermittelten Version des Falls

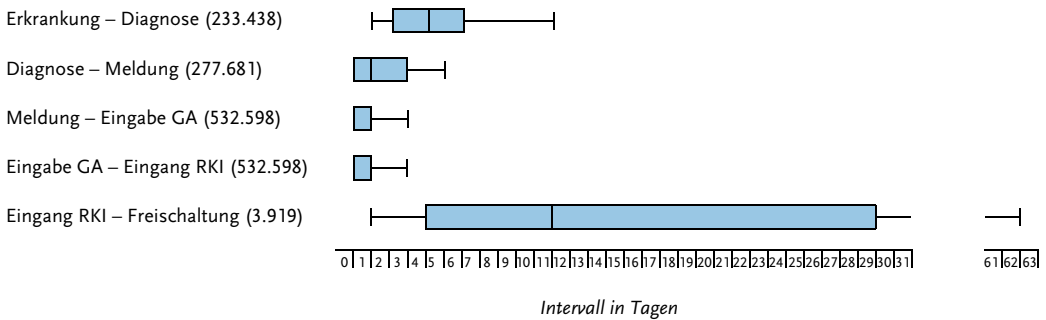
- ▶ **Eingangsdatum beim RKI:** Zeitstempel der Übernahme eines Falls in die RKI-Datenbank
- ▶ **Freischaltungsdatum:** Tag, an dem ein Fall, der der Einzelfallkontrolle durch eine Mitarbeiterin oder einen Mitarbeiter des RKI unterliegt, zur Veröffentlichung freigegeben wurde.

Eine gesonderte Betrachtung des Meldeverzugs für Krankheiten durch Erreger, die gemäß § 7 Abs. 3 IfSG meldepflichtig sind, entfällt, da bei diesen nichtnamentlich meldepflichtigen Erregernachweisen der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsgenau angegeben werden darf und die Berechnung deshalb zu ungenau wäre.

Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkrankung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich dem-

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2018
 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



gemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 233.438 (44%) der Fälle berechnet werden. Im Jahr 2018 dauerte es im Median 4 Tage vom Beginn der Erkrankung bis zum Diagnosedatum. Bei den mittleren 50% der Fälle, also jenen zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil, vergingen zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosestellung 2 bis 6 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 52% der im Jahr 2018 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag wie auch im Vorjahr bei 1 Tag.

Weitere Verzögerungen können durch die Bearbeitung im Gesundheitsamt (Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt) verursacht werden. Das Intervall zwischen Meldedatum und Falleingabedatum am Gesundheitsamt konnte bei allen Fällen, die in die Auswertung einbezogen werden, bestimmt werden. Im Median belief sich der Verzug auf 0 Tage.

Die Übermittlung vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI muss gemäß IfSG jeweils innerhalb eines Arbeitstages erfolgen. Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum am RKI) betrug im Median 1 Tag.

Eine weitere Verzögerung kann sich durch die Datenaufbereitung und Qualitätskontrolle, die der bundesweiten wöchentlichen Veröffentli-

chung der Daten vorangeht, ergeben (Zeitraum zwischen Eingangsdatum am RKI und Freischaltungsdatum). Fälle, die einer Einzelfallkontrolle unterliegen, werden mit größerem Verzug veröffentlicht. Das Intervall zwischen Eingang am RKI und Freischaltung wurde für 3.919 der einer Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 11 Tagen. Der Verzug der Freischaltung kann durch verschiedene Faktoren beeinflusst werden. Dazu zählen z. B. die Dauer der initialen Qualitätsprüfung am RKI, die Komplexität einzelner Fälle, die aufgrund der Qualitätskontrolle zunächst zurückgehalten werden und erst nach Korrektur durch das zuständige Gesundheitsamt zur Veröffentlichung freigegeben werden, sowie technische Schwierigkeiten auf der Ebene der Gesundheitsämter, die dazu führen können, dass die geforderten Korrekturen in Einzelfällen mehrere Wochen dauern.

Literaturhinweis

Schumacher J, Diercke M, Salmon M, et al.: *Timeliness in the German surveillance system for infectious diseases: Amendment of the infection protection act in 2013 decreased local reporting time to 1 day.* PLoS ONE 2017. doi.org/10.1371/journal.pone.0187037

4 Krankheitsübergreifende Auswertung

Im Folgenden werden die Krankheiten unter epidemiologischen Aspekten, wie Angaben zur Person und zum Ort, sowie zu klinischen Aspekten miteinander verglichen. Detaillierte Angaben zu den einzelnen Krankheiten können im Kapitel 6 »Spezielle Krankheiten« nachgelesen werden. Beim krankheitsübergreifenden Vergleich ist zu beachten, dass für die verschiedenen Krankheiten unterschiedliche Falldefinitionskategorien die Referenzdefinitionen erfüllen (s. Kap. 2.2). So werden z. B. für Norovirus-Gastroenteritis nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitionskategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen (Falldefinitionskategorie C) auch klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen (Falldefinitionskategorie B) die Referenzdefinition erfüllen.

4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2018 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die höchste Inzidenz hatte im Jahr 2018 die Influenza mit 331 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern. Zu den häufigsten Krankheiten gehören hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie Norovirus-Gastroenteritis (94 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), *Campylobacter*-Enteritis (82), Rotavirus-Gastroenteritis (28) und Salmonellose (16), aber auch impfpräventable Krankheiten wie Windpocken (25) und Keuchhusten (16).

4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

Im Folgenden werden krankheitsübergreifende epidemiologische Aspekte meldepflichtiger Krankheiten analysiert. Dabei wird die Verteilung der Fälle nach Alter und Geschlecht sowie nach regionalen und saisonalen Aspekten dargestellt.

Fälle nach Alter

In Abb. 4.2.1 ist die Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten im Jahr 2018 altersgruppenspezifisch dargestellt. Die Gesamtinzidenz war bei Säuglingen und Kindern in den Altersgruppen von 0 bis 4 Jahren am höchsten, gefolgt von Kindern in der Altersgruppe von 5 bis 9 Jahren und von den älteren Menschen im Alter über 79 Jahren.

In Abb. 4.2.2 ist die Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2018 dargestellt. Die Übermittlungskategorien sind nach Altersmedian (50. Perzentil; Linien) sortiert. Zusätzlich sind das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. Den geringsten Altersmedian haben die Windpocken (6 Jahre) und die Yersiniose (16 Jahre). Der Median von einigen gastrointestinalen Krankheiten wie EHEC-Erkrankungen, Rotavirus-Gastroenteritis, Kryptosporidiose und Salmonellose lag zwischen 23 und 30 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten, wie HIV-Infektion, Hepatitis B und C sowie Syphilis, betrafen v.a. Personen im Alters-Median zwischen 37 und 44 Jahren. Reiseassoziierte Krankheiten wie Denguefieber und Malaria traten bei Personen im Alter (Median) zwischen 34 und 38 Jahren auf. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen, Listeriose und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian zwischen 74 und 79 Jahren.

Abb. 4.1.1:
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2018

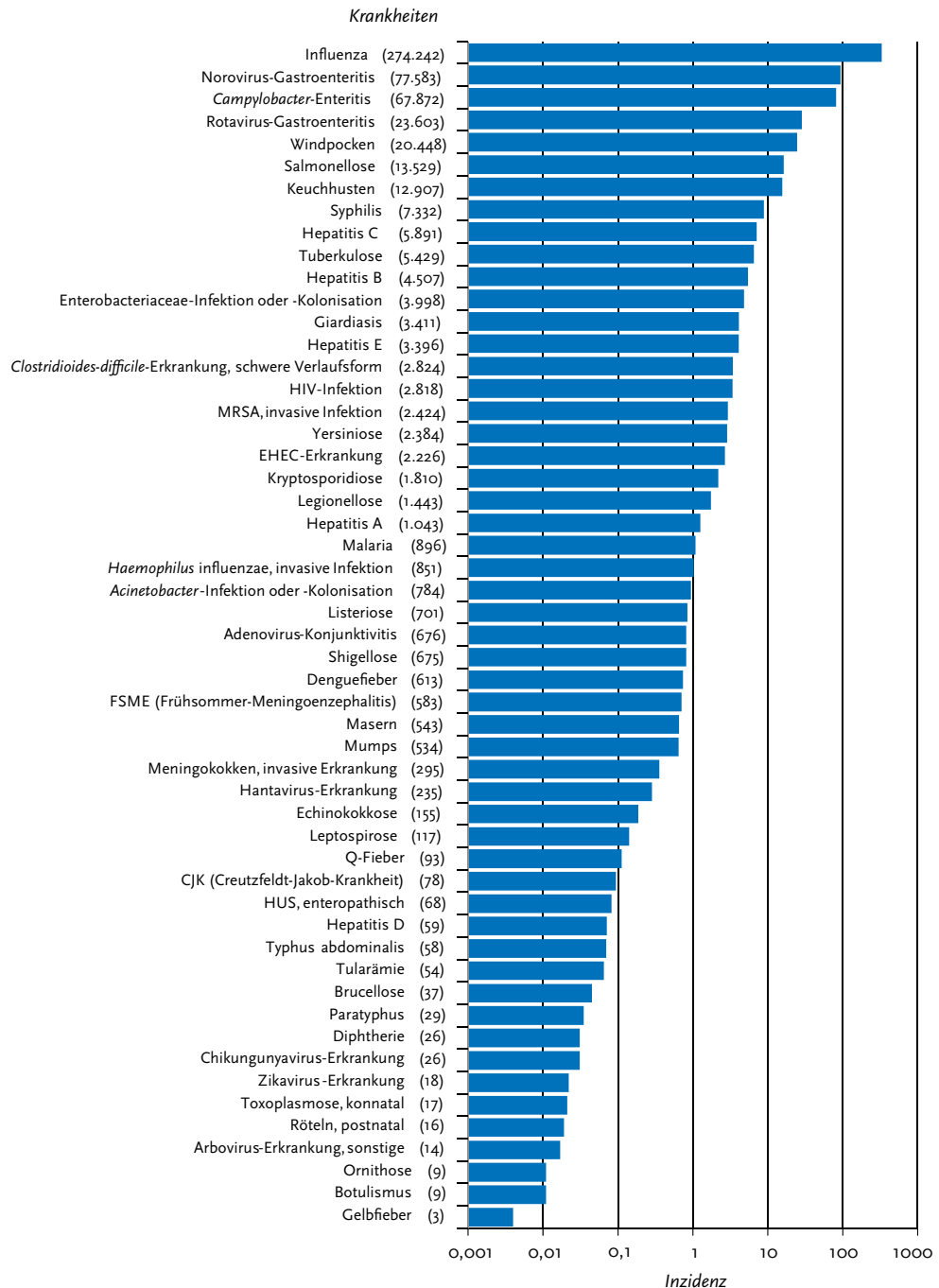


Abb. 4.2.1:
Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten nach Altersgruppe, Deutschland, 2018

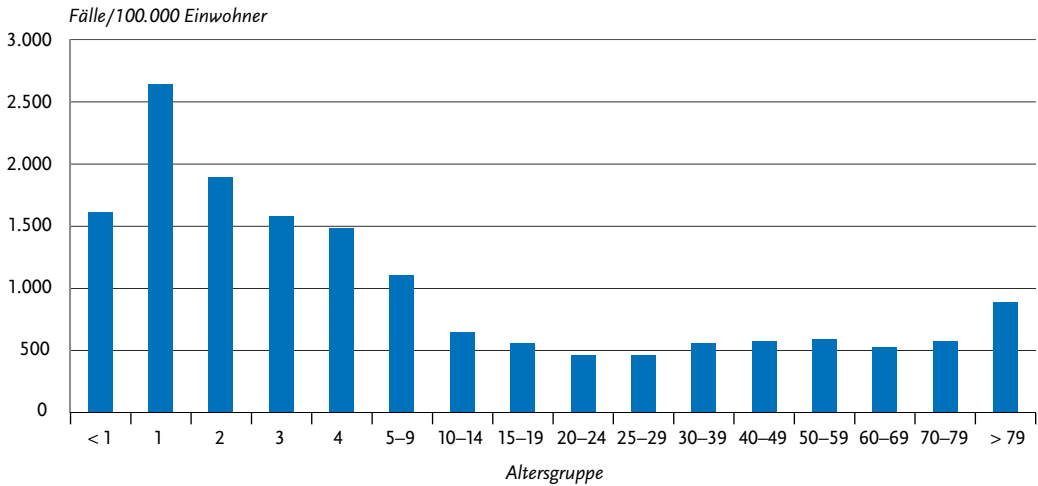


Abb. 4.2.2:
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2018

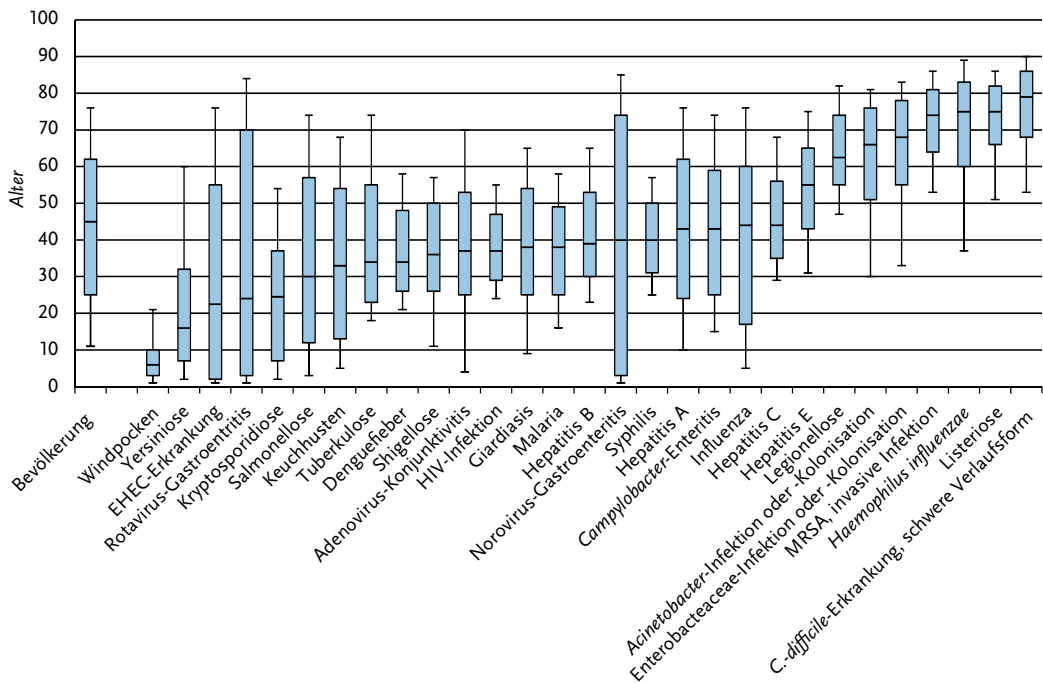
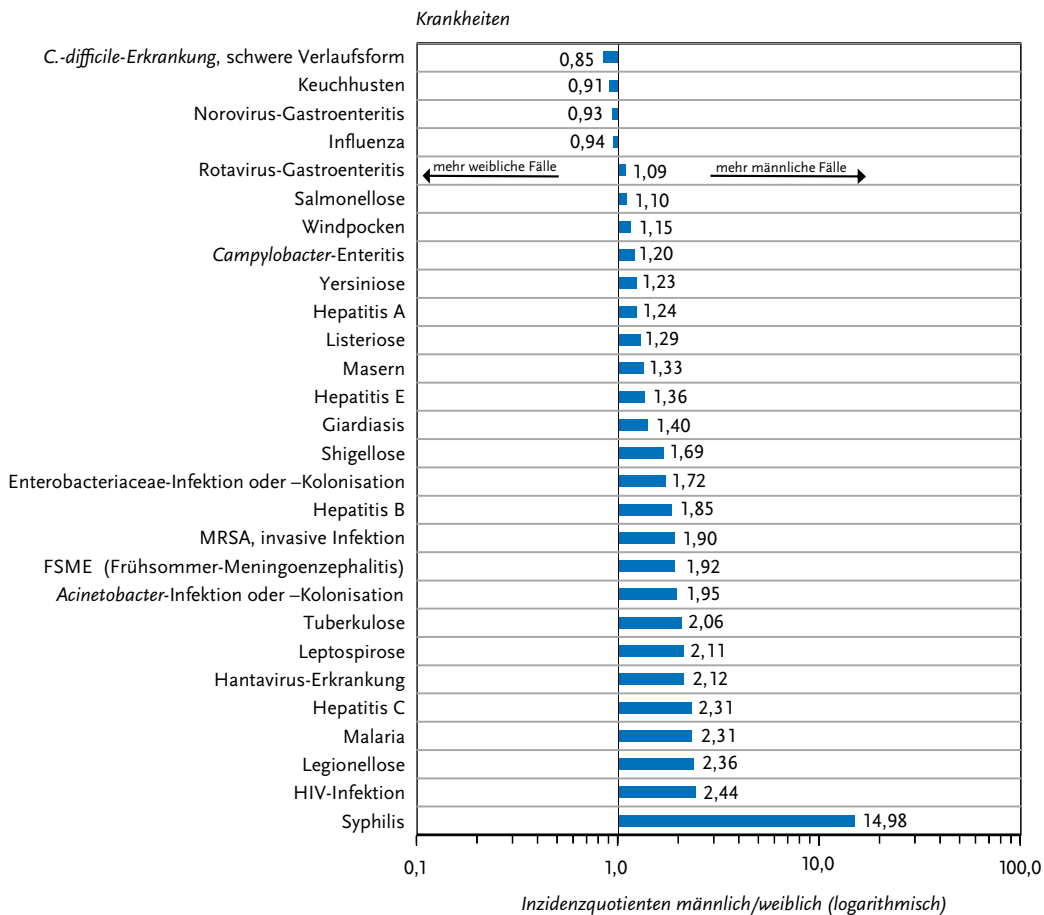


Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2018



Fälle nach Geschlecht

In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ($p < 0,05$) Inzidenzunterschieden bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 übermittelten Fällen dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v.a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Syphilis, HIV-Infektion, Hepatitis C und Hepatitis B, aber auch für Leptospirose, Hantavirus-Erkrankung, Malaria, Legionellose und Tuberkulose. Dagegen waren

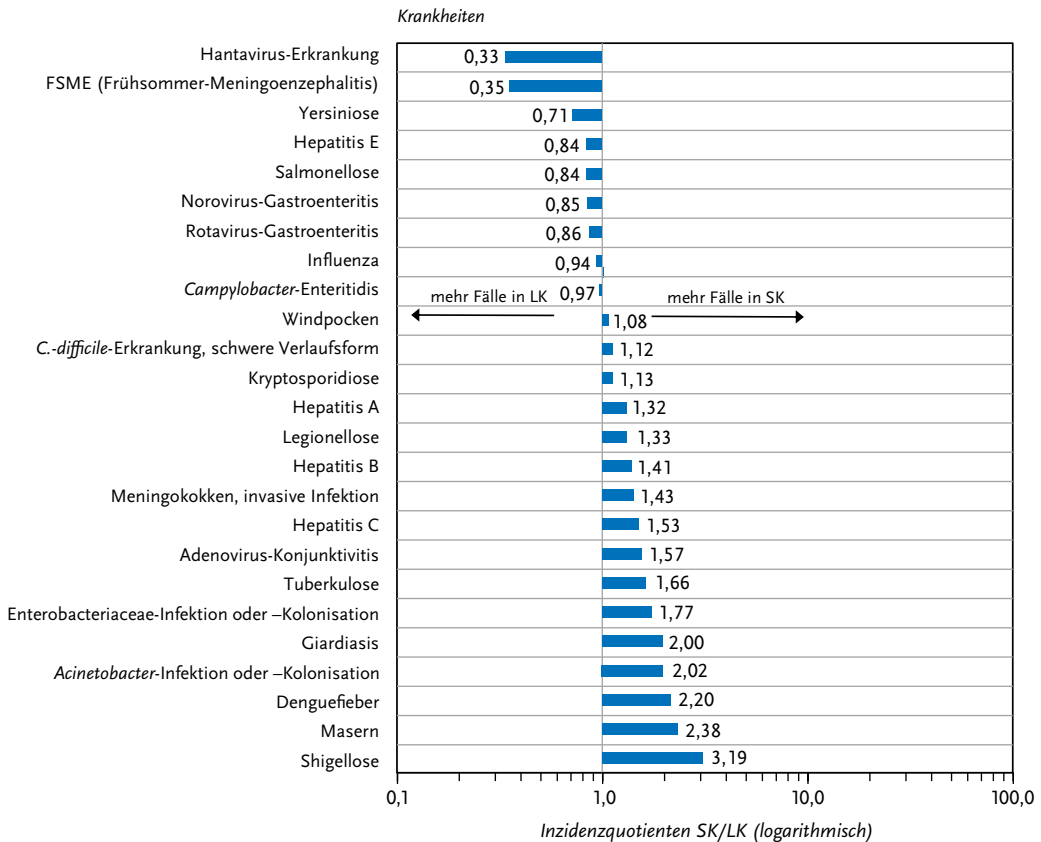
die Inzidenzen von schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, Keuchhusten, Norovirus-Gastroenteritis und Influenza bei Frauen höher als bei Männern.

Fälle nach Region

In Abb. 4.2.4 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten Inzidenzunterschieden zwischen Stadt- und Landkreisen (einschließlich Region Hannover und Städteregion Aachen) dargestellt. Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an

Abb. 4.2.4:

Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2018



das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). Die Abbildung zeigt, dass in Stadtkreisen höhere Inzidenzen u. a. für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Shigellose, Denguefieber und Giardiasis, für impfpräventable Krankheiten, wie Masern, und für vorwiegend im Krankenhaus erworbene Infektionen oder Kolonisationen wie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation, beobachtet wurden.

In Landkreisen wurden hingegen u. a. höhere Inzidenzen bei Zoonosen, wie Hantavirus-Erkrankung, FSME und bei gastrointestinalen Krankhei-

ten, wie Yersiniose, Hepatitis E, Salmonellose, Norovirus-Gastroenteritis und Rotavirus-Gastroenteritis, festgestellt.

4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 88 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 30 % stationär im Krankenhaus behandelt. In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Ge-

Tab. 4.3-1:

Anzahl und Anteil der hospitalisierten und verstorbenen Fälle bei den namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2018

Krankheit	Fälle Gesamt	Fälle mit Angabe zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	784	731	646	88	772	10	1
Adenovirus-Konjunktivitis	676	597	68	11	669	0	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	67.872	62.039	13.971	23	67.077	9	0
<i>Clostridioides difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	2.824	2.763	2.679	97	2.739	649	24
Denguefieber	613	561	173	31	608	0	0
EHEC-Erkrankung	2.226	2.001	548	27	2.208	2	0
Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation	3.998	3.739	3.413	91	3.925	24	1
FSME (Frühsommermeningoencephalitis)	583	576	506	88	583	3	1
Giardiasis	3.411	3.069	356	12	3.374	0	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	851	803	768	96	836	35	4
Hantavirus-Erkrankung	235	217	168	77	230	0	0
Hepatitis A	1043	1002	666	66	1.034	6	1
Hepatitis B	4.507	3.211	610	19	4.386	3	0
Hepatitis C	5.891	4.343	1.070	25	5.786	4	0
Hepatitis E	3.396	3.160	1.766	56	3.356	8	0
Influenza	274.242	234.136	51.210	22	270.601	1.121	0
Keuchhusten	12.907	11.558	621	5	12.788	0	0
Kryptosporidiose	1.810	1.668	218	13	1.777	0	0
Legionellose	1.443	1.422	1.361	96	1.424	63	4
Leptospirose	117	104	78	75	115	4	3
Listeriose	701	680	652	96	680	31	5
Masern	543	513	228	44	540	0	0
Meningokokken, invasive Infektion	295	289	285	99	293	34	12
MRSA, invasive Infektion	2.424	2.342	2.284	98	2.365	184	8
Mumps	534	488	78	16	526	0	0
Norovirus-Gastroenteritis	77.583	70.800	37.415	53	76.516	25	0
Rotavirus-Gastroenteritis	23.603	20.459	10.459	51	23.341	13	0
Salmonellose	13.529	12.457	4.485	36	13.366	14	0
Shigellose	675	614	126	21	673	0	0
Tuberkulose	5.429	5.010	4.485	90	5.285	129	2
Windpocken	20.448	17.528	575	3	20.161	1	0
Yersiniose	2.384	2.162	629	29	2.377	0	0

sundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2018 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden.

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95% wurden für die invasive Meningokokken-Erkrankung, invasive MRSA-Infektion, schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion, Listeriose und Legionellose ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurde bei Influenza (51.210), Norovirus-Gastroenteritis (37.415), *Campylobacter*-Enteritis (13.971) und Rotavirus-Gastroenteritis (10.459) beobachtet. Das sind gleichzeitig die Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen. Bei der Interpretation der Hospitalisierungsraten sollte berücksichtigt werden, dass weniger schwer verlaufende Erkrankungen im Meldesystem weniger gut erfasst werden, weswegen in den Meldedaten die Gesamtzahl der Fälle unterschätzt, der Anteil schwerer Verlaufsformen aber überschätzt wird.

Todesfälle

Angaben zum Tod zählen zu den melde- und übermittlungspflichtigen Inhalten. Es ist jedoch bei der Ermittlung von Todesfällen und der Bewertung der entsprechenden Informationen in den Gesundheitsämtern unterschiedlich vorgegangen. So kann z. B. bei multimorbiden Patienten nicht immer eindeutig bestimmt werden, ob die gemeldete Infektion oder eine der Vorerkrankungen zum Tod geführt hat. Außerdem kann

bei einigen Krankheiten eine lange Zeitspanne zwischen Erkrankungsbeginn und Tod liegen, so dass solche Fälle gegebenenfalls nicht als verstorben übermittelt werden, weil die Ermittlungen des Gesundheitsamtes zum Zeitpunkt des Todes möglicherweise schon abgeschlossen waren. Gleichzeitig ist es wahrscheinlicher, dass schwere Krankheitsverläufe, die zum Tod geführt haben, gemeldet werden, als leichte Krankheitsverläufe. In der Folge könnte es einerseits zu einer Unterschätzung der Anzahl der Todesfälle, andererseits zu einer Überschätzung der Letalität einer Infektionskrankheit kommen. Daher können die folgenden Angaben kein exaktes Abbild liefern, sondern nur Hinweise zur Einschätzung der Letalität der Krankheiten geben.

Angaben zum Tod lagen für über 99% der übermittelten Fälle vor, von denen insgesamt weniger als 1% krankheitsbedingt verstorben sind.

In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2018 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen nicht erhoben wird, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbener wurde für schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (24%), invasive Meningokokken-Erkrankungen (12%), invasive MRSA-Infektionen (8%), Listeriose (5%), invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen (4%) und Legionellose (4%) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei Influenza (1.121), schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (649), invasiven MRSA-Infektionen (184) und Tuberkulose (129) beobachtet.

5 Ausbrüche

Als Ausbrüche werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch Gruppen solcher Fälle bezeichnet, für die im Laufe des Meldeprozesses ein epidemiologischer Zusammenhang dokumentiert wurde. Fälle können in der Übermittlungssoftware auf der Ebene des Gesundheitsamtes, der zuständigen Landesbehörde oder des RKI verknüpft werden, um ihre Zugehörigkeit zu einem Ausbruch anzuzeigen.

Zusätzlich können in der Übermittlungssoftware auch Ausbrüche miteinander verknüpft und dadurch zusammengefasst werden. So ist es z. B. möglich, dass 2 Ausbrüche, die in verschiedenen Gesundheitsämtern eines Bundeslandes erzeugt wurden, auf Landesebene zusammengefasst und dann auf Bundesebene mit weiteren Ausbrüchen in anderen Bundesländern verknüpft werden.

Die in diesem Jahrbuch dargestellten Ausbrüche sind also Ansammlungen von Fällen, bei denen über die rein zeitliche und räumliche Häufung hinaus Gründe für die Feststellung eines epidemiologischen Zusammenhangs vorliegen.

Zum besseren Verständnis der im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch angegebenen Zahlen sind folgende Regeln zu beachten:

- ▶ Bei der Ermittlung der Fallzahl (Anzahl der enthaltenen Fälle) werden nur die Fälle gezählt, die die Referenzdefinition erfüllen.
- ▶ Ausbrüche werden nach der Fallzahl in solche mit 2 bis 4 Fällen und solche mit 5 oder mehr Fällen eingeteilt, da bei letzteren anzunehmen ist, dass es sich um haushaltsübergreifende Geschehen handelt. Ausbrüche, bei denen nur ein einzelner Fall die Referenzdefinition erfüllt, werden nicht in die Auswertung einbezogen.
- ▶ Ein Ausbruch wird in dem Meldejahr gezählt und ausgewertet, in dem sein Meldebeginn liegt. Der Meldebeginn ist der Meldezeitpunkt des zuerst gemeldeten Falles, unabhängig davon, ob dieser die Referenzdefinition erfüllt. Das bedeutet, dass es theoretisch möglich ist, dass ein Fall, der bei der Fallzahl des Ausbruchs nicht mitgezählt wird, dennoch seinen Meldebeginn festlegt.

- ▶ Zur Fallzahl eines Ausbruchs tragen alle zugeordneten Fälle bei, unabhängig vom Meldejahr der Fälle. Dies kann unter Umständen dazu führen, dass die Anzahl der Fälle in Ausbrüchen eines Meldejahres die Gesamtzahl der Fälle des Meldejahres übersteigt.
- ▶ Es werden nur die Ausbrüche der obersten Verknüpfungsebene mit mindestens 2 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, ausgewertet. Das bedeutet, dass bei Verknüpfung von 2 Ausbrüchen A und B zu einem Ausbruch C nur ein Ausbruch (nämlich C) gezählt wird. Als Fälle dieses Ausbruchs werden dann alle Fälle der Ausbrüche A und B gezählt.
- ▶ Enthält eine Häufung Fälle mehrerer Krankheiten, so werden jeweils nur die Fälle einer Krankheit als zu einem Ausbruch gehörig betrachtet. Eine Ausnahme bilden Ausbrüche mit EHEC- und HUS-Fällen. Hier werden HUS-Fälle, die im Rahmen von EHEC-Ausbrüchen gemeldet werden, bei der Auswertung dieser Ausbrüche mit einbezogen. Ein solcher Ausbruch wird als HUS-Ausbruch gewertet, wenn mindestens ein HUS-Fall enthalten ist.

Zu beachten ist, dass diese Regeln rückwirkend auch auf Ausbrüche früherer Jahre angewendet wurden, so dass es gegenüber früheren Jahrbüchern zu abweichenden Zahlen kommen kann.

Bei Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.42) erfüllen nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle die Referenzdefinition, klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle werden nicht berücksichtigt. Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden nur die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche berichtet, die mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle enthalten. Dadurch kommt es zu einer Unterschätzung der tatsächlichen Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie der im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen. Wegen der daraus resultierenden, eingeschränkten Vergleichbarkeit mit den anderen Ausbrüchen werden die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche im Folgenden bei krankheitsübergreifenden Auswertungen nur am Ende des Kapitels 5.2 sowie im Kapitel 6.42 dargestellt.

5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

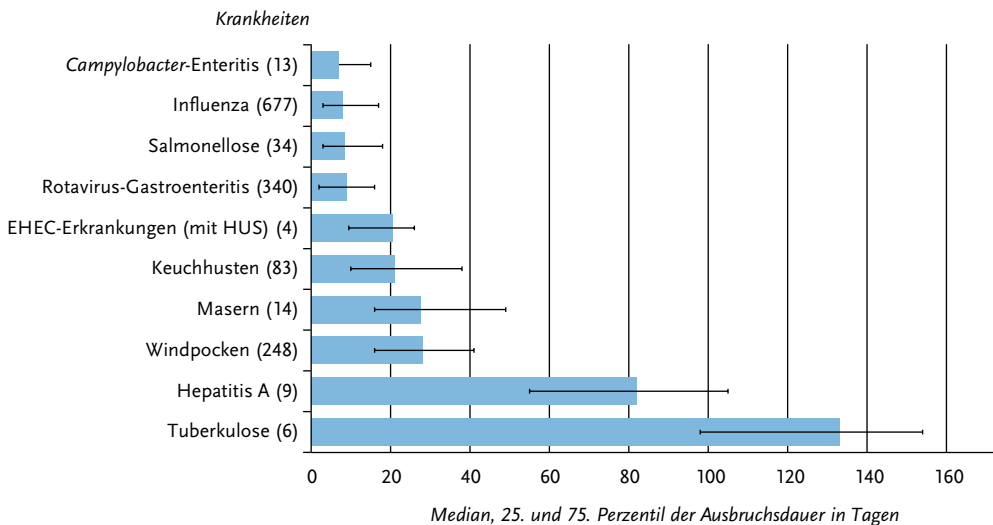
In Tab. 5.1.1 sind die Anzahl der übermittelten Ausbrüche, die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch sowie die maximale einem Ausbruch

zugeordnete Fallzahl für die unterschiedlichen Krankheiten dargestellt. Übermittlungskategorien, bei denen in den Faldefinitionen die epidemiologische Bestätigung entfällt, werden nicht berücksichtigt, dies betrifft u.a. Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.42). Für das Meldejahr 2018 wurden insgesamt 9.262 Ausbrüche übermittelt.

Tab. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2018

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
Influenza	5.704	23.186	4	273
Windpocken	1.134	4.768	4	160
Rotavirus-Gastroenteritis	734	6.226	8	83
Keuchhusten	606	1.945	3	24
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	377	914	2	21
Salmonellose	274	1.091	3	191
Masern	73	320	4	39
Tuberkulose	68	187	2	7
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	55	172	3	28
Hepatitis A	46	185	4	29
Giardiasis	45	116	2	5
Kryptosporidiose	29	100	3	28
Shigellose	24	97	4	28
Mumps	19	45	2	5
Listeriose	13	58	4	33
Adenovirus-Konjunktivitis	11	66	6	30
Yersiniose	11	23	2	3
Legionellose	10	24	2	6
Hepatitis E	8	17	2	3
Hepatitis B	5	12	2	3
Hepatitis C	5	10	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	3	6	2	2
Botulismus	2	4	2	2
Q-Fieber	2	8	4	6
Tularämie	2	10	5	8
Diphtherie	1	2	2	2
Arbovirus-Erkrankung	1	2	2	2
Summe	9.262	39.594		

Abb. 5.1.1:
Ausbruchsdauer der 10 Krankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen, Deutschland, 2018 (dargestellt sind Median, 25. und 75. Perzentil sowie in Klammern: Anzahl der ausgewerteten Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen)



Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten auch 2018 die meisten Ausbrüche. Am häufigsten übermittelt wurden Ausbrüche von Influenza (5.704 Ausbrüche mit 23.186 darin enthaltenen Fällen), Windpocken (1.134 Ausbrüche mit 4.768 Fällen), Rotavirus-Gastroenteritis (734 Ausbrüche mit 6.226 Fällen) und Keuchhusten (606 Ausbrüche mit 1.945 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche von *Campylobacter-Enteritis* (377 Ausbrüche mit 914 Fällen) und Salmonellose (274 Ausbrüche mit 1.091 Fällen) (s. Tab. 5.1.1).

Die höchste einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl lag bei 273 und wurde im Rahmen eines Influenzaausbruches übermittelt (s. Tab. 5.1.1). Die mittlere Anzahl der Fälle pro Ausbruch war bei Rotavirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen mit 8 Fällen im Vergleich zu den anderen Krankheiten am höchsten. Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer der Ausbrüche berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (ggf. Meldezeitpunkt) des frühesten und

des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert.

In Abb. 5.1.1 sind der Median sowie das 25. und 75. Perzentil der Ausbruchsdauer der Ausbrüche der 10 Krankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen dargestellt. Die längste Ausbruchsdauer war bei Ausbrüchen von Tuberkulose (Median 133 Tage) und Hepatitis A (Median 82 Tage) zu beobachten.

5.2 Gruppen von Ausbrüchen

In diesem Kapitel werden verschiedene Gruppen von Ausbrüchen beschrieben. Dabei ist zu beachten, dass die einzelnen Gruppen sich überlappen können. So können z. B. nosokomiale Ausbrüche auch lebensmittelbedingt sein.

Lebensmittelbedingte Ausbrüche

Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von Lebensmitteln als Infek-

tionsvehikel in Ausbrüchen erhoben. Diese Daten sind für die epidemiologische Betrachtung lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sowie für die Identifizierung des hieraus resultierenden Präventions- und Forschungsbedarfs wichtig.

Die nachfolgende Analyse umfasst alle Ausbrüche, bei denen aufgrund des Erregers eine lebensmittelbedingte Übertragung angenommen werden kann (**potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche**). Bei einem Teil davon werden in der Ausbruchsdokumentation Lebensmittel explizit genannt. Diese Ausbrüche werden als **explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche** beschrieben. Aufgrund der Besonderheit der Norovirus-Gastroenteritis-Falldefinition (siehe oben) werden lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche separat betrachtet.

Ausbrüche durch über Lebensmittel übertragbare Erreger

Zu den übermittlungspflichtigen Erregern, die durch Lebensmittel übertragen werden können, gehören *Brucella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridium botulinum*, *Cryptosporidium* spp., enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), *Francisella tularensis*, Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)-Virus, *Giardia lamblia*, Hepatitis-A-Virus, Hepatitis-E-Virus, *Listeria monocytogenes*, Norovirus, *Salmonella* spp., *Salmonella* Paratyphi, *Salmonella* Typhi, *Shigella* spp., *Trichinella spiralis*, *Vibrio cholerae* und darmpathogene *Yersinia* spp. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darmpathogene Stämme von *E. coli*, die nicht zu EHEC gehören (übermittelt als »sonstige darmpathogene *E. coli*«), werden nicht mehr in die Datenauswertung einbezogen, da Erkrankungen, die durch diese Erreger verursacht werden, seit dem 01.01.2015 nicht mehr übermittlungspflichtig sind.

Im Jahr 2018 wurden 886 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren ca. 1 % mehr Ausbrüche als im Vorjahr (n=875). Insgesamt traten im Jahr 2018 in diesen Ausbrüchen 2.787 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 377 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche etwa gleich geblieben

(2017: 378). Bei 274 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche stieg im Vergleich zum Jahr 2017 um 3 %. Der Anstieg war im Jahr 2018 deutlich schwächer als im Jahr 2017 (23 %). In den Vorjahren bis 2016 war ein Rückgang der Anzahl der Salmonellose-Ausbrüche beobachtet worden.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Insgesamt wurden 337 der potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche; 38%; 2017: 36 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.331 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Darunter waren 165 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (49 %) mit 432 Fällen und 125 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (37 %) mit 686 Fällen. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 6 Todesfälle übermittelt. Zwei Todesfälle waren durch Salmonellen und vier Todesfälle durch Listeriosen verursacht (s. Tab. 5.2.1). Ein Botulismus-Ausbruch mit 2 Fällen (davon ein Todesfall) wurde erst nach dem Datenschluss am 01.03.2019 als lebensmittelbedingt kategorisiert und ist daher in Tab. 5.2.1 zwar als potenziell, nicht aber als explizit lebensmittelbedingt aufgeführt (s. Kap. 6.4).

Bei 198 Ausbrüchen (59 %) wurden keine Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den übrigen 139 Ausbrüchen wurden insgesamt 161 Angaben zu einem Infektionsvehikel gemacht (Mehrfachnennungen möglich), darunter waren am häufigsten die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (72 Nennungen; 45 %), Ei oder Eiprodukte (31; 19%), Milch oder Milchprodukte (26; 16 %), Suppen oder Saucen bzw. Fisch oder Meeresfrüchte (jeweils 9; 6 %). Bei den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch 9-mal eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigten Lebensmittel (86 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (52 %) und Milch oder Milchprodukte (23 %) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (63 Nennungen) wurden vor allem Ei

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2018

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien					
<i>Campylobacter</i> spp.	377	914	165	432	
<i>Salmonella</i> spp.	274	1.091	125	686	2
EHEC*	55	172	9	47	
<i>Shigella</i> spp.	24	97	6	14	
<i>Listeria monocytogenes</i>	13	58	4	40	4
<i>Yersinia enterocolitica</i>	11	23	3	6	
<i>Francisella tularensis</i>	2	10			
<i>Clostridium botulinum</i>	2	4	1	2	
Viren					
Hepatitis-A-Virus	46	185	8	68	
Hepatitis-E-Virus	8	17	3	6	
Parasiten					
<i>Giardia lamblia</i>	45	116	8	17	
<i>Cryptosporidium</i> spp.	29	100	5	13	
Gesamt	886	2.787	337	1.331	6

* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

oder Eiprodukte (43%) und Fleisch oder Fleischprodukte (35%) als Infektionsvehikel verdächtig.

Bei der Interpretation der Daten muss berücksichtigt werden, dass der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp., der als lebensmittelbedingt übermittelt wurde, wahrscheinlich zu niedrig ist, da davon auszugehen ist, dass der Großteil dieser Erkrankungen über kontaminierte Lebensmittel erworben wird.

Lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2018 wurden 18 explizit lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche erfasst. Bei 14 (78%) Ausbrüchen wurden keine Angaben zum Lebensmittel übermittelt. Für 4 Ausbrüche (22%) lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich).

Von insgesamt 13 Nennungen entfielen jeweils 4 auf Fleisch oder Fleischprodukte bzw. Milch oder Milchprodukte. Obst oder Obstprodukte wurde 2-mal als verdächtige Lebensmittelkategorie genannt. Die Lebensmittelkategorien Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten bzw. Getreide oder Getreideprodukte wurden jeweils einmal genannt. Einmal wurde eine Mahlzeit verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel eingegrenzt werden konnte. Es wurden 0,5% aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (n=3.275) im Zusammenhang mit Lebensmitteln übermittelt. Insgesamt umfassten die explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche 74 Fälle. Wie oben beschrieben, ist davon auszugehen, dass die tatsächliche Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie die im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen unterschätzt werden.

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2018

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	EHC	HAV	GIL	SHI	CRY	LIS	HEV	YEN	CLO
Fleisch, Fleischprodukte	72	45	22	2			1				1	1
Ei, Eiprodukte	31	4	27									
Milch, Milchprodukte	26	20	6									
Suppen, Saucen	9	3	5			1						
Fisch, Meeresfrüchte	9	4	2		1	1			1			
Gemüse, Gemüseprodukte	2	2										
Obst, Obstprodukte	2				2							
Getränke (keine Milch)	1							1				
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	9	8	1									
Gesamt (Nennungen)*	161	86	63	2	3	2	1	1	1	0	1	1
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	139	73	54	2	3	2	1	1	1	0	1	1
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	198	92	71	7	5	6	5	4	3	3	2	0
Gesamt (explizit lebensmit- telbedingte Ausbrüche)	337	165	125	9	8	8	6	5	4	3	3	1

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.

SAL: *Salmonella* spp.

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

HAV: Hepatitis-A-Virus

GIL: *Giardia lamblia*

SHI: *Shigella* spp.

HEV: Hepatitis-E-Virus

CRY: *Cryptosporidium* spp.

LIS: *Listeria monocytogenes*

YEN: *Yersinia enterocolitica*

CLO: *Clostridium botulinum*

Nosokomiale Ausbrüche

Das Auftreten von 2 oder mehr nosokomialen Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird, wird dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG nichtnamentlich gemeldet und gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut übermittelt. Fälle, die zu einem nosokomialen Ausbruchsgeschehen gehören, können in Abhängigkeit von der Erkrankung oder dem Erregernachweis zum Teil gleichzeitig auch andere Meldetatbestände erfüllen und somit anderen Meldekategorien zugeordnet werden.

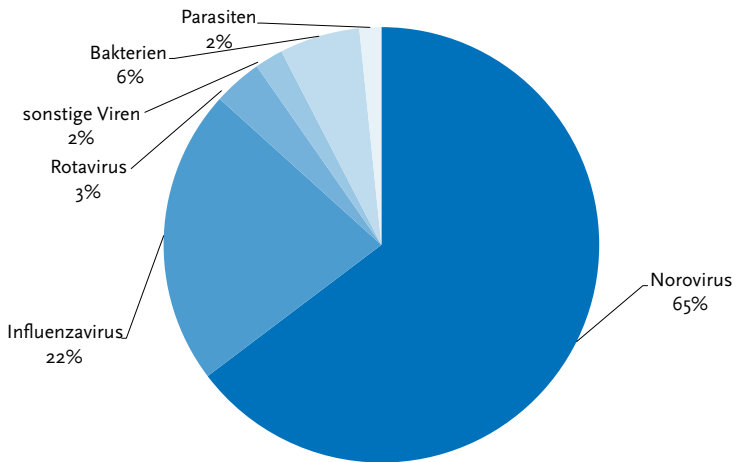
Die Daten zu nosokomialen Ausbrüchen werden in SurvNet@RKI elektronisch übermittelt, die papierbasierte Übermittlung wurde zum 31.12.2017 eingestellt. Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der elektronisch übermittelten Ausbrüche gemäß § 6 Abs. 3 IfSG.

Die Zuordnung der übermittelten Ausbrüche erfolgt nach dem Meldebeginn des Ausbruchs. Nur Ausbrüche mit 2 oder mehr Fällen von nosokomialen Infektionen werden in dieser Auswertung berücksichtigt.

Im Jahr 2018 erfüllten 1.803 nosokomiale Ausbrüche die oben genannte Definition.

Bei insgesamt 143 Ausbrüchen wurde keine Angabe zum Erreger übermittelt. Von den 1.660 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe

Abb. 5.2.1:
Nosokomiale Ausbrüche nach Erreger, Deutschland, 2018 (n=1.660)



wurden 99 Ausbrüche (6 %) durch bakterielle Erreger, 1.534 (92 %) durch virale Erreger und 27 (2 %) durch Parasiten hervorgerufen. Insgesamt wurden 18.583 Personen nosokomialen Ausbrüchen zugeordnet. Hiervon waren 15.889 Personen Ausbrüchen zuzuordnen, die durch virale Erreger verursacht wurden, und 608 Personen waren Ausbrüchen zuzuordnen, die durch bakterielle Erreger hervorgerufen wurden. Es wurden insgesamt 114 Todesfälle übermittelt, davon 67 (59 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger, 43 (38 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern und 4 (4 %) im Zusammenhang mit Parasiten und unklaren Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Literaturhinweis

- RKI: *Nosokomiale Ausbrüche*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale_Ausbrueche_node.html
- Haller S, Eckmanns T, Benzler J, et al.: *Results from the first 12 months of the national surveillance of healthcare associated outbreaks in Germany, 2011/2012*. PlosOne 2014. doi: 10.1371/journal.pone.0098100

Tab. 5.2.3:
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2018 (n=1.803)

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Minimale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Ausbruch
Viren	Norovirus	1.074	11.934	2	149	27
	Influenzavirus	365	3.140	2	280	38
	Rotavirus	60	533	2	43	1
	Varicella-Zoster-Virus	14	73	2	23	0
	Enterovirus	5	43	4	16	0
	mehrere/sonstige	16	166	2	59	1
	Gesamt	1.534	15.889	2	280	67
Bakterien	<i>Clostridioides difficile</i>	25	106	2	12	5
	<i>Staphylococcus</i> spp.	19	92	2	14	7
	<i>Enterococcus</i> spp.	17	190	2	54	12
	<i>Klebsiella</i> spp.	11	84	2	42	6
	<i>Bordetella pertussis</i>	5	15	2	4	0
	<i>Acinetobacter</i> spp.	5	18	2	8	5
	<i>Enterobacter</i> spp.	3	20	3	12	3
	<i>Serratia</i> spp.	3	17	4	7	2
	<i>Salmonella</i> spp.	2	4	2	2	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	2	9	3	6	2
	<i>Burkholderia</i> spp.	1	28	28	28	0
	<i>Clostridium perfringens</i>	1	13	13	13	0
	mehrere/sonstige	5	12	2	3	1
	Gesamt	99	608	2	54	43
Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	19	223	2	52	1
	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	8	31	2	9	0
	Gesamt	27	254	2	52	1
Erreger unbekannt	Gesamt	143	1.832	2	78	3
Alle	Gesamt	1.803	18.583	2	280	114

6 Spezielle Krankheiten

Das vorliegende Kapitel enthält zu jeder gemäß IfSG meldepflichtigen Krankheit ein infektions-epidemiologisches Profil. Dabei sind die Krankheiten in alphabetischer Reihenfolge und nicht nach Häufigkeit oder gesundheitspolitischer Bedeutung aufgeführt.

Eine weitere Krankheiten von besonderem infektionsepidemiologischen Interesse findet sich im Kapitel »Zusätzliche Krankheiten« am Ende (s. Kap. 6.63).

6.1 *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **784**
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren, insbesondere Männern
- ▶ Sowohl Infektionen als auch Kolonisationen sind meldepflichtig

Kurzbeschreibung

Acinetobacter species (spp.) sind gram-negative, opportunistische Bakterien, die in der Umwelt vor allem in der Erde und im Wasser vorkommen. Eine Identifizierung kann häufig nur den *A. baumannii*-Komplex (Spezies *A. baumannii*, *A. pittii*, *A. nosocomialis*, *A. seifertii* und *A. dijkschoorniae*) bestimmen, der die größte klinische Relevanz hat.

Eine Besiedlung (Kolonisation), z.B. der Haut, ist insbesondere im Krankenhaus häufig. Allerdings können *Acinetobacter* spp. eine Vielzahl von Infektionen auslösen, wie beispielsweise beatmungsassoziierte Pneumonien und katheterassoziierte Blutstrominfektionen (Sepsis). Bei nosokomialen Infektionen spielen *Acinetobacter* spp. daher eine wichtige Rolle.

Acinetobacter spp. weisen natürlicherweise eine Resistenz gegen eine Vielzahl von Antibiotika auf, z. B. gegen viele Beta-Laktam-Antibiotika, wie Ertapenem. *A. baumannii* weist zudem eine außergewöhnliche Fähigkeit auf, Resistenzen gegen Antibiotika auszubilden. Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer Carbapenem-Nichtempfindlichkeit kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase, eines Enzyms, das Carbapeneme spalten kann. Nichtempfindlichkeit ist definiert als intermediär oder resistent gegen mindestens eines der Carbapeneme Imipenem oder Meropenem. Bei *A. baumannii* ist eine Carbapenemase meistens (96 %) die Ursache einer verminderten Carbapenem-Empfindlichkeit.

Kolonisationen und Infektionen mit Carbapenem-nichtempfindlichen *Acinetobacter* spp. stellen insbesondere im Krankenhausumfeld eine große Herausforderung dar, da es kaum Behandlungsoptionen gibt und die Ausbreitung schwer zu kontrollieren sein kann.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 eingeführt, fast alle Gesundheitsämter hatten im Jahr 2018 die Software für die Übermittlung aktualisiert. Daher wurden die Fälle (n=784) entweder in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=765) oder bei nicht aktualisierter Software als „Weitere bedrohliche Krankheit“ (WBK) (n=19) übermittelt (s. Tab. 6.1.1). Infektionen oder Todesfälle werden in der Kategorie klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung (C), Kolonisationen in der Kategorie labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild (D) und Fälle mit fehlender Angabe zum Infektionsstatus in der Kategorie labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild (E) erfasst. In den folgenden Auswertungen werden auch Spezies einbezogen, die nicht zum *A. baumannii*-Komplex gehören.

Tab. 6.1.1:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	182	23 %	195	25 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	329	41 %	423	54 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	283	36 %	166	21 %
alle	794	100 %	784	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	794	100 %	784	100 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 784 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,95 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurde, bezogen auf die Einwohnerzahl, variierte sehr stark (s. Abb. 6.1.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin (2,4 Fälle/100.000 Einw.), Hamburg (2,1),

Abb. 6.1.1:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=784) im Vergleich mit dem Vorjahr

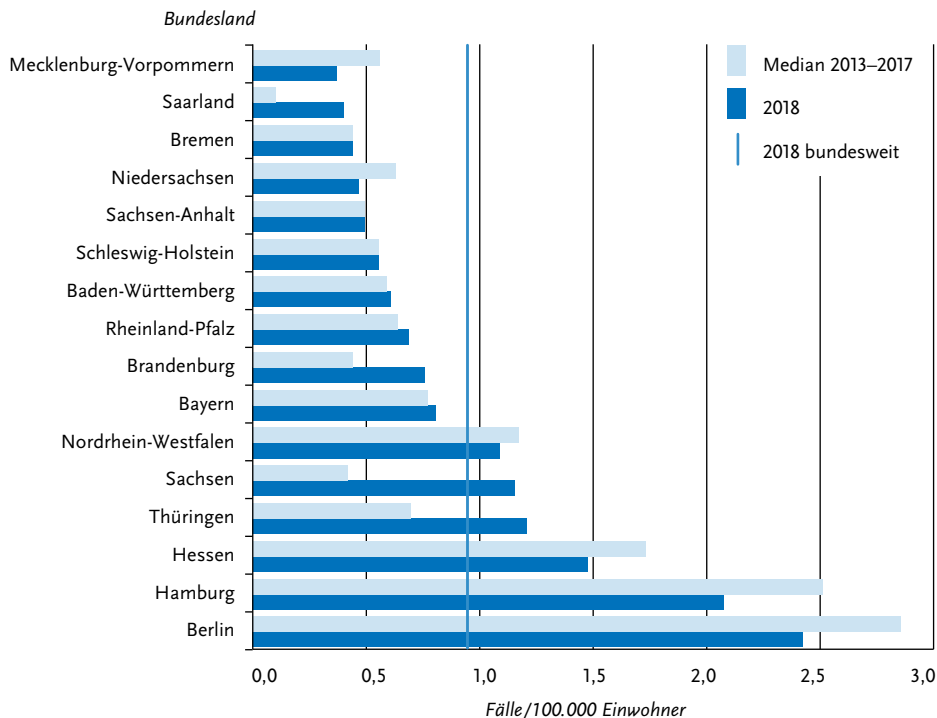
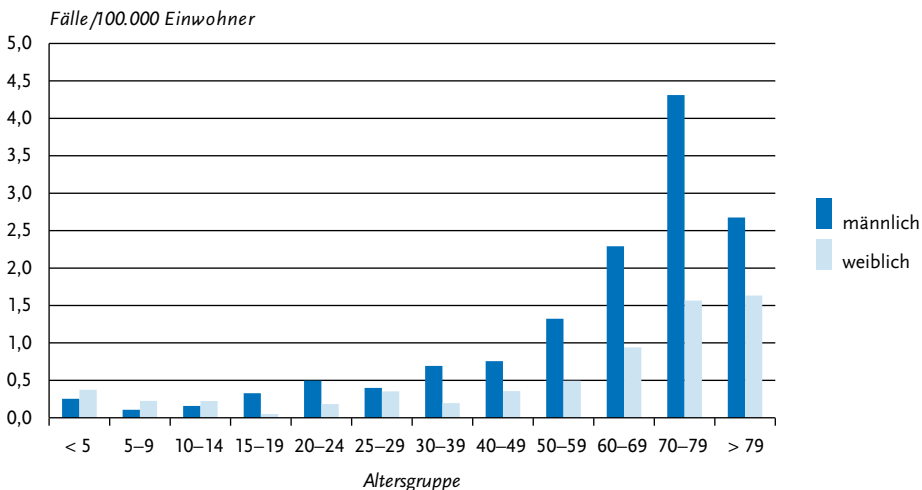


Abb. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=784)



Hessen (1,5), Thüringen (1,2), Sachsen (1,2) und Nordrhein-Westfalen (1,1) beobachtet. In diesen Bundesländern lag sie über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde in Mecklenburg-Vorpommern übermittelt (0,4 Fälle/100.000 Einw.).

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit stieg besonders ab der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen mit zunehmendem Alter an (s. Abb. 6.1.2). Die in absoluten Zahlen am stärksten betroffenen Altersgruppen waren Erwachsene ab 50 Jahre (78% aller Fälle). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (2,8 Fälle/100.000 Einw.) und der über 79-Jährigen (2,0) beobachtet. Männer sind in fast allen Altersgruppen häufiger betroffen.

Klinische Aspekte

Für 608 der übermittelten Fälle (78%) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 197 Fälle (32%) wurden als Infektion und 411 Fälle (68%) als Kolonisation übermittelt.

Für 783 Fälle (99,9%) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 876 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am

häufigsten wurden Carbapenem-nichtempfindliche *Acinetobacter* spp. in Screening-Abstrichen (330-mal, 38% der Nennungen) und in Wundabstrichen (210-mal, 24% der Nennungen) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 731 Fälle (93%) vorhanden. 646 Fälle (88%) waren hospitalisiert. Von 776 Fällen (99%) mit entsprechender Angabe wurden 46 Todesfälle registriert (5,9%). Von 42 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 10 Fälle (24%) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für 775 der übermittelten Fälle (99%) lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n=346; 45%) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter baumannii*-Komplex (n=273; 35%), *Acinetobacter pittii* (n=61; 7,9%) und *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=38; 4,9%).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 699 von 765 Fällen (91%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur Nichtempfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem

Tab. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von Acinetobacter-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Erreger Deutschland, 2018 (n=775)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	346	45 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	273	35 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	61	8 %
<i>Acinetobacter</i>	38	5 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	31	4 %
<i>Acinetobacter nosocomialis</i>	8	1 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	7	1 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	4	1 %
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	3	0 %
<i>Acinetobacter junii</i>	2	0 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	1	0 %
<i>Acinetobacter guillouiae</i>	1	0 %
Summe	775	100 %

(Imipenem oder Meropenem) vor. Von den 640 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 598 Fälle (93 %) gegen Imipenem und 629 Fälle (98 %) gegen Meropenem nichtempfindlich. 588 Fälle (92 %) waren gegen beide Carbapeneme nichtempfindlich. Für die 19 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 404 von 765 Fällen (53 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 343 Fällen (85 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 305 Fällen (89 %) nachgewiesen, Angaben zum Resistenzgen liegen für 287 Fälle (94 %) vor. Am häufigsten wurden die Resistenzgene für OXA-23 (178 Fälle, 62 %) und OXA-72 (34 Fälle, 12 %) nachgewiesen.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 10 Ausbrüche mit insgesamt 28 Fällen übermittelt. Davon hatte ein Ausbruch insgesamt 8 Fälle.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2018 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag bei 78 %. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 53 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

Im vorliegenden Kapitel wurden auch *Acinetobacter* spp. ausgewertet, die nicht dem *A.-baumannii*-Komplex angehören und damit über die Falldefinition von 2016 hinausgehen. Grund dafür ist einerseits eine schwierige technische Umsetzung der Meldepflicht und andererseits, dass eine Ausdehnung der Falldefinition auf alle *Acinetobacter* spp. geplant ist.

Insgesamt ist der Einsatz von aktualisierter Software, die die Eingabe von Carbapenem-nichtempfindlichen *Acinetobacter* spp. in der entsprechenden Übermittlungskategorie erlaubt, gestiegen. Dies wird begrüßt, da hier wichtige weiterführende Informationen, wie z. B. Angaben zur Resistenz, eingegeben werden können. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies auch von der Melde- und der Übermittlungspraxis der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Die Meldepflicht für Carbapenem-nichtempfindliche *Acinetobacter* spp. ist am 1. Mai 2016 in Kraft getreten. Im Jahr 2018 werden zum zweiten Mal Daten zu dieser Meldepflicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, es wurden Fälle aus allen Bundesländern übermittelt. Gründe für die regionalen Unterschiede könnten die noch relativ neue und komplexe Meldepflicht und bereits vorher vorhan-

dene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein.

Literaturhinweise

- Noll I, Eckmanns T: Antibiotikaresistenz: Gegenläufige Entwicklungen. Dtsch Ärztebl 2018; 115:A-2291/B-1877/C-1851.
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2016. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-surveillance-europe-2016>
- WHO (2017): Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities. www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en
- WHO (2017): Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics. www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen. Bundesgesundheitsbl 2012; 55:1311–1354.
- Pfennigwerth N: Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankhausserreger, Zeitraum 1. Januar 2017 bis 31. Dezember 2017. Epid Bull 2018; 29:263–267.
- RKI: Acinetobacter baumannii – ein Krankenhauskeim mit beunruhigendem Entwicklungspotenzial. Epid Bull 2013; 32:295–299.
- KRINKO: Ergänzung zur Empfehlung der KRINKO „Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen“ (2012) im Zusammenhang mit der von EUCAST neu definierten Kategorie „I“ bei der Antibiotika-Resistenzbestimmung: Konsequenzen für die Definition von MRGN. Epid Bull 2019; 9:82–83.
- RKI: EUCAST-Neudefinition der Kategorie „I“ – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht. Epid Bull 2019; 9:84.

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 676
- ▶ Anzahl der Erkrankungen deutlich niedriger als in den Jahren 2012 bis 2014
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei 25- bis 39-Jährigen
- ▶ Jungen und Männer etwas häufiger betroffen als Mädchen und Frauen

Kurzbeschreibung

Adenoviren verursachen beim Menschen eine Reihe von Krankheitsbildern und lassen sich aus verschiedenen Materialien nachweisen. Die Meldepflicht gemäß IfSG beschränkt sich auf den Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich des Auges. Damit wird die Anzahl der Erkrankungen einer epidemischen Keratokonjunktivitis, einer hoch ansteckenden Augenentzündung, erfasst. Sie wird durch direkten Kontakt und Tröpfcheninfektion von Mensch zu Mensch übertragen, kann aber auch durch indirekten Kontakt, z. B. über verunreinigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.2.1).

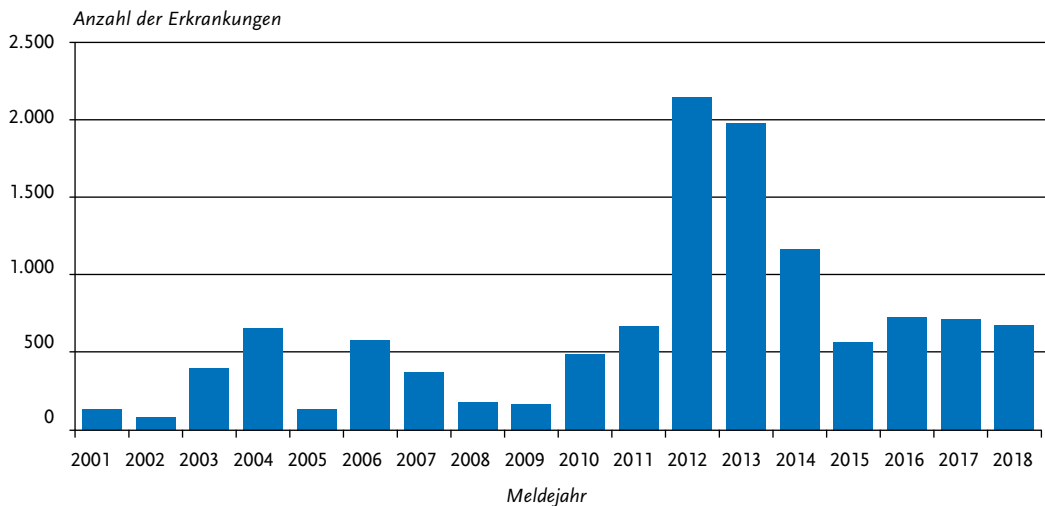
Zeitlicher Verlauf

Die Anzahl der Erkrankungen ist im Jahr 2018 mit 676 Adenovirus-Konjunktividen im Ver-

Tab. 6.2.1: Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	18	2 %	14	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	699	83 %	662	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	33	4 %	10	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	97	11 %	108	14 %
alle	847	100 %	794	100 %
Referenzdefinition (B+C)	717	85 %	676	85 %

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



gleich zum Jahr 2017 etwa auf dem gleichen Niveau geblieben und war damit deutlich niedriger als in den Jahren 2012 bis 2014 (s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz von Adenovirus-Konjunktividen lag bei 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen-Anhalt (2,7 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen (2,5), dem Saarland (2,0), Hamburg (1,9) und Sachsen (1,5) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2). Bei 355 der insgesamt 676 Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor, 344 der insge-

samt 356 (97 %) Nennungen entfielen hierbei auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (1,8 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei deutlich häufiger Jungen betroffen waren. Ein weiterer Altersgipfel trat mit einer Inzidenz von 1,3 auch in der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen auf (s. Abb. 6.2.3).

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 2 Ausbrüche mit 5 und mehr Erkrankungen erfasst (s. Tab. 6.2.2), darunter ein Ausbruch mit insgesamt 30 Erkrankungen und ein Ausbruch mit 15 Erkrankungen.

Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2017 und 2018

	2017		2018	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	18	42	9	21
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	2	37	2	45
Alle Ausbrüche	20	79	11	66

Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=676)
im Vergleich mit den Vorjahren

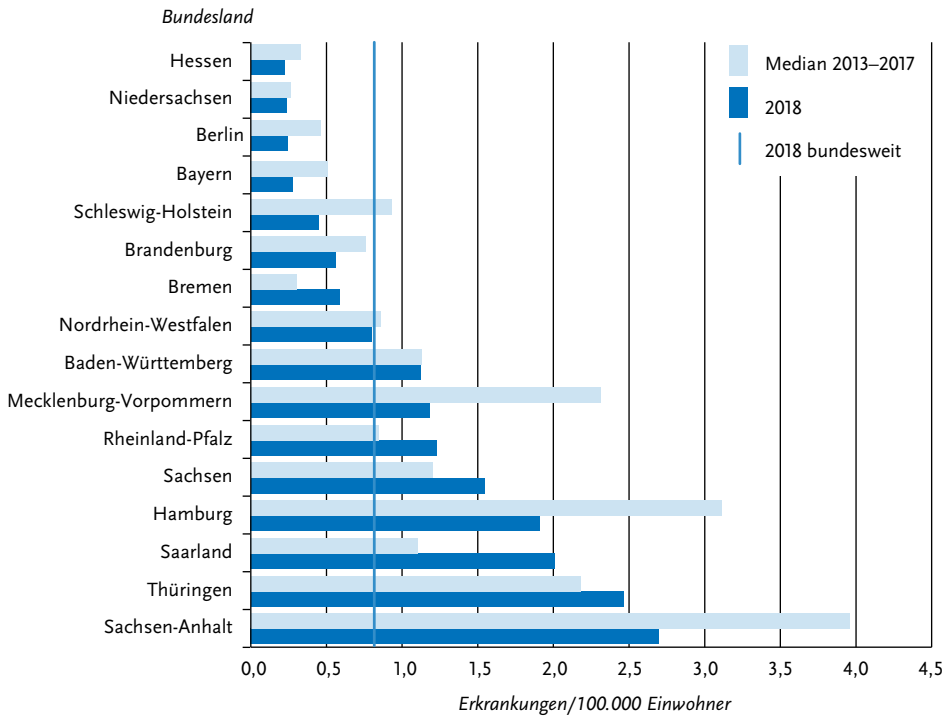
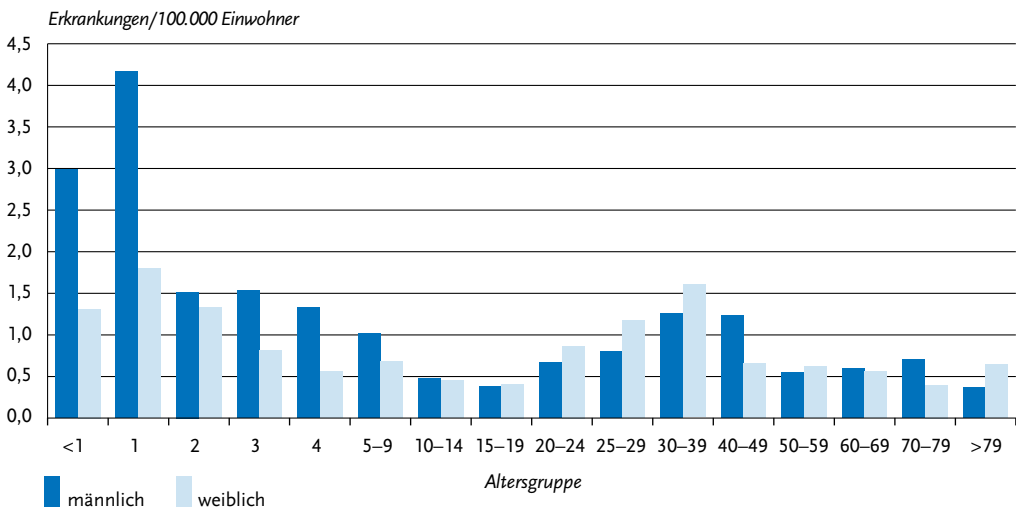


Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n= 676)



Datenqualität

Da die Diagnose von Augenärzten häufig nur klinisch gestellt wird und Erkrankungen ohne Labornachweis nur bei epidemiologischer Bestätigung übermittelt werden, ist von einer deutlichen Untererfassung der Adenovirus-Konjunktividen auszugehen. Ausbrüche, in denen kein Fall einen labordiagnostischen Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich hat, werden trotz typischen klinischen Bildes (Rötung der Bindehaut) und vermuteten epidemiologischen Zusammenhangs nicht im Jahrbuch und in den wöchentlichen Berichten im Epidemiologischen Bulletin aufgeführt. Bei Ausbrüchen sollte daher die Diagnose für mindestens einen Fall durch eine Laboruntersuchung abgesichert werden. Diese Untersuchungen können auch durch die zuständigen Gesundheitsämter veranlasst werden. Sofern die Zugehörigkeit von Fällen zu einem Ausbruch epidemiologisch nicht eindeutig geklärt ist, kann das Konsiliarlabor für Adenoviren diese Frage durch Typisierung und weitere Charakterisierung der Erreger im Labor prüfen. In begründeten Fällen ist diese Untersuchung für den Einsender kostenfrei.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen hat nach dem Höhepunkt mit über 2.000 Fällen im Jahr 2012 wieder deutlich abgenommen und liegt im Jahr 2018 mit 676 Erkrankungen etwa auf dem Niveau der beiden Vorjahre.

Literaturhinweise

- Hage E, Espelage W, Eckmanns T, et al.: *Molecular phylogeny of a novel human adenovirus type 8 strain causing a prolonged, multi-state keratoconjunctivitis epidemic in Germany*. Sci Rep 2017; 7:40680.
- Meyer-Rüsenberg B, Loderstädt U, Richard G, Kaulfers PM, Gesser C: *Keratokonjunktivitis epidemica: Infektionslage und aktuelle Hinweise zu Prophylaxe und Therapie*. Dtsch Arztebl Int 2011; 108:475–480.
- RKI-Ratgeber (2010). www.rki.de/ratgeber

6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige**Kurzbeschreibung**

Arboviren (Akronym des englischen „arthropod-borne viruses“) sind Viren, die durch Gliederfüßer wie z. B. Mücken oder Zecken übertragen werden. Seit Mai 2016 sind gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung alle Labornachweise von Arboviren meldepflichtig, wenn ihr Nachweis auf eine akute Infektion beim Menschen hindeutet. Es gibt sehr viele verschiedene Arboviren, darunter auch zahlreiche humanpathogene. Für die Arboviren Chikungunya-, Dengue-, FSME- und Zikavirus gibt es eigene Übermittlungskategorien, sie werden in jeweils eigenen Kapiteln beschrieben (s. Kap. 6.7, 6.11, 6.59, 6.62). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischen Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Riftal-Fieber) werden im Kapitel „Virale hämorrhagische Fieber“ beschrieben. In der Kategorie „Arbovirus-Erkrankung“ werden alle übrigen übermittelten Erkrankungen beschrieben.

West-Nil-Virus: Das West-Nil-Virus (WNV, Flavivirus) wird von *Culex*- und anderen Mückenspezies übertragen. Das Reservoir der Infektion sind Stechmücken, Hauptwirte sind Vögel, die durch Mückenstiche infiziert werden. Menschen und Pferde gelten als Fehlwirte, die zwar erkranken können, aber das Virus nicht wieder an Mücken weitergeben. WNV verursacht bei ca. 20% der infizierten Menschen Symptome, hauptsächlich Fieber. Unter 1% der Infizierten, vor allem ältere und/oder immunschwache Patienten, entwickeln ein neuroinvasives Krankheitsbild, welches mit einer hohen Letalität verbunden ist.

Ross-River-Virus: Das Ross-River-Virus wird von *Culex*- und verschiedenen *Aedes*-Mückenspezies vor allem in Australien und gelegentlich auf Papua Neuguinea und verschiedenen Pazifikinseln übertragen. Es verursacht Fieber, arthritische Beschwerden und Hautausschläge.

Sandfliegenfiebertivirus: In die „Sandfly Fever Naples Group“ der Phlebotomen fallen die Erreger verschiedener, auch in Südeuropa verbreiteter, Sandfliegenfieber, z. B. das Toskanavirus. Die Viren werden durch die Stiche von Sandmücken (Phlebotomen) übertragen und verursachen vor allem Fieber und gelegentlich auch Enzephalitis.

Japan-Enzephalitis-Virus: Das Japan-Enzephalitis-Virus (Flavivirus) wird vor allem von Culex-Stechmücken übertragen. Beim Menschen verlaufen Infektionen entweder asymptomatisch, grippeähnlich oder als Meningoenzephalitis. Verbreitungsgebiete der Japanischen Enzephalitis befinden sich in verschiedenen Ländern Asiens, sowie Teilen Australiens und einzelnen Pazifikinseln. Virusreservoir und Amplifikationswirte sind einige Vogelarten und Hausschweine. Die Infektion ist impfpräventabel.

Usutuvirus: Das Usutuvirus wird u. a. durch Culex-Stechmücken übertragen. Es sind nur einzelne menschliche Erkrankungen bekannt, die auf Usutuvirus zurückzuführen sein könnten. Das Virus ist sehr eng mit WNV verwandt, so dass es in Labortests zu Kreuzreaktionen kommen kann und daher bei Untersuchungen asymptomatischer Blutspender auf WNV auch Usutuvirus-Infektionen entdeckt werden können.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden in Deutschland 18 Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, von denen 14 die Referenzdefinition erfüllen. Unter diesen 14 Fällen, sind eine Erkrankung an Ross-River-Arthritis nach Australienaufenthalt (2017: 3 Fälle), ein Toskanavirus-Erkrankung nach Italienaufenthalt (2017: ein Fall), eine Erkrankung an Japanischer Enzephalitis nach Aufenthalt auf den Philippinen und 11 Erkrankungen an West-Nil-Fieber.

Unter den WNV-Erkrankungen wurden 10 im Rahmen der 2018 besonders starken Ausbrüche in Ländern Süd- und Südosteuropas erworben. Als Infektionsländer wurden je 2-mal Italien, Montenegro und Serbien sowie je einmal Griechenland, Rumänien, Ungarn und die Türkei genannt. Ein Fall betraf einen Tierarzt in Deutschland, der Kontakt mit den Körperflüssigkeiten eines an WNV verstorbenen Vogels hatte, und sich mutmaßlich auf diesem Wege infizierte. Obwohl es 2018 zum ersten Mal Nachweise von WNV-Infektionen bei Vögeln in verschiedenen Regionen Deutschlands gab und auch 2 Pferde erkrankten, wurden keine autochthonen durch Mücken übertragenen Infektionen beim Menschen bekannt. Die 4 nicht die Referenzdefinition erfüllenden Infektionen waren Nachweise von Usutuvirus-Infektionen bei (asymptomatischen) Blutspendern im Rahmen von Untersuchungen auf WNV.

Literaturhinweise

- Frank C, Stark K, Wilking H, Offergeld R, Schmidt-Chanasit J: *Risiko autochthoner Infektionen: West-Nil-Virus in einheimischen Vögeln nachgewiesen*. Dtsch Arztebl 2018; 115:A1808/B-1519/C1505.
- Haussig JM, Young JJ, Gossner CM, et al. *Early start of the West Nile fever transmission season 2018 in Europe*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.32.1800428
- Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018; 24:229–239.
- Tappe D, Pérez-Girón JV, Gómez-Medina S, Günther S, Muñoz-Fontela C, Schmidt-Chanasit J: *Increased pro-inflammatory cytokine levels in prolonged arthralgia in Ross River virus infection*. Emerg Infect Dis 2017. doi: 10.3201/eid2304.160466
- Stahn B, Sudeck H, Frickmann H, et al.: *Sandmückenfieber – eine „vernachlässigte“ Krankheit*. Hautarzt 2018; 69: 928–937.

6.4 Botulismus

Kurzbeschreibung

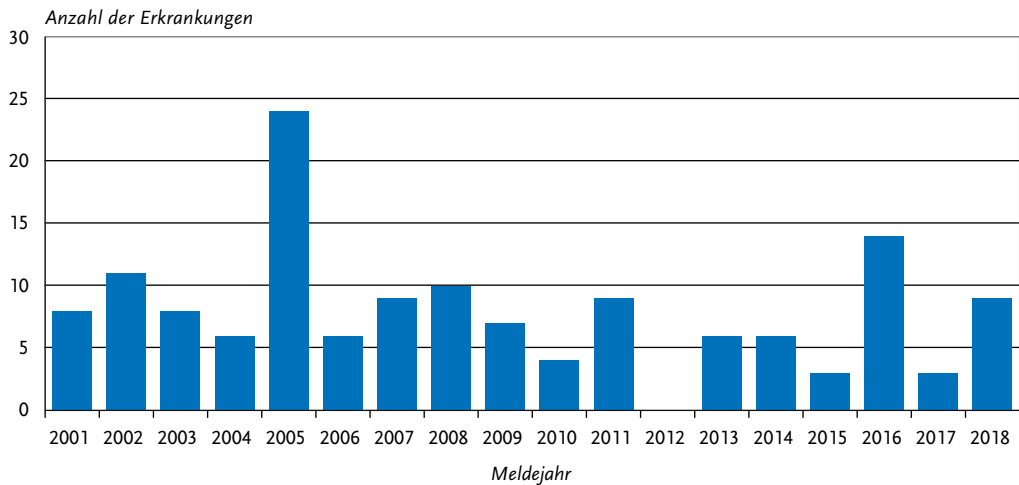
Das typische Krankheitsbild des Botulismus ist eine schwere Lebensmittelvergiftung mit Lähmungserscheinungen, die durch das Nervengift des Bakteriums *Clostridium botulinum* (sehr selten auch *C. butyricum* oder *C. baratii*) verursacht wird. Der Erreger kann aber auch das Krankheitsbild des Säuglingsbotulismus hervorrufen oder in Wunden vorkommen (Wundbotulismus).

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 9 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2017: 3 Erkrankungen). Alle Erkrankungen waren lebensmittelbedingt und wurden in Deutschland erworben (s. Abb. 6.4.1). Die Erkrankungen traten bei 3 Frauen zwischen 23 und 74 Jahren, 5 Männern zwischen 32 und 79 Jahren und einem 8-jährigen Mädchen auf.

Ein Ehepaar erkrankte nach dem Verzehr von selbst eingekochten gelben Bohnen. Es konnten sowohl in den Bohnen als auch bei dem Ehepaar Botulinum-Neurotoxin Serotyp A nachgewiesen werden. Ein weiteres Ehepaar erkrankte nach Verzehr von selbst hergestelltem geräucherten Schinken aus Hausschlachtung eines Schweines. Im Schinken konnte Botulinum-Neurotoxin Serotyp B festgestellt werden.

Abb. 6.4.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Bei einer 23-jährigen Frau konnte Botulinum-Neurotoxin Serotyp A nachgewiesen werden. Sie hatte selbst eingekochte Bohnen verzehrt. Eine Lebensmittelprobe war nicht mehr vorhanden. Bei dem Mädchen wurde labor diagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen, es konnte kein Lebensmittel ermittelt werden. Bei einem 32-jährigen Mann wurde Botulinum-Neurotoxin Serotyp B gefunden, ein Ergebnis zu den selbst eingekochten Gurken liegt noch nicht vor. Bei einem 50-jährigen Mann wurden Botulinum-Neurotoxin Serotyp A und B nachgewiesen, Lebensmittelproben waren nicht mehr vorhanden. Die Erkrankung eines 34-jährigen Mannes wurde auf den Verzehr von selbst-gefangenem Fisch (Plötze) zurückgeführt. Bei diesem Patienten wurde labor diagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Botulinum-Neurotoxin Serotyp E nachgewiesen. Ein Nachweis im Fisch gelang nicht.

Kein Fall, der die Referenzdefinition erfüllte, wurde als verstorben übermittelt. Jedoch wurde nach Datenschluss bekannt, dass der nach Bohnenverzehr erkrankte 79-jährige männliche Ehepartner krankheitsbedingt verstorben ist.

Literaturhinweise

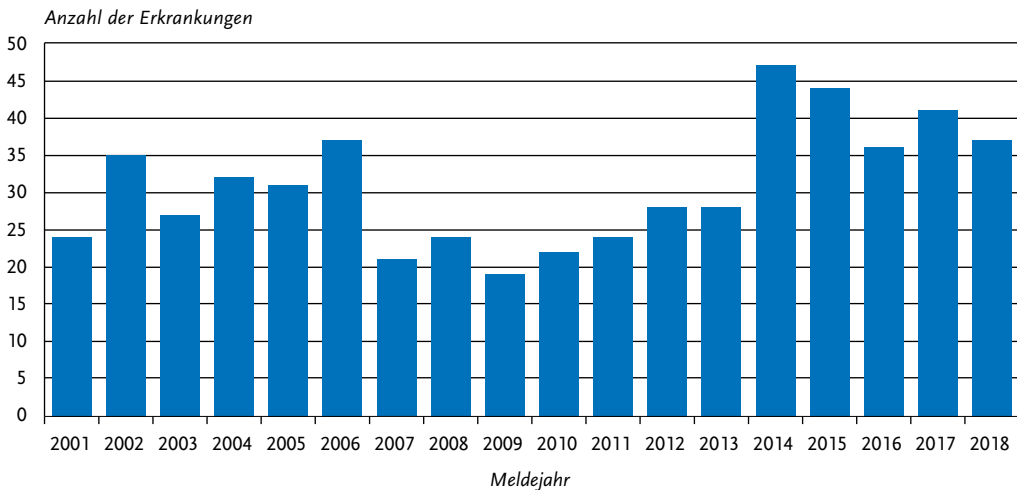
- Campbell A J, Knight G, Walsh P, et al.: *Effective treatment of infant botulism on day 13 after symptom onset with human botulinum antitoxin*. J Paediatr Child Health 2017; 53:416.
- ECDC/EFSA: *Type E botulism associated with fish product consumption – Germany and Spain, 21 December 2016; 2016*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.5 Brucellose

Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die ihren Namen von der Bakteriengattung *Brucella* hat. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutzvieh (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Infektion in der Regel als akute, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch chronische Formen mit Befall von Leber, Lunge, Herz und weiteren inneren Organen auf. Chronische Verläufe werden vom Meldesystem nicht erfasst, da eine Meldepflicht nur für akute

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Infektionen besteht. Die Falldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 37 Brucellose-Erkrankungen übermittelt. Damit nahm die Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr etwas ab (s. Abb. 6.5.1). Für 36 Erkrankungen wurden Angaben zum Geschlecht übermittelt. Es erkrankten 18 Männer und 18 Frauen. Bis auf eine betrafen alle übermittelten Erkrankungen Erwachsene. Bei Männern traten die höchsten Inzidenzen in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen (0,11 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) und bei Frauen in der Altersgruppe der 60- bis 69-Jährigen auf (0,10 Erkr./100.000 Einw.) auf. Aus 10 Bundesländern wurden zwischen ein und 9 Erkrankungen übermittelt.

Für 31 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (36 Nennungen); für 27 Erkrankungen (87%) lag dieses im Ausland (30 Nennungen). Am häufigsten wurden hier die Türkei (10 Nennungen), Iran (2), Italien (2), Rumänien (2) Saudi-Arabien (2) und Spanien (2) genannt. Bei 23 von 24 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde *B. melitensis* und bei einer Erkrankung *B. abortus* als Erreger angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

Literaturhinweise

- Vollmar P, Zange S, Zöller L, et al.: *Brucellose. Überblick und aktuelle Bedeutung*. Dtsch Med Wochenschr 2016; 141: 1014–1018.
- Grunow R, Jacob D, Klee S, et al.: *Brucellosis in a refugee who migrated from Syria to Germany and lessons learnt*, 2016. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.31.30311
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475. RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.6 Campylobacter-Enteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **67.872**
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- ▶ Fallzahl etwa auf dem Niveau der 5 Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- ▶ Meist sporadische Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit

Tab. 6.6.1:
Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	232	0%	287	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	69.251	89%	67.585	88%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	775	1%	689	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7.304	9%	7.889	10%
alle	77.562	100%	76.450	100%
Referenzdefinition (B+C)	69.483	90%	67.872	89%

Bauchschmerzen und wässrigem, gelegentlich blutigem Durchfall einhergeht. Die wichtigsten humanpathogenen Spezies sind *C. jejuni* und *C. coli*. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt vor allem über Lebensmittel tierischen Ursprungs (Geflügel, Rohmilch). Als seltene Komplikationen können Gelenkentzündungen sowie das Guillain-Barré-Syndrom (eine mit Lähmungerscheinungen einhergehende Nervenerkrankung) auftreten.

Falldefinition

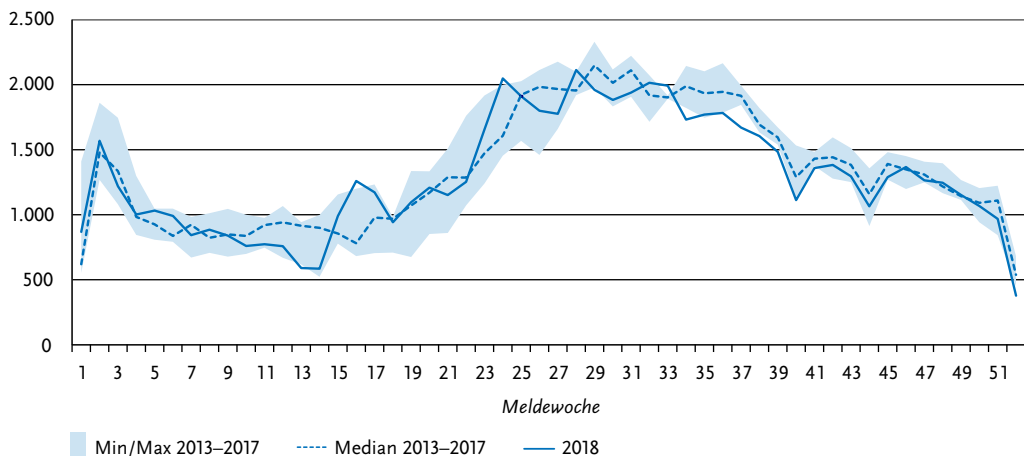
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.6.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 67.872 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 82 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2018 um 2% niedriger als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis die zweithäufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2018.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresan-

Abb. 6.6.1:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2018 (n=67.872) im Vergleich mit den Vorjahren



fang (2. und 3. Meldewoche), der anscheinend nicht auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januar Tagen (s. Abb. 6.6.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (131 Erkr./100.000 Einw.), im Saarland (128) und in Mecklenburg-Vorpommern (119) registriert. In Thüringen, Rheinland-Pfalz, Bremen, Hessen und Niedersachsen lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der Jahre 2013 bis 2017, in den übrigen Bundesländern blieb sie darunter oder etwa gleich (s. Abb. 6.6.2). Die Zunahme der Inzidenz gegenüber dem Median der Vorjahre war in Rheinland-Pfalz (7%), Thüringen (6%) und Bremen (6%) am stärksten. Der stärkste Rückgang

war in Nordrhein-Westfalen (13%) und Berlin (10%) zu verzeichnen.

Für 40.816 (60%) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (41.250 Nennungen). Dabei entfielen 84% der Nennungen (34.659) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren in Europa Spanien (722 Nennungen), Italien (307) und Frankreich (295) sowie außerhalb von Europa Marokko (458), Indonesien (429) und Thailand (395).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war 2-gipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den einjährigen Kindern lag die Inzidenz bei 126 Erkr./100.000 Einw. Bei den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (126) und den 25- bis 29-Jährigen (114) am höchsten. Jungen und Männer

Abb. 6.6.2:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=67.865) im Vergleich mit den Vorjahren

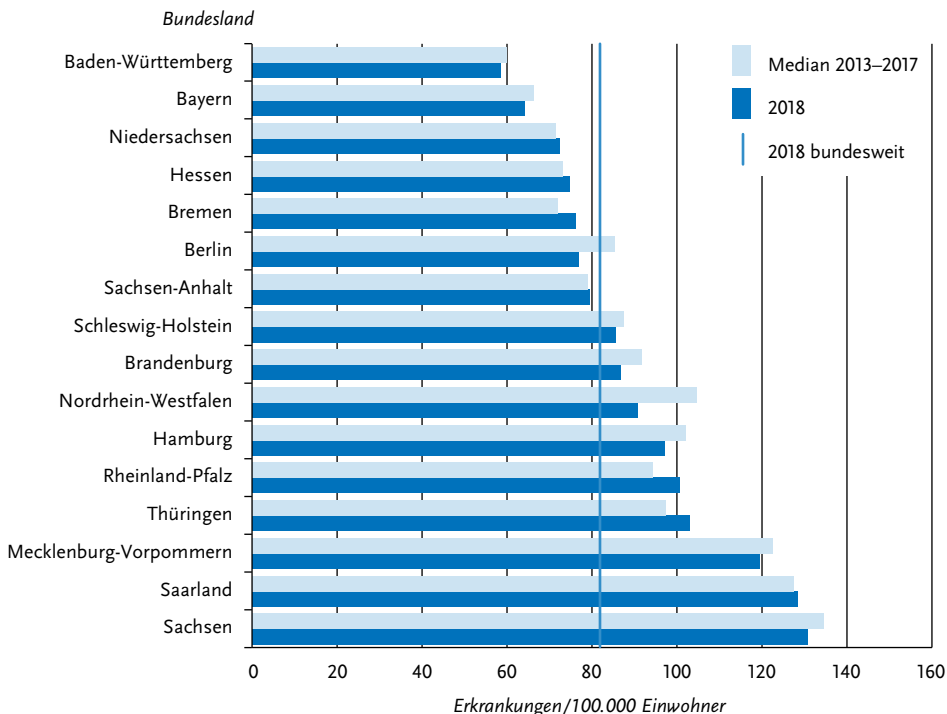
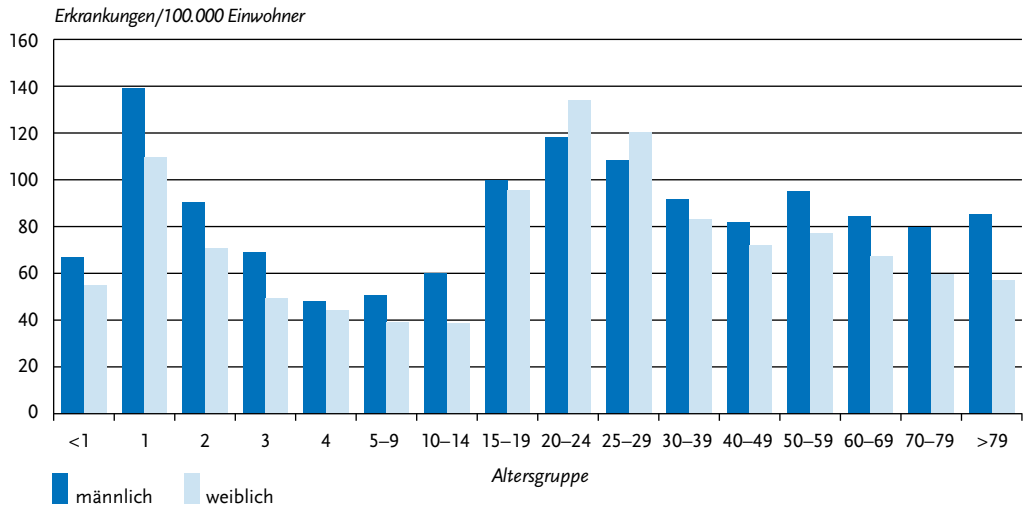


Abb. 6.6.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=67.676)



(88 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (75), lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher (s. Abb. 6.6.3).

Nachgewiesene Erreger

Zu 45.033 (66%) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 75% auf *C. jejuni*, 10% auf *C. coli* und 14% auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. lari*, *C. upsaliensis* und *C. fetus*, entfielen jeweils weniger als 1% der Angaben.

Klinische Aspekte

Für 67.717 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (145.599 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (99% der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (71%), Fieber (31%) und Erbrechen (14%). Im Jahr 2018 wurden 9 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um Personen im Alter zwischen 73 und 85 Jahren. Die Mehrzahl der verstorbenen Personen war männlich.

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 377 Ausbrüche mit 914 Erkrankungen übermittelt; das waren genauso viele Ausbrüche wie im Vorjahr. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 1,3%. Es wurden 364 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 791 Erkrankungen) und 13 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 123 Erkrankungen) übermittelt. Die beiden größten Ausbrüche wurden aus Thüringen (21 Erkrankungen) und Bayern (18 Erkrankungen) übermittelt. Bei dem Ausbruch in Thüringen war eine Kindergartengruppe betroffen; der Ausbruch in Bayern betraf eine Schulklasse, die einen Bauernhof besucht hatte. Als Infektionsvehikel wurde jeweils unzureichend bzw. nicht erhitzte Rohmilch angegeben.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2018 mit knapp 70.000 etwa auf dem Niveau der 5 Vorjahre (2013 bis 2017: 63.642 bis 74.070).

Literaturhinweise

- Mertens E, Hüppe K, Hölscher J, et al.: *Regionaler Gastroenteritis-Ausbruch nach schweren Regenfällen im Landkreis Hildesheim 2017 – Zwei Erreger und zwei Quellen?* Gesundheitswesen 2018; 80:382–383.
- Rosner BM, Schielke A, Didelot X, et al.: *A combined case-control and molecular source attribution study of human Campylobacter infections in Germany, 2011–2014.* Sci Rep 2017; 7:5139. doi: 10.1038/s41598-017-05227-x
- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: *Relevance of Campylobacter to public health – the need for a One Health approach.* Int J Med Microbiol 2014; 304:817–823.
- Schielke A, Rosner B, Stark K: *Epidemiology of campylobacteriosis in Germany – insights from 10 years of surveillance.* BMC Infect Dis 2014; 14:1–8.
- Rosner B: *Campylobacter-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland.* Epid Bull 2017; 44:501–507. RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Das Chikungunyavirus gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern (z. B. dem Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. den Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch in Mittel- und Südamerika vor. Auch in Südeuropa wurden schon lokal erworbene Infektionen und Ausbrüche beschrieben. Das Chikungunyavirus kann große, z. T. über Jahre anhaltende Epidemien verursachen. Primaten und andere Affen sowie vermutlich Nagetiere bilden das Reservoir. Die Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt über Stechmücken der Gattung *Aedes*. Nach einer Inkubationszeit von ca. 3 bis 12 Tagen kommt es zu einem plötzlichen, schnellen Fieberanstieg sowie Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen. Die häufig beidseitig auftretenden Gelenksbeschwerden können nach Entfieberung noch Wochen oder Monate lang anhalten. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar. Nach neueren Erkenntnissen treten keine Verläufe auf, die der WHO-Definition für einen hämorrhagischen Verlauf entsprechen würden. Die Erkrankung verläuft in der Regel selbstlimitierend und selten tödlich.

Seit Ende 2018 kommt es in Südthailand zu einem größeren Ausbruch von Chikungunyavirus-Erkrankungen. Im Jahr 2018 wurden keine

autochthonen Chikungunyavirus-Erkrankungen in Kontinentaleuropa bekannt.

Situation in Deutschland

In Deutschland wurden 2018 26 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Durch die Neueinführung von Chikungunyavirus auf dem amerikanischen Kontinent Ende 2013 waren die Fallzahlen in Deutschland im Jahr 2014 bis auf 162 Fälle angestiegen. Seitdem haben die Fallzahlen jedes Jahr abgenommen (s. Abb. 6.7.1).

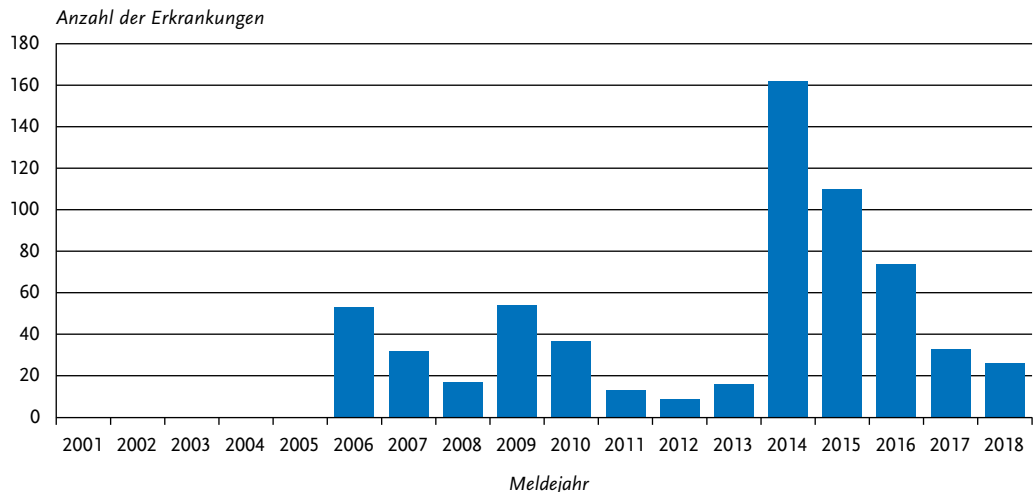
Im Jahr 2018 erkrankten 21 Frauen und 5 Männer. Alle Erkrankungen traten in den Altersgruppen der 20- bis 69-Jährigen auf. Pro Quartal wurden 3 bis 9 Fälle beobachtet.

Todesfälle traten nicht auf. Für 26 Erkrankungen lagen 30 Nennungen zu wahrscheinlichen Infektionsländern vor (Mehrfachnennungen möglich, s. Tab. 6.7.1). Alle Infektionsländer lagen außerhalb Europas. Die meisten Chikungunyavirus-Erkrankungen wurden in Kenia (9) und Thailand (4) erworben. Der Anteil der Erkrankungen mit wahrscheinlichem Infektionsland in Mit-

Tab. 6.7.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2018

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kenia	9	30 %
Thailand	4	13 %
Ausland (Land unbekannt)	3	10 %
Brasilien	2	7 %
Indien	2	7 %
Indonesien	1	3 %
Ägypten	1	3 %
Dominikanische Republik	1	3 %
Eritrea	1	3 %
Malaysia	1	3 %
Myanmar	1	3 %
Neuseeland	1	3 %
Philippinen	1	3 %
Singapur	1	3 %
Tansania	1	3 %
Summe	30	100 %

Abb. 6.7.1:
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



tel- und Südamerika ist im Vergleich zu 2017 von 25 % (8/32 Nennungen) auf 10 % (3/30 Nennungen) der Erkrankungen gesunken. Wie bereits 2017 vermutet spiegelt dies wahrscheinlich ein weiteres Abflauen der Epidemie in Mittel- und Südamerika wider.

Fazit

Die Anzahl der Chikungunyavirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern, die starken Schwankungen unterliegt, sowie von Veränderungen in den Reiseströmen abhängig. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor.

Literaturhinweise

- Thomas SM, Tjaden NB, Frank C, et al.: *Areas with High Hazard Potential for Autochthonous Transmission of Aedes albopictus-Associated Arboviruses in Germany*. Int J Environ Res Public Health 2018. doi: 10.3390/ijerph15061270
- Heitmann A, Jansen S, Lühlen R, et al.: *Experimental risk assessment for chikungunya virus transmission based on vector competence, distribution and temperature suitability in Europe*, 2018. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.29.1800033

- Walther D, Scheuch DE, Kampen H: *The invasive Asian tiger mosquito Aedes albopictus (Diptera: Culicidae) in Germany: Local reproduction and overwintering*. Acta Trop 2017; 166:186–192.
- Manica M, Guzzetta G, Poletti P, et al.: *Transmission dynamics of the ongoing chikungunya outbreak in Central Italy: from coastal areas to the metropolitan city of Rome, summer 2017*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.44.17-00685

6.8 Cholera

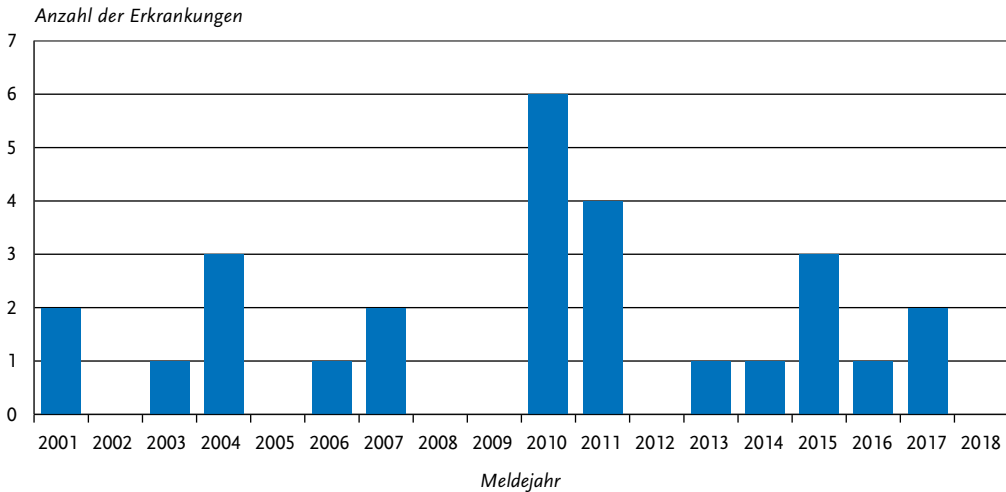
Kurzbeschreibung

Cholera wird durch das Bakterium *Vibrio cholerae* (typischerweise der Serogruppen O1 und O139) verursacht, das hauptsächlich über verunreinigte Nahrung oder verunreinigtes Wasser übertragen wird. Die schwere Durchfallerkrankung kann unbehandelt wegen des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts schnell lebensbedrohlich werden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden keine Cholera-Erkrankungen übermittelt. Die seit 2001 übermittelten Cholera-Erkrankungen sind in Abb. 6.8.1 dargestellt. Ausgehend von reiseassoziierten Erkrankungen sind dem RKI seit 2001 keine Übertragungen innerhalb Deutschlands bekannt.

Abb. 6.8.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Literaturhinweise

- Slesak G, Fleck R, Jacob D, Grunow R, Schäfer J: *Imported cholera with acute renal failure after a short business-trip to the Philippines, Germany, October 2015*. Euro Surveill 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.1.30099
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.

denen es zu schwammartigen Gehirnveränderungen mit rascher, erheblicher Beeinträchtigung kognitiver und motoneurologischer Funktionen kommt. Als Ursache werden falsch gefaltete infektiöse Proteine, sogenannte Prionen, angesehen.

Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten. Ursache und Risikofaktoren der Erkrankung sind unbekannt. Es gibt jedoch auch Formen, die vererbt oder übertragen werden können (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru). Die familiär-hereditären Formen der humanen spongiformen Enzephalopathien sind in Deutschland nicht meldepflichtig.

Die sporadische Form der CJK des Menschen tritt vor allem im höheren Lebensalter (> 59 Jahre) auf und ist weltweit mit etwa 85 bis 90 % aller Fälle die häufigste Form. Wesentlich seltener sind durch medizinische Behandlungen bedingte Übertragungen auf den Menschen. Mögliche Übertragungswege sind dabei Injektionen von menschlichem Wachstumshormon oder die Transplantation von menschlicher Hirnhaut oder Augenhornhaut, die von Verstorbenen mit einer unerkannten CJK gewonnen wurden.

Im Vergleich zur sporadischen CJK betrifft die variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) deutlich jüngere Menschen und verläuft insgesamt langsamer. vCJK ist vermutlich auf die über die Nahrungskette auf den Menschen stattfindenden

6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 78
- ▶ Fallzahl im Jahr 2018 etwa auf Vorjahresniveau
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 59-Jährigen
- ▶ Ausschließlich sporadische CJK-Fälle übermittelt

Kurzbeschreibung

Die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) gehört zur Gruppe der spongiformen Enzephalopathien, bei

Tab. 6.9.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	30	39 %	47	60 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	39	51 %	25	32 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	10 %	6	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	77	100 %	78	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	77	100 %	78	100 %

de Übertragung des Erregers, der bei Rindern beobachteten Hirnerkrankung »Bovine Spongiforme Enzephalopathie« (BSE), zurückzuführen. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass vCJK auch durch Bluttransfusionen übertragen werden kann.

Alle spongiformen Enzephalopathien verlaufen tödlich. Es stehen derzeit weder eine spezifische Behandlung mit Aussicht auf Heilung noch eine Impfung zur Verfügung.

Faldefinition

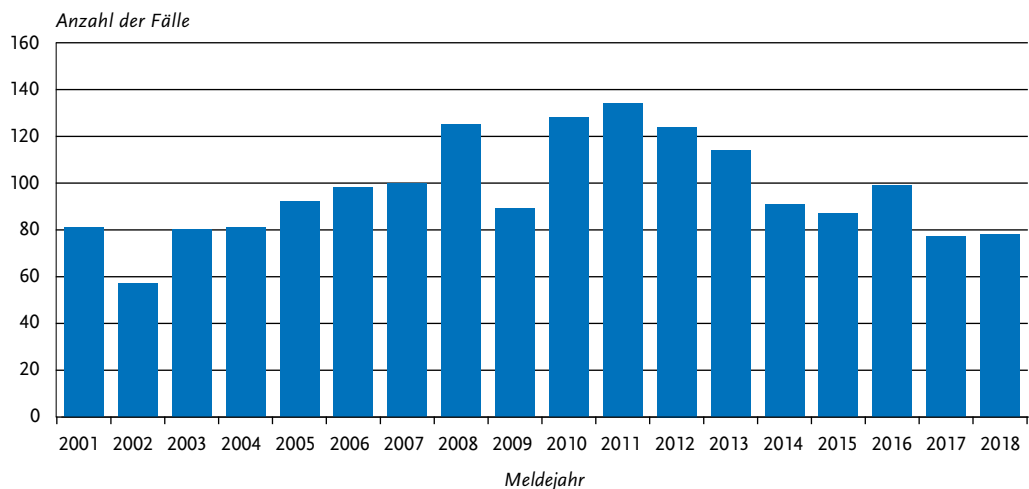
Seit der Version 2015 der Faldefinitionen werden keine Einzelkriterien für das klinische Bild und

den neuropathologischen Nachweis genannt, sondern die Bestätigung beruht auf der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden dem RKI 78 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.9.1). Damit liegt die Anzahl der übermittelten Fälle etwa auf Vorjahresniveau (s. Abb. 6.9.1). Insgesamt ist seit 2012 ein sinkender Trend der Fallzahlen zu beobachten.

Abb. 6.9.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Die meisten Fälle wurden aus Bayern und Sachsen übermittelt (jeweils 11 Fälle). Aus Bremen und dem Saarland wurde kein Fall einer CJK übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

Zwei der CJK-Fälle traten in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen auf, der Rest der übermittelten Fälle trat bei Personen 50 Jahre und älter auf. Die höchste Inzidenz lag in der Altersgruppe der über 59-Jährigen vor.

Frauen waren mit 41 Fällen häufiger betroffen als Männer mit 37 Fällen.

Klinische Aspekte

Bei 48 der 78 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 43 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Alle Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Datenqualität

Im Jahr 2018 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle (47; 60%) als nur klinisch bestätigt übermittelt. Dies erfolgte entsprechend der klinischen Beurteilung des Nationalen Referenzzentrums für TSE (transmissible spongiforme Enzephalopathien) in Göttingen. Der Anteil der klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Fälle ist im Jahr 2018 auf 32% zurückgegangen. Im Jahr 2017 war dieser Anteil höher und lag bei 51%. Die Identifikation und Validierung neuer diagnostischer Biomarker der sporadischen CJK nimmt kontinuierlich zu. Die hohe Spezifität der RT-QuIC Methode (Real time quaking-induced conversion; PrPsc-Aggregationsassay) erlaubt den direkten Nachweis von PrPsc im Liquor und ermöglicht als zusätzlicher Bestandteil diagnostischer Kriterien die Vereinfachung der CJK-Diagnostik.

Fazit

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ihr bisheriges Maximum; in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Im

Jahr 2018 lag die CJK-Fallzahl etwa auf Vorjahresniveau. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch im Jahr 2018 mit 0,1 Fällen/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- Hermann P, Laux M, Glatzel M, et al.: *Validation and utilization of amended diagnostic criteria in Creutzfeldt-Jakob disease surveillance*. Neurology 2018; 10.1212/WNL.0000000000005860
- Zerr I, Parchi P: *Sporadic Creutzfeldt-Jakob disease*. Handb Clin Neurol 2018; 153:155-174.
- Schmitz M, Candelise N, Llorens F, Zerr I: *Amplification and Detection of Minuscule Amounts of Misfolded Prion Protein by Using the Real-Time Quaking-Induced Conversion Methods*. Mol Biol 2018; 1779:257-263.

6.10 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **2.824**
- ▶ Inzidenz von 3,4 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2017 unverändert
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-Jährigen

Kurzbeschreibung

Clostridioides difficile (früher *Clostridium difficile*) ist ein anaerobes sporenbildendes grampositives Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommen kann. *C. difficile*-Bakterien besitzen teilweise die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B und binäres Toxin) zu produzieren, die wiederum zu einer Darmentzündung führen können. Die von *C. difficile* verursachten Krankheitsbilder reichen von asymptomatischer Besiedlung oder einer milden Durchfallerkrankung bis hin zu schweren lebensbedrohlichen Verläufen (z. B. pseudomembranöse Kolitis, toxisches Megakolon). Typische Risikofaktoren für die Erkrankung sind fortgeschrittenes Alter, eingeschränkte Immunkompetenz, Komorbiditäten,

Krankenhausaufenthalte sowie Faktoren, die das Gleichgewicht der mikrobiellen Darmflora stören, insbesondere eine Antibiotikatherapie. Eine Übertragung von *C. difficile* ist vor allem durch direkten Patientenkontakt, über die kontaminierten Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt möglich.

Falldefinition

Im Jahr 2016 wurden mit dem Inkrafttreten der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung (IfSG-MeldAnpV) am 01.05.2016 die Meldekriterien und in der Folge die Falldefinition für *C. difficile*-Erkrankungen geändert. Das Kriterium (1.alt) »Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten *C. difficile*-Infektion« wurde durch (1.neu) »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« ersetzt.

Im Jahr 2018 wurden 2.824 *C. difficile*-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten, darunter nur noch 15 Fälle (< 1%) gemäß veralteter Falldefinition.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 2.824 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C. difficile*-Erkrankung

erfüllten. Darunter waren 1.560 Erkrankungen, welche allein aufgrund des neu formulierten Kriteriums (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« übermittelt wurden, während 1.251 Erkrankungen Kriterien erfüllten, die auch in den Vorjahren gültig waren. Vergleicht man die Kriterien 2 bis 4, die sich durch die Falldefinitionsänderung nicht verändert haben, so zeigt sich nach einem Anstieg von 2014 auf 2015 eine sehr ähnliche Anzahl in den Jahren 2015, 2016 und 2017 (Abb. 6.10.1), im Jahr 2018 ist eine Abnahme zu verzeichnen. Wie 2017 betrug die bundesweite Inzidenz 3,4 Erkr./100.000 Einw..

Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C. difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Saarland und 8,5 in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 3,4 (2017: 3,4) Erkr./100.000 Einw. (Abb. 6.10.2).

Demografische Verteilung

C. difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 2.070 Erkrankte (73%) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,7

Abb. 6.10.1: Übermittelte Clostridioides-difficile-Erkrankung mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2018

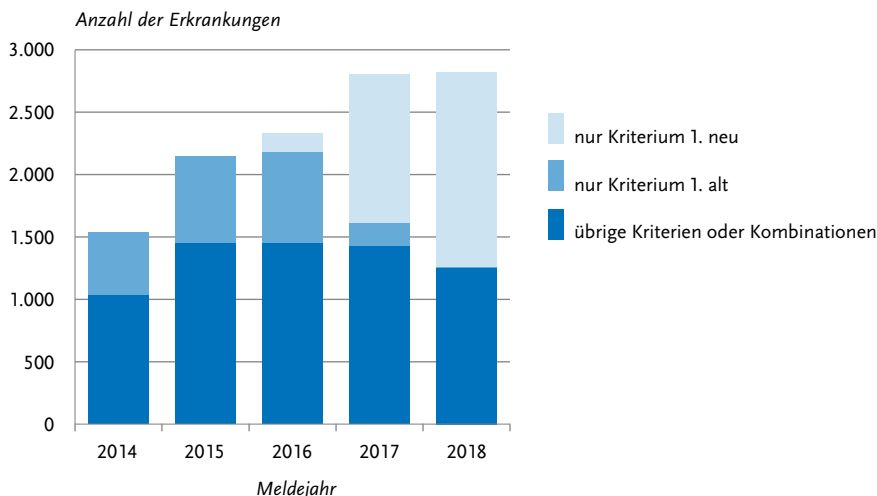
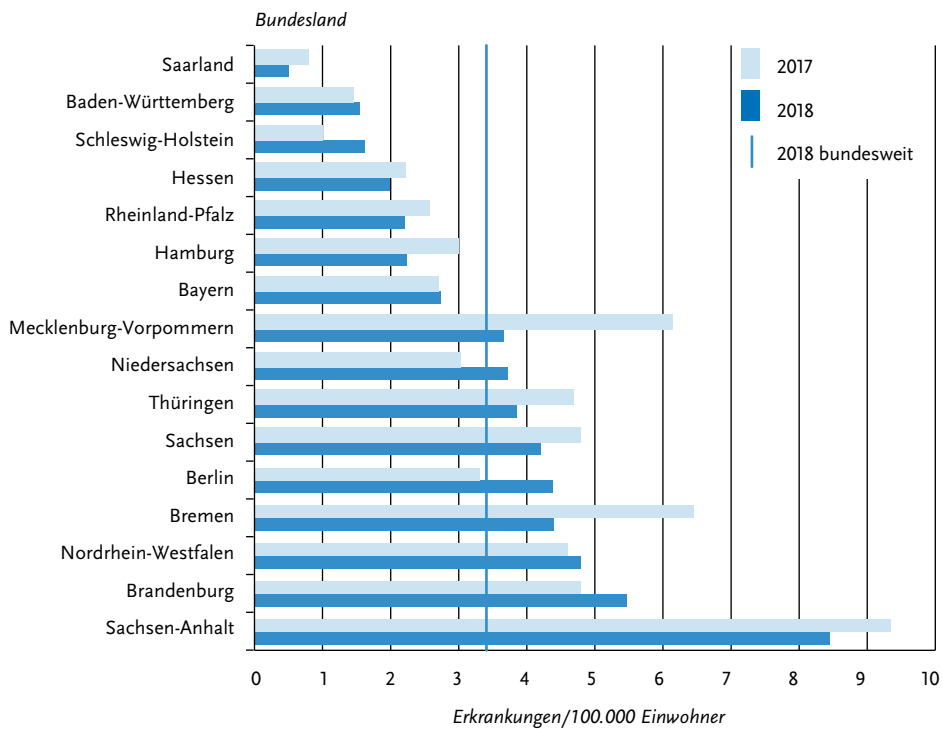


Abb. 6.10.2:
Übermittelte *Clostridioide-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=2.823)



Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 1,6, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 3,2 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 8,5. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 27 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.10.3) beobachtet. In den Altersgruppen bis 59 Jahre lag die Inzidenz bei Frauen etwas höher als bei Männern. In den Altersgruppen darüber war die Inzidenz bei Männern höher.

Klinische Aspekte

Das Kriterium (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« war 1.867-mal (66%) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium (1.alt) »Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten Infektion« wurde 15-mal (< 1%) angegeben. Das Kriterium »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« wurde bei 531 (19%)

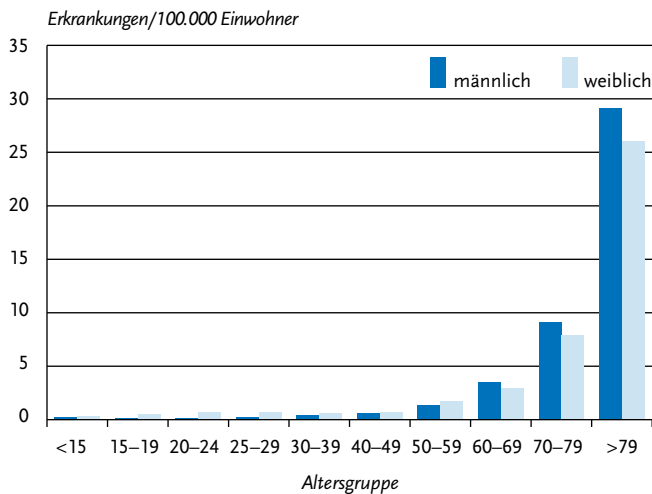
Erkrankungen angegeben. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde bei 89 (3%) der Erkrankungen genannt.

Bei 887 (31%) Erkrankungen wurde »Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *C.-difficile*-Erkrankung und Wertung der *C.-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung« angegeben.

Datenqualität

Mit der IfSG-MeldAnpV vom 01.05.2016 wurde ein Kriterium der Falldefinition, die »Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten *C.-difficile*-Erkrankung« durch »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« ersetzt. Der Anteil des

Abb. 6.10.3:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2018 (n=2.819)



Kriteriums 1.neu an der Gesamtzahl der Nennungen ist erneut angestiegen und der Anteil des Kriteriums 1.alt gesunken.

Fazit

Im Jahr 2018 ist die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C.-difficile*-Erkrankungen mit 3,4 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2017 gleich geblieben. Es ist erneut ein Anstieg der Nennung des Kriterium 1.neu »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« zu verzeichnen. In den Kategorien 2 bis 4 waren hingegen weniger Nennungen als in den Vorjahren zu beobachten.

Literaturhinweise

McDonald LC, Gerding DN, Johnson S, et al.: *Clinical practice guidelines for Clostridium difficile infection in adults and children: 2017 Update by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and Society for Healthcare Epidemiology of America (SHEA)*. Clin Infect Dis 2018. doi: 10.1093/cid/cix1085

Tschudin-Sutter S, Kuijper EJ, Durovic A, et al.: *Guidance document for prevention of Clostridium difficile infection in acute healthcare settings*. Clin Microbiol Infect 2018; 24:1051–1054.

Gleich S, Schaffer A, Mai CH, Schick S, Hirl B: *Clostridium-difficile-assoziierte Todesfälle 2013–2016 in München und Nürnberg*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:1067–1074.

Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: *CDAD-KISS Referenzdaten 2017*. www.nrz-hygiene.de/surveillance/kiss/cdad-kiss

Cassini A, Plachouras D, Eckmanns T, et al.: *Burden of Six Healthcare-Associated Infections on European Population Health: Estimating Incidence-Based Disability-Adjusted Life Years through a Population Prevalence-Based Modelling Study*. PLoS Med. 2016. doi: 10.1371/journal.pmed.1002150

van Dorp S-M, Kinross P, Gastmeier P, et al.: *Standardised surveillance of Clostridium difficile infection in European acute care hospitals: a pilot study, 2013*. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.29.30293

Berger F, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: *Ausbruchsuntersuchungen bei Clostridium (Clostridioides) difficile*. Epid Bull 2018; 14:137–139.

RKI: *Schwer verlaufende Clostridium-difficile-Infektionen: IfSG-Surveillance-daten von 2013*. Epid Bull 2014; 27:233-237.

RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.11 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **613**
- ▶ Leichter Rückgang gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Alle Infektionen wurden im Ausland erworben, mehr als ein Drittel allein in Thailand
- ▶ Reisende auf La Réunion und den Malediven von Ausbrüchen dort betroffen
- ▶ Seit 01.05.2016 Nachweise von Denguevirus explizit auch durch Labore meldepflichtig

Kurzbeschreibung

Das Denguevirus, bei dem 4 Serotypen unterschieden werden, wird von vorwiegend tagaktiven Stechmücken in über 100 Ländern der Tropen und Subtropen übertragen. Es verursacht eine akute fiebrige Erkrankung mit Kopf- und Gliederschmerzen und gelegentlich Hautausschlag. Die schweren, zum Teil tödlichen Verlaufsformen mit diffusen Blutungen (hämorrhagisches Denguefieber) und Kreislaufversagen (Dengue-Schocksyndrom) treten vermehrt bei erneuter Infektion mit einem anderen Serotyp und vor allem bei in Endemiegebieten lebenden Kindern auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.11.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 613 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt, dies entsprach einem leichten Rückgang im Vergleich zu den Vorjahren (2015: 723, 2016: 956, 2017: 635). Die Inzidenz betrug damit 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden das ganze Jahr hindurch mit höheren Fallzahlen in den Quartalen II und IV übermittelt (s. Abb. 6.11.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (2,0 Erkr./100.000 Einw.), Bayern und Hamburg (jeweils 1,3 Erkr./100.000 Einw.).

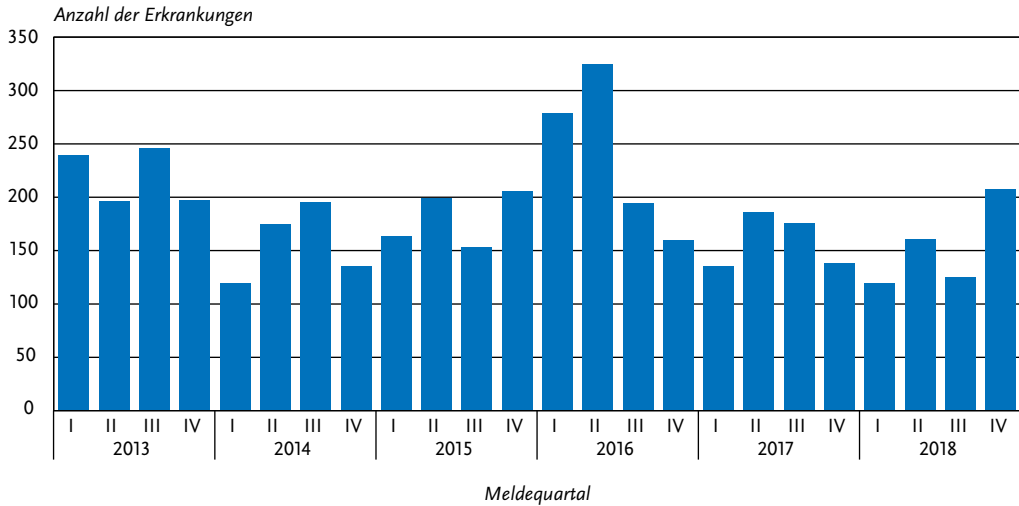
Zu 610 Erkrankungen lagen 642 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.11.2 sind die 10 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (38 % der Nennungen, Vorjahr: 32 %). Es folgten Indien (8 %), die Malediven und Indonesien (jeweils 5 %).

Die Verteilung der wahrscheinlichen Infektionsländer nach Kontinenten ist ähnlich wie in den Vorjahren: Auf asiatische Länder entfielen 77 % der Nennungen (Vorjahr: 79 %), auf süd- und mittelamerikanische Länder 12 % (Vorjahr: 9 %), auf afrikanische Länder 8 % (Vorjahr: 11 %), auf Australien/Ozeanien 1 % (Vorjahr: 0 %). Für 13 Erkrankungen wurde ein Aufenthalt in europäischen Staaten als Infektionsland übermittelt (2 %; Vorjahr 3 Erkrankungen, <1 %): 3-mal wurde neben einem Aufenthalt in asiatischen Dengue-Endemiegebieten zusätzlich ein Aufenthalt in Deutschland angegeben; 9 Erkrankte hatten Reiseanamnesen in französischen Überseegebieten oder Départements (4-mal Franz. Polynesien,

Tab. 6.11.1: Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	635	93 %	613	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	15	2 %	25	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	31	5 %	24	4 %
alle	681	100 %	662	100 %
Referenzdefinition (C)	635	93 %	613	93 %

Abb. 6.11.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018



3-mal La Réunion, 2-mal Martinique); ein Fall hatte sich auf der Karibikinsel Bonaire infiziert, die Teil der Niederlande ist.

Ungewöhnliche Häufungen von Denguefieber weltweit, von denen auch deutsche Reisende betroffen waren, gab es 2018 auf La Réunion und

Tab. 6.11.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2018 (Mehrfachnennungen möglich, 610 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	245	38%
Indien	52	8%
Malediven	32	5%
Indonesien	30	5%
Kuba	28	4%
Kambodscha	25	4%
Sri Lanka	25	4%
Vietnam	20	3%
Mexiko	12	2%
Tansania	11	2%
Andere	162	25%
Summe	642	100%

den Malediven. Insgesamt 32 Erkrankte hatten sich wahrscheinlich auf den Malediven infiziert (2015, 2016 und 2017 jeweils 17 Erkrankte).

Nach Aufhalten an der ägyptischen Küste des Roten Meeres wurden im Berichtsjahr 4 Fälle mit Erkrankungsbeginn im Februar, April, Oktober und Dezember 2018 übermittelt. Im Jahr 2017 hatte es dort einen größeren Ausbruch gegeben, in dessen Rahmen sich auch 7 Reisende aus Deutschland infiziert hatten.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen beobachtet. Die niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Insgesamt waren beide Geschlechter ähnlich stark betroffen (s. Abb. 6.11.2).

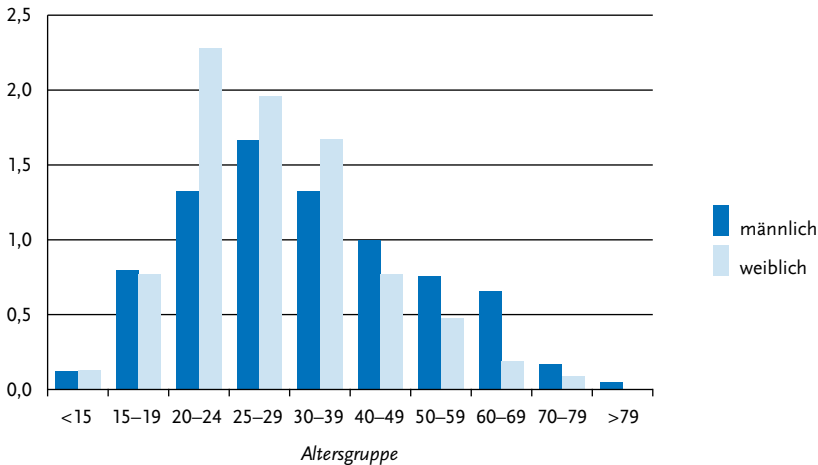
Klinische Aspekte

Im Jahr 2018 wurden keine Fälle übermittelt, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf oder ein Dengue-Schock-Syndrom erfüllten. Auch Todesfälle wurden 2018 nicht übermittelt.

Datenqualität

Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig wa-

Abb. 6.11.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=612)



ren, hat die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 die Meldepflicht (§ 7 Abs. 1 IfSG) explizit um Nachweise von Dengue- und anderen Arboviren erweitert.

Unabhängig davon sind weiterhin Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch Denguefieber mit hämorrhagischem Verlauf gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG vom behandelnden Arzt zu melden. Da die Meldepflicht nur in Deutschland festgestellte Erkrankungen und nachgewiesene Erreger erfasst, werden die bereits im Reiseland durchgemachten und nur dort diagnostizierten Infektionen nicht berücksichtigt.

Fazit

Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie von Veränderungen in den Reiseströmen. In Bezug auf die jährlich hohen Fallzahlen nach Thailand-Aufenthalt ist zu beachten, dass es sich hierbei um ein häufig besuchtes Fernreiseziel handelt. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

Literaturhinweise

- Shihada S, Emmerich P, Thome-Bolduan C, et al.: *Genetic diversity and new lineages of Dengue virus serotypes 3 and 4 in returning travelers, Germany, 2006–2015*. Emerg Infect Dis 2017. doi: 10.3201/eid2302.160751
- Saifullin MA, Laritchev VP, Grigorieva YE, et al.: *Two cases of dengue fever imported from Egypt to Russia, 2017*. Emerg Infect Dis 2018; 24:813–841. doi: 10.3201/eid2404.172131
- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.
- Wilder-Smith A, Quam M, Sessions O, et al.: *The 2012 dengue outbreak in Madeira: exploring the origins*. Euro Surveill 2014; 19. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20718
- Schmidt-Chanasit J, Emmerich P, Tappe D, et al.: *Autochthonous dengue virus infection in Japan imported into Germany, September 2013*. Euro Surveill 2014; 19. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.3.20681
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475.

6.12 Diphtherie

Kurzbeschreibung

Diphtherie wird klassischerweise durch toxinproduzierende Bakterien der Art *Corynebacterium (C.) diphtheriae* hervorgerufen, kann aber auch durch die zoonotischen Erreger *C. ulcerans* oder (sehr selten) *C. pseudotuberculosis* verursacht wer-

den. Diphtherie kann sich als schwere Rachenentzündung manifestieren (Rachendiphtherie) oder als teils ausgestanzt und schmierig belegte Hautläsionen (Hautdiphtherie), wenn der Erreger in Hautläsionen oder Wunden gelangt. Die Erreger bei der Rachendiphtherie werden vorwiegend durch Tröpfchen übertragen. Auch über den direkten Kontakt mit Hautdiphtherie-Läsionen oder infektiösen Ausscheidungen ist eine Übertragung möglich. Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Erkrankungen. Der Impfstoff beruht auf dem Diphtherietoxin des *C. diphtheriae*. Die Schutzwirkung gegen andere toxinproduzierende Corynebakterien ist bisher nicht ausreichend nachgewiesen, eine Protektion durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 27 Diphtherie-Erkrankungen übermittelt, von denen 26 die Referenzdefinition erfüllten. Ein Fall erfüllte aus formalen Gründen die Referenzdefinition nicht. Damit lag die Zahl der Erkrankungen mehr als doppelt so hoch wie im Vorjahr (10 Fälle) (s. Abb. 6.12.1). Die Erkrankungen wurden aus Bayern (6), Niedersachsen (5), Nordrhein-Westfalen (4), Baden-Württemberg, Sachsen (jeweils 3), Hessen, Hamburg (jeweils 2) und Brandenburg (1) übermittelt.

Fünfundzwanzig der 26 Erkrankungen manifestierten sich als Haut-, eine als Rachendiphtherie. Bei der an Rachendiphtherie erkrankten Person sowie bei 18 der 25 an Hautdiphtherie Erkrankten wurde der Erreger *C. ulcerans* nachgewiesen, bei den verbleibenden 7 an Hautdiphtherie Erkrankten wurde *C. diphtheriae* nachgewiesen. Als wahrscheinliches Infektionsland wurde bei 16 Erkrankungen Deutschland, bei 2 Erkrankungen Somalia und bei jeweils einer Erkrankung Tunesien, Ghana, Indien, Myanmar bzw. die Philippinen angegeben. Für 4 Erkrankungen wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt. Die Erkrankungen betrafen 7 Frauen und 19 Männer im Alter von 7 bis 83 Jahren.

Angaben zum Impfstatus lagen für 16 der 26 Erkrankungen vor, demnach waren 13 Erkrankte in der Vergangenheit geimpft worden, 3 Erkrankte waren ungeimpft. Nur für 4 Erkrankte lagen zusätzliche Angaben zum Zeitpunkt der letzten Impfung vor. Bei einem durch *C. ulcerans* Erkrankten lag die letzte Impfung mehr als 10 Jah-

re zurück. Zwei Erkrankte waren vor weniger als 10 Jahren geimpft worden: Bei einem Erkrankten mit Nachweis von *C. ulcerans* betrug der Abstand zwischen Impfung und Erkrankung nur 18 Tage, bei einem Erkrankten mit Nachweis von *C. diphtheriae* nur 25 Tage. Bei einem Erkrankten lagen keine Informationen zum Erkrankungsdatum vor, so dass der Abstand zwischen durchgeführter Impfung und Erkrankung nicht zu ermitteln war. Zusätzliche Informationen zur Anzahl vorangegangener Impfungen lagen nur für die genannte an *C. diphtheriae* erkrankte Person vor, die demnach nur einmal vor Erkrankung geimpft worden war, so dass von einem nicht ausreichenden Impfschutz zum Zeitpunkt der Exposition ausgegangen werden muss.

Zwei Erkrankungen traten in Zusammenhang mit einem Ausbruchsgeschehen auf. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

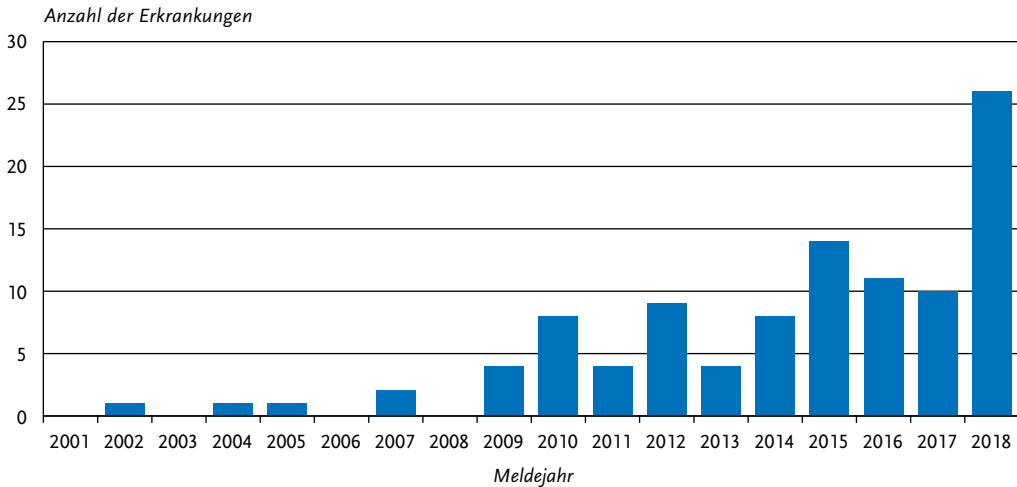
Fazit

Der deutliche Anstieg der übermittelten Diphtheriefälle ist vor allem auf Fälle von Hautdiphtherie zurückzuführen, die in der Mehrzahl durch toxische *C. ulcerans* bedingt waren. Ursächlich für diesen Anstieg kann zum einen die im Rahmen der IfSG-Novellierung ausgeweitete Meldepflicht für toxinbildende *C. ulcerans* sein. Zudem erfolgt die Speziesbestimmung von Corynebakterien aufgrund der verbesserten und verbreiteteren Nachweismethode durch das MALDI-TOF-MS-Verfahren deutlich häufiger. So kommen auch Zufallsbefunde z. B. bei Hautinfektionen (z. T. auch mit mehreren Erregern) zustande, bei denen zunächst kein klinischer Diphtherieverdacht bestand.

Da Daten zum Impfstatus (inkl. Anzahl und Zeitpunkt von Impfungen) größtenteils nicht verfügbar sind, ist unklar, ob auch eine mit dem Alter abnehmende Immunität in der Bevölkerung aufgrund versäumter Auffrischimpfungen für die Häufungen von Diphtheriefällen ursächlich sein könnte. Die beschriebenen Erkrankungsfälle, die in einem kurzen Abstand zur erfolgten Impfung aufgetreten waren, lassen sich daher auch nicht weiter einordnen.

Ab Frühjahr 2019 wird daher ein Projekt zur intensivierten Diphtherie-Surveillance durchgeführt, um zusätzliche Informationen zu Diphtherie-Erkrankungen zu erfassen und Wissenslücken

Abb. 6.12.1:
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



u. a. zum Impfstatus und Infektionsrisiken zu schließen.

Literaturhinweise

- Berger A, Dangel A, Schober T, et al.: *Whole genome sequencing suggests transmission of Corynebacterium diphtheriae-caused cutaneous diphtheria in two siblings, Germany, 2018*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.2.1800683
- Dangel A, Berger A, Konrad R, Bischoff H, Sing A: *Geographically diverse clusters of nontoxigenic Corynebacterium diphtheriae infection, Germany, 2016–2017*. Emerg Infect Dis 2018; doi: 10.3201/eid2407.172026
- Teutsch B, Berger A, Marosevic D, et al.: *Corynebacterium species nasopharyngeal carriage in asymptomatic individuals aged \geq 65 years in Germany*. Infection. 2017; 45:607–611.
- Berger A, Teutsch B, Heinzinger S., Sing A: *Corynebacterium ulcerans – ein Emerging Pathogen? Daten des Konsiliarlabors für Diphtherie 2011–2016*. Epid Bull 2018; 8:83–86. RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.13 Echinokokkose

Kurzbeschreibung

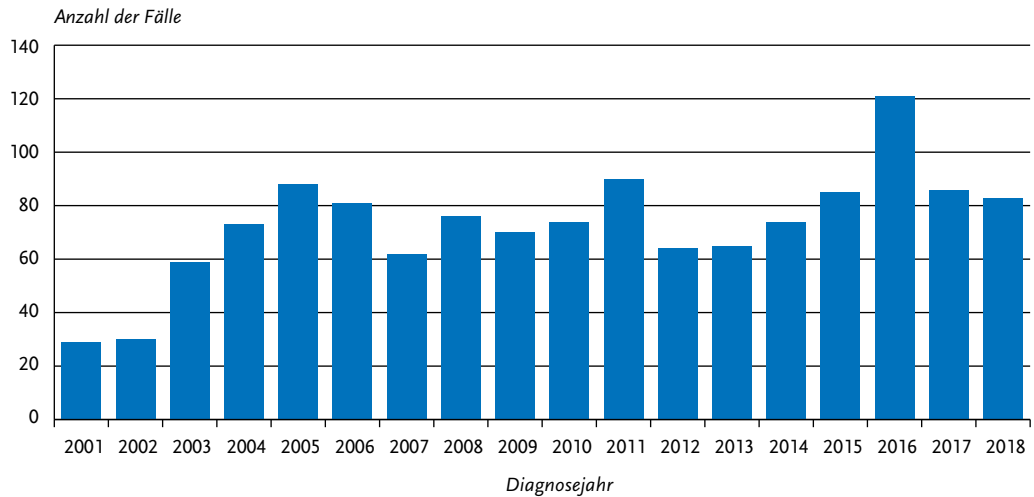
In Europa kommen 2 Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*)

zur alveolären Echinokokkose. Während die alveoläre Echinokokkose in Deutschland endemisch ist, ist die zystische Echinokokkose vorrangig aus anderen Ländern importiert. Der Mensch infiziert sich durch orale Aufnahme der Eier; die Larven setzen sich vor allem in der Leber, seltener auch in Lunge, Gehirn oder anderen Organen ab. Das klinische Bild ist sehr variabel und wird durch die Raumforderung der Zysten (bei *E. granulosus*) bzw. das infiltrative Wachstum (bei *E. multilocularis*) bestimmt. Symptome treten erst Monate oder Jahre nach der Infektion auf.

Fallkriterien

Die Echinokokkose wird gemäß § 7 Abs. 3 IfSG direkt an das RKI gemeldet. Um das aktuelle Infektionsgeschehen zu erfassen, werden nur Meldungen in die Statistik aufgenommen, bei denen es sich um eine Erstdiagnose handelt bzw. deren frühere nichtgemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum liegt. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung durch histologische oder radiologische Verfahren oder durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 83 Fälle (60%) als zystische Echinokokkose und 49 (35%) als alveoläre Echinokokkose eingeordnet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 7-mal (5%) gemeldet (s. Tab. 6.13.1).

Abb. 6.13.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Zystische Echinokokkose

Die 83 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 14 Bundesländern gemeldet: Baden-Württemberg 19 Fälle, Niedersachsen 14, Nordrhein-Westfalen 9, Bayern und Hamburg jeweils 8, Hessen und Rheinland-Pfalz jeweils 6, Berlin und Bremen jeweils 3, Sachsen und Schleswig-Holstein jeweils 2, Sachsen-Anhalt, Mecklenburg-Vorpommern

und Thüringen jeweils ein Fall. Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 65 Meldungen (78%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 6 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 14 in Syrien, 10 im Irak, jeweils 7 in der Türkei und

Tab. 6.13.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2018

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	6	27	1	34
Syrien	14			14
Irak	10			10
Rumänien	7			7
Türkei	7			7
Afghanistan	4			4
Bulgarien	3			3
Andere	14	5	1	20
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	65	32	2	99
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	18	17	5	40
Summe Fälle	83	49	7	139

in Rumänien, 4 in Afghanistan, 3 in Bulgarien sowie weitere 14 in anderen Ländern (s. Tab. 6.13.1).

Eine Angabe des Geschlechts lag für 82 Personen vor. Demnach erkrankten 48 Personen männlichen und 34 Personen weiblichen Geschlechts an zystischer Echinokokkose. Über 81% der Erkrankten waren 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 5 Jungen und 3 Mädchen im Alter von 15 bis 19 Jahren, 3 Jungen in der Altersgruppe der 10- bis 14-Jährigen, 2 Jungen und ein Mädchen im Alter von 5 bis 9 Jahren und 2 Mädchen unter 4 Jahren an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 75 Fällen. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2016, mit einer deutlich höheren Fallzahl von 121 Fällen (s. Abb. 6.13.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 49 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Patienten aus 9 Bundesländern: Baden-Württemberg und Bayern jeweils 14 Fälle, Hessen 9, Nordrhein-Westfalen 6, Rheinland-Pfalz 2 und jeweils ein Fall aus Berlin, Niedersachsen, Saarland und Sachsen. Auch hier kann aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, nicht in jedem Fall auf den tatsächlichen Infektionsort

geschlossen werden. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 32 Fälle (65%) vor, darunter entfielen 27 (84%) auf Deutschland (s. Tab. 6.13.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden Bulgarien, Kosovo, Litauen, Österreich und Usbekistan je einmal genannt. Zu den 48 Erkrankten mit Angabe zum Geschlecht zählten 21 männliche und 27 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 15 Jahre waren betroffen, sowie ein Mädchen im Alter von 5 bis 9 Jahren.

Im Vergleich zu den Vorjahren waren die Meldeszahlen im Jahr 2018 erhöht (s. Abb. 6.13.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 7 Fälle lag keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 2 Fälle aus Baden-Württemberg und jeweils ein Fall aus Bayern, Hamburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Schleswig-Holstein gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 2 Fälle (29%) vor, darunter entfiel eine Nennung auf Deutschland und eine auf den Libanon (s. Tab. 6.13.1). Unter den Erkrankten waren 2 Personen männlichen und 5 Personen weiblichen Geschlechts. Die Betroffenen waren alle älter als 15 Jahre.

Die Anzahl gemeldeter Echinokokkosen, die im Jahr 2018 als nicht differenziert gemeldet wur-

Abb. 6.13.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

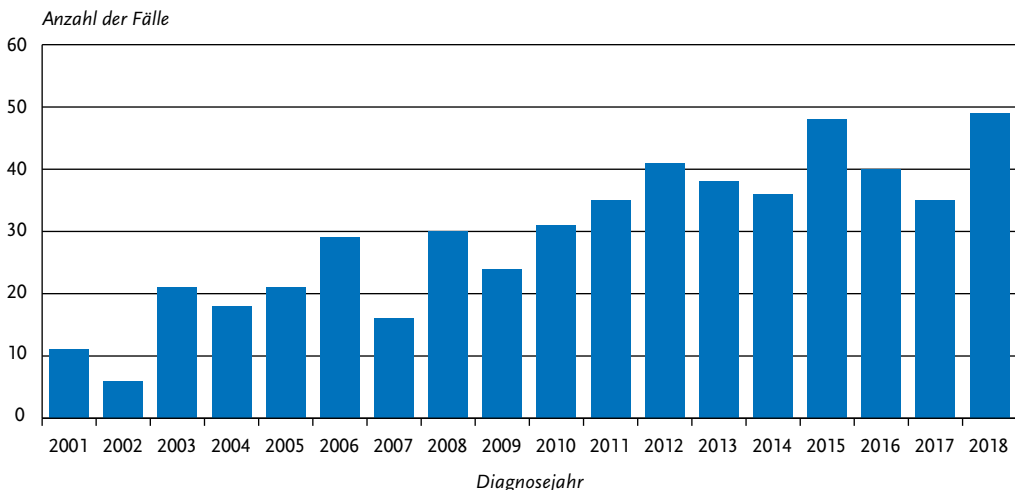
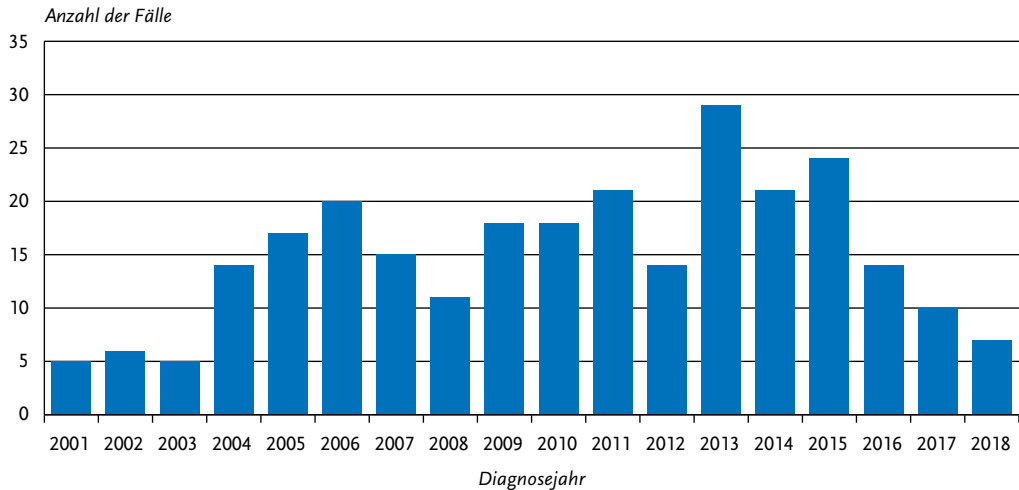


Abb. 6.13.3:
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



den, ging im Vergleich zu den 3 Vorjahren zurück (s. Abb. 6.13.3).

Datenqualität

Es ist von einer Untererfassung auszugehen, da für die vorliegenden Meldebögen oft keine vollständigen Angaben vorliegen und diese somit nicht ausgewertet werden können.

Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

Fazit

Während die Fallzahlen der zystischen Echinokokkose über die letzten Jahre, mit Ausnahme eines Anstiegs im Jahr 2016, relativ stabil sind, ist ein leicht ansteigender Trend bei der alveolären Echinokokkose und ein rückläufiger Trend bei der Zahl der nicht differenzierten Echinokokkosen zu beobachten. Ob die Fälle von zystischer Echinokokkose, für die Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, möglicherweise auch durch frühere Auslandsaufenthalte oder durch Kontakt mit aus dem Ausland importierten Haustieren be-

dingt waren, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

Literaturhinweise

- Schmidberger J, Kratzer W, Stark K, et al.: *Alveolar echinococcosis in Germany, 1992–2016. An update based on the newly established national AE database.* Infection 2017. doi: 10.1007/s15010-017-1094-0
- Conraths FJ, Probst C, Possenti A, et al.: *Potential risk factors associated with human alveolar echinococcosis: Systematic review and meta-analysis.* PLoS Negl Trop Dis 2017. doi: 10.1371/journal.pntd.0005801
- Kern P, Menezes da Silva A, Akhan O, et al.: *The echinococcoses: diagnosis, clinical management and burden of disease.* Adv Parasitol 2017; 96:259–369.
- Richter J, Orhun A, Grüner B, et al.: *Autochthonous cystic echinococcosis in patients who grew up in Germany.* Euro Surveill 2009; 14. doi: 10.2807/ese.14.22.19229-en
- Brehm K: *Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie.* Epid Bull 2017; 15:127–132.
- RKI-Ratgeber (2005). www.rki.de/ratgeber

6.14 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 2.226
- ▶ Seit Jahren leichter Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Durch Nicht-Bestimmung, Nicht-Meldung und Nicht-Übermittlung von Serogruppen Ausbruchserkennung erschwert

Kurzbeschreibung

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Als lebensbedrohliche Komplikation kann das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auftreten. Infektionen mit EHEC kommen weltweit vor. Als Reservoir für die meisten EHEC-Stämme gelten Wiederkäuer, vor allem Rinder. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt fäkal-oral, wobei die Erregeraufnahme über den Kontakt mit Tierfäzes, über kontaminierte Lebensmittel oder kontaminiertes Wasser erfolgt, aber auch durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung von EHEC-Erkrankungen geändert. Zusätzlich zum Nachweis von Shigatoxin (z. B. mittels ELISA) aus der *E.-coli*-Kultur aus Stuhl oder dem Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) eines Shigatoxin-Gens aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmischkultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl, erfüllt seit 2015 auch der Nachweis von Shigatoxin (z. B. mittels ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur oder Stuhlmischkultur bei gleichzeitigem Nachweis des O157-Antigens (z. B. mittels ELISA) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.14.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.27 behandelt wird.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 2.226 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2017: 2.024; Median 2013 bis 2017: 1.655). Dies ist ein Anstieg um 10 % gegenüber 2017. Die meisten Erkrankungen wurden wie in den Vorjahren im III. Quartal übermittelt. (s. Abb. 6.14.1).

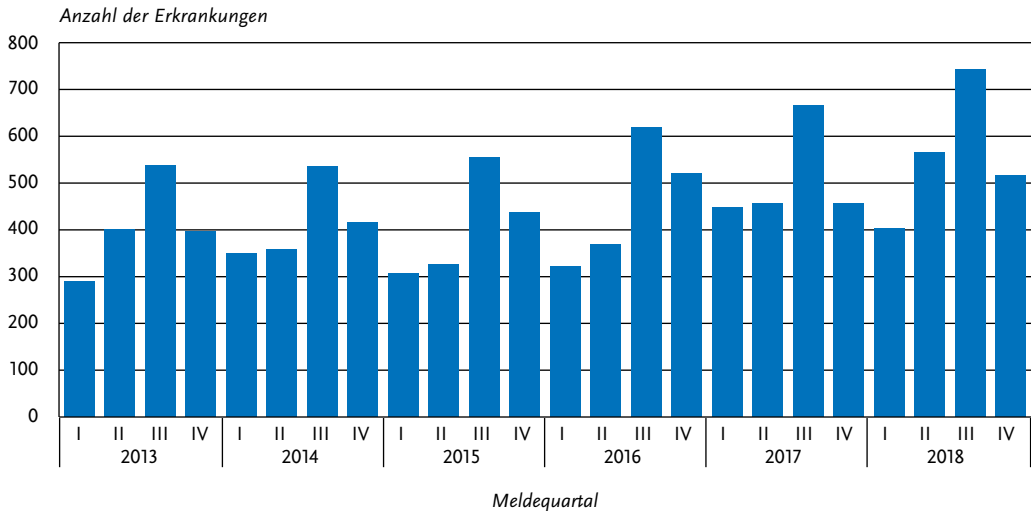
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz von 2,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner wurde in Sachsen-Anhalt (5,4), Sachsen (5,0), Rheinland-Pfalz (3,7), Brandenburg (3,5), Thüringen (3,4), Niedersachsen (3,4), Schleswig-Holstein (3,2), Berlin (3,0) und Hamburg (2,8) teils deutlich übertroffen. Die niedrigsten Inzidenzen wiesen Hessen (0,9), das Saarland (1,0), Bremen (1,8), Nordrhein-West-

Tab. 6.14.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	27	1%	49	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.997	66%	2.177	72%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	466	15%	375	12%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	522	17%	439	14%
alle	3.012	100%	3.040	100%
Referenzdefinition (B+C)	2.024	67%	2.226	73%

Abb. 6.14.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018



falen (2,0), Baden-Württemberg (2,4), Mecklenburg-Vorpommern (2,4) und Bayern (2,5) auf. Mit Ausnahme von Hamburg und Mecklenburg-Vorpommern lag die Inzidenz in allen Bundesländern über dem Medianwert der 5 Vorjahre. Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz wurde in Bremen (um 289 %), Thüringen (108 %), Baden-Württemberg (78 %) und Brandenburg (69 %) verzeichnet (s. Abb. 6.14.2).

Bei 1.244 Erkrankungen wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (1.263 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 1.026-mal genannt (82 % der Erkrankungen mit Nennung). Die meisten Nennungen anderer Länder entfielen auf die Türkei (45 Nennungen), Ägypten (38), Spanien (12), Italien und Marokko (je 10).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (19 Erkr./100.000) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,9 Erkr./100.000) (s. Abb. 6.14.3); 32 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (35 Erkr./100.000) wiesen einjährige Kinder auf. Insgesamt lag die Inzidenz bei weiblichen Personen im Vergleich zum Vorjahr unverändert

bei 2,7 Erkr./100.000, während sie bei männlichen Personen von 2,2 auf 2,6 Erkr./100.000 angestiegen ist.

Nachgewiesene Erreger

Für 435 EHEC-Erkrankungen (20 %, Vorjahr 22 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.14.2). Eine deutliche Zunahme zeigte sich bei der Angabe „Ont“ (O-Antigen nicht typisierbar) mit 69 Fällen (Vorjahr: 40) und bei Serogruppe O26 mit 39 Fällen (Vorjahr: 31). Die Fallzahlen der Serogruppen O128, O103 und O111 hatten sich von 2016 auf 2017 mehr als verdoppelt. Dieser Anstieg hat sich nicht fortgesetzt. Im Jahr 2018 wurde O128 genauso häufig, O103 und O111 seltener berichtet als 2017. Neu vertreten unter den zehn am häufigsten übermittelten Serogruppen ist O8, ansonsten ist die Verteilung ähnlich wie im Vorjahr.

Klinische Aspekte

Für 2.219 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 4.142 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (91 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (61 %), Fieber (18 %) und Erbrechen (17 %). Im Jahr 2018 wurden 2 (2017: 2) Todesfälle aufgrund von EHEC-Erkrankungen übermittelt. Es handelte

Abb. 6.14.2:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=2.226)

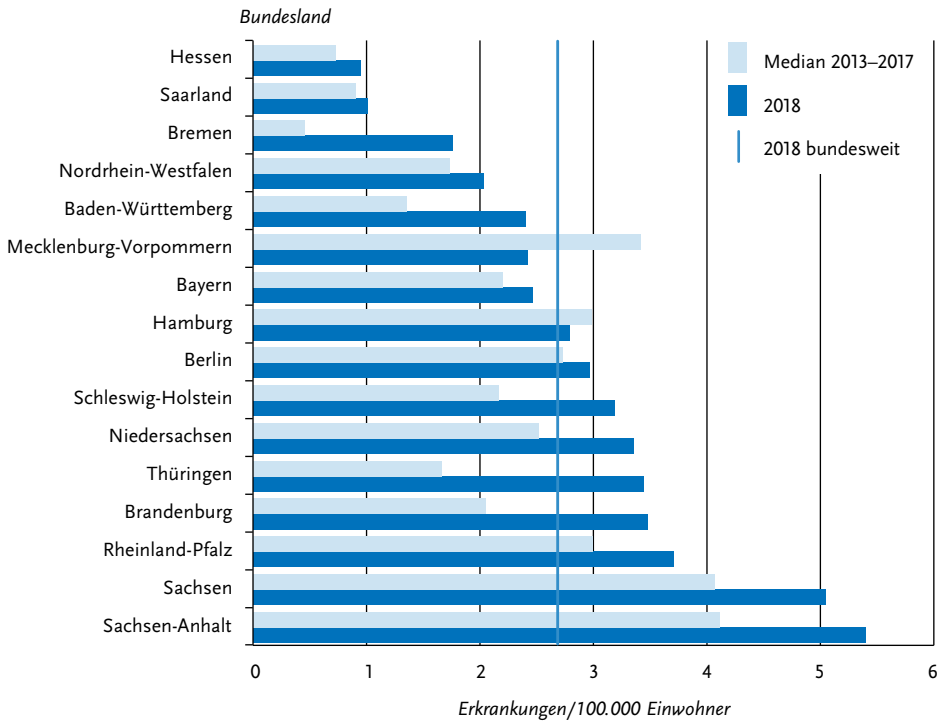
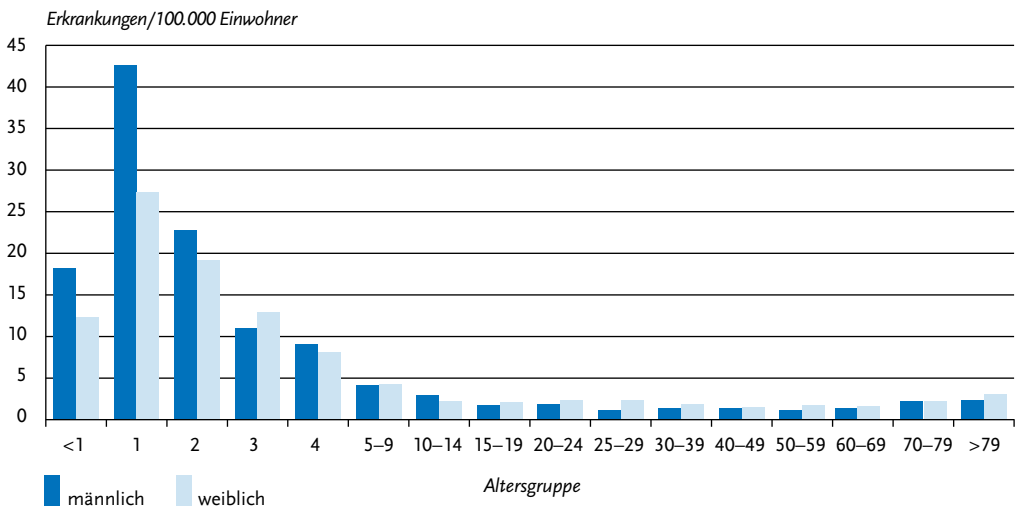


Abb. 6.14.3:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=2.219)



Tab. 6.14.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2018 (n=435)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Ont (nicht typisierbar)	69	16%
O91	59	14%
O103	50	11%
O157	48	11%
O26	39	9%
O146	24	6%
O128	19	4%
O145	15	3%
O113	9	2%
O8	9	2%
Andere	94	0%
Summe	435	100%

sich um einen Mann und eine Frau im Alter von 74 und 82 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 51 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 163 Erkrankungen übermittelt (2017: 43 Ausbrüche mit 110 Erkrankungen). Die meisten Ausbrüche (n=44) betrafen nur 2 oder 3 Personen und ereigneten sich überwiegend in privaten Haushalten. Einzelne Ausbrüche standen in Zusammenhang mit dem Besuch von Kindertagesstätten oder Hotels. Drei Ausbrüche betrafen mehr als 5 Personen. Der größte übermittelte Ausbruch ereignete sich in einem Kindergarten im Land Brandenburg, wo 24 Kinder und 4 Erwachsene erkrankten. Ein Serotyp wurde bei 6 Erkrankten und 4 asymptomatisch infizierten Personen übermittelt, wobei 7-mal die Serogruppe O103 und je einmal O25, O145 und Ont angegeben wurde. Vermutlich handelte es sich um einen lebensmittelbedingten Ausbruch. Das Infektionsvehikel konnte allerdings nicht ermittelt werden.

Zwei weitere Ausbrüche in Kindergärten mit 9 bzw. 6 Erkrankungen und Nachweis der Serogruppe O26 bzw. O157 wurden aus Baden-Württemberg übermittelt. In beiden Fällen wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen. EHEC-Ausbrüche, in denen auch

HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.27 beschrieben.

Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt oft nur ein Nachweis des Shigatoxins bzw. Shigatoxin-Gens ohne Erregerisolierung und somit ohne Möglichkeit, die Serogruppe zu bestimmen. Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 20% der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft.

Bei 439 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Der seit 2016 ansteigende Trend der Fallzahlen hat sich 2018 fortgesetzt, wobei im Vergleich zu 2017 die Fallzahlen insbesondere bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen ab 50 Jahren zugenommen haben. Seit 2001 wurden nur im Jahr des großen EHEC/HUS-Ausbruchs 2011 mehr Erkrankungen übermittelt als 2018. Ob dies auf einen tatsächlichen Anstieg der Erkrankungshäufigkeit oder auf intensivere Diagnostik zurückzuführen ist, lässt sich anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilen.

Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe übermittelt wurden, lag 2018 mit 20% ähnlich niedrig wie in den Vorjahren und deutlich unter dem Wert von 30% im Jahr 2012 und dem Anteil in den Jahren davor. Ohne Kenntnis der Serogruppe ist die Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei scheinbar sporadischen EHEC-Erkrankungen nahezu unmöglich.

Literaturhinweise

- Pedersen RM, Nielsen MTK, Möller S, et al.: *Shiga toxin-producing Escherichia coli: incidence and clinical features in a setting with complete screening of patients with suspected infective diarrhoea*. Clin Microbiol Infect 2017. doi: 10.1016/j.cmi.2017.10.002
- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. Epidemiol Infect 2016; 144:3305–3315.
- Fruth A, Prager R, Tietze E, Rabsch W, Flieger A: *Molecular epidemiological view on Shiga toxin-producing Escherichia coli causing human disease in Germany: Diversity, prevalence, and outbreaks*. Int J Med Microbiol 2015; 305:697–704.
- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. N Engl J Med 2011; 365:1763–1770.
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* BMC Med 2012; 10:11.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 4.041 in allen Übermittlungskategorien, 3.998 in Übermittlungskategorie Enterobacteriaceae und Weitere bedrohliche Krankheiten (WBK)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahr und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, insbesondere bei Männern
- ▶ Sowohl Infektionen als auch Kolonisationen meldepflichtig

Kurzbeschreibung

Enterobacteriaceae sind gramnegative Bakterien, die ubiquitär in der Umwelt vorkommen und zur natürlichen Darmflora des Menschen gehören. Zu den Enterobacteriaceae gehört eine Vielzahl von

verschiedenen Erregern, die unterschiedliche Eigenschaften haben. Sie können unterschiedliche Kompartimente besiedeln (Kolonisation), jedoch auch zahlreiche Infektionen wie Pneumonien, Harnwegsinfektionen und Blutstrominfektionen auslösen. Insbesondere bei nosokomialen Infektionen spielen Enterobacteriaceae eine wichtige Rolle.

Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae weisen eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika, u. a. auch gegen Carbapeneme, auf. Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer Carbapenem-Nichtempfindlichkeit kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemase sind Enzyme, die Carbapeneme spalten können. Sie werden durch Gene codiert, die oft auf Plasmiden lokalisiert sind und damit leicht auf andere Bakterien übertragen werden können. Daher sind Carbapenemase-produzierende Stämme insbesondere im Krankenhaus von großer Bedeutung. Der Anteil der Carbapenemase-Produzenten ist abhängig von der jeweiligen Spezies, so werden beispielsweise bei *E. coli* und *Klebsiella pneumoniae* relativ häufig Carbapenemase nachgewiesen (55 % und 53 %), bei anderen Spezies wie *Enterobacter aerogenes* seltener (4 %). Eine bundesweite Meldepflicht für Infektionen und Kolonisationen besteht seit 2016.

Übermittlungskategorien

Carbapenem-nichtempfindliche, definiert als intermediär sensible oder resistente Enterobacteriaceae, werden in der Übermittlungssoftware in verschiedenen Kategorien erfasst (s. Tab. 6.15.1). Zur Familie der Enterobacteriaceae gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen und *E. coli*, die jeweils in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 43 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacteriaceae werden in der Übermittlungskategorie Enterobacteriaceae (n=3.794) und, wenn nur veraltete Softwareversionen zur Verfügung stehen, in der Kategorie „Weitere bedrohliche Krankheiten“ (WBK) (n=204) übermittelt. Sie sind in der ersten Zeile der Tabelle 6.15.1 zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 4.041 Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae übermittelt.

Tab. 6.15.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2018

Meldekategorie	Anzahl
Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation	3.998
Salmonellose	28
EHEC-Erkrankung	10
Yersiniose	3
Shigellose	2
Gesamt	4.041

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in den Übermittlungskategorien Enterobacteriaceae oder WBK übermittelt wurden (s. Tab. 6.15.2). Fälle, die in anderen Übermittlungskategorien wie Salmonellose, Yersiniose usw. (s. oben) übermittelt wurden, werden im Folgenden nur an wenigen ausgewählten Stellen berücksichtigt.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 3.998 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 4,8 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.15.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin (9,5 Fälle/100.000 Einw.), Hessen (9,0), Hamburg (7,0), Sachsen (6,0), Thüringen (5,2), Nordrhein-Westfalen (5,2)

sowie Rheinland-Pfalz (5,1) verzeichnet. Die geringste Inzidenz wurde in Mecklenburg-Vorpommern registriert (1,4 Fälle/100.000 Einw.).

Demografische Verteilung

Erwachsene ab 50 Jahre stellen 82% der übermittelten Fälle und sind somit am stärksten betroffen. Die Inzidenz übermittelter Carbapenem-nichtempfindlicher Enterobacteriaceae variiert deutlich zwischen den Altersgruppen und steigt besonders ab der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen mit zunehmendem Alter an (s. Abb. 6.15.2). Die höchste Inzidenz übermittelter Carbapenem-nichtempfindlicher Enterobacteriaceae wird in der Altersgruppe der Kinder unter einem Jahr (13 Fälle/100.000 Einw.) und der über 70- bis 79-Jährigen (14) bzw. der 79-Jährigen beobachtet (15). Männer sind in fast allen Altersgruppen häufiger betroffen.

Klinische Aspekte

Für 2.941 der 3.998 Fälle (74%) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 914 Fälle (31%) wurden als Infektion und 2.027 Fälle (69%) als Kolonisation übermittelt.

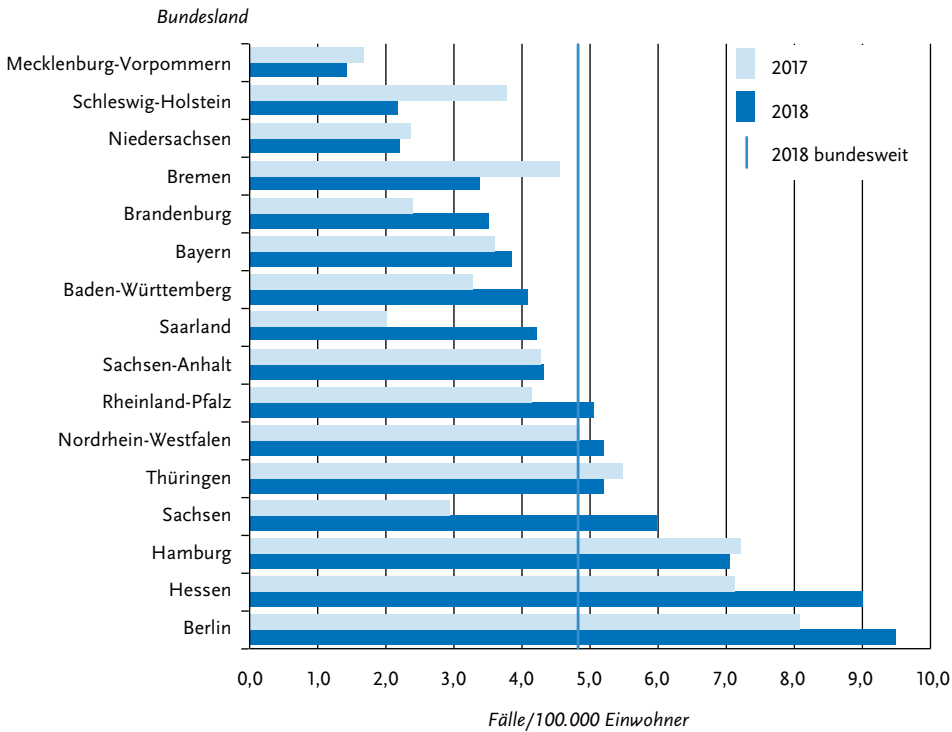
Für 3.991 Fälle (99,8%) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten wurden die Carbapenem-nichtempfindlichen Enterobacteriaceae in Screening-Abstrichen (2.007-mal, 47% der 4.267 Nennungen), in Urin (918-mal, 22%) und in Wundabstrichen (514-mal, 12%) nachgewiesen (Mehrfachangaben sind möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 3.739 Fälle (94%) vorhanden. Demnach waren 3.413 Fälle (91%) hospitalisiert. Von 3.951 Fällen (99%) mit entsprechender Angabe wurden 164

Tab. 6.15.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	640	18%	869	22%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.447	41%	2.133	53%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.429	41%	996	25%
alle	3.516	100%	3.998	100%
Referenzdefinition (C+D+E)	3.516	100%	3.998	100%

Abb. 6.15.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=3.997)



Todesfälle registriert (4,2%). Von 138 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 24 Fälle (17%) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt (11 Fälle mit *Klebsiella* spp., 8 Fälle mit *Enterobacter* spp., 4 Fälle mit *Escherichia* spp. sowie ein Fall mit *Cronobacter* spp.). Zusätzlich zu den bisher genannten Todesfällen wurde ein Todesfall in der Übermittlungskategorie *E. coli*-Enteritis erfasst, bei dem jedoch angegeben wurde, dass er aufgrund anderer Ursache verstorben sei.

Nachgewiesene Erreger

Für 3.967 der erfassten Fälle (99%) lag eine Angabe zum Erreger vor (siehe Tab. 6.15.3).

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (1.433 Fälle, 36%). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (686 Fälle, 17%), *Enterobacter* spp., darunter *E. cloacae* (656 Fälle, 17%) *E. ae-*

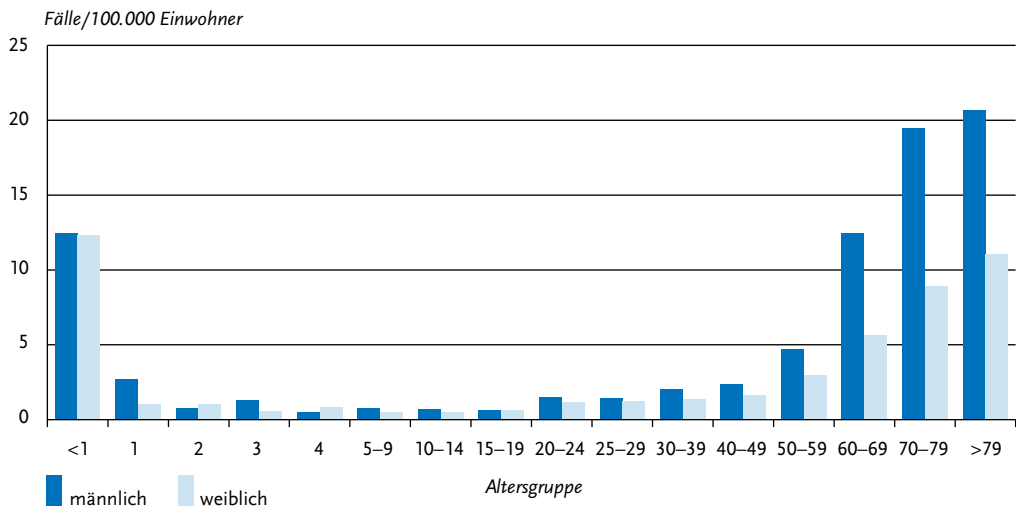
rogenes (272 Fälle, 6,9%), und *Citrobacter* spp., darunter *C. freundii* (208 Fälle, 5,2%).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 3.440 von 3.794 Fällen (91%), die in der Übermittlungskategorie Enterobacteriaceae übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur Nichtempfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 1.697 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 1.605 Fälle (95%) nichtempfindlich gegen Ertapenem, 1.228 Fälle (72%) gegen Imipenem und 1.208 Fälle (71%) gegen Meropenem. 1.066 Fälle (63%) waren nichtempfindlich gegen alle 3 Carbapeneme. Für die 204 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Abb. 6.15.2:

Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=3.973)



Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 2.061 von 3.794 Fällen (54 %) liegen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 1.711 Fällen (83 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 1.255 Fällen (73 %) nachgewiesen, am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (546 Fälle, 44 %). Bei *Klebsiella* spp. (579 Fälle, davon 542 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (293 Fälle, 54 %), VIM-1 (38 Fälle, 7 %), KPC-2 (32 Fälle, 6 %) und NDM-1 (23 Fälle, 4 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (298 Fälle, davon 286 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (152 Fälle, 53 %) und OXA-244 (24 Fälle, 8 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (199 Fälle, davon 175 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (44 Fälle, 25 %) und VIM-1 (35 Fälle, 20 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 21 Ausbrüche mit insgesamt 84 Fällen übermittelt. Bei 3 Ausbrüchen (alle *Klebsiella pneumoniae*) wurden 5 oder mehr Fälle (insgesamt 37 Fälle) übermittelt. Insgesamt wurden 15 der 21 Ausbrüche durch *Klebsiella* spp., verursacht,

davon 14 durch *Klebsiella pneumoniae* und ein Ausbruch durch *Klebsiella oxytoca*.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag bei 74 %. Ergebnisse zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein bestimmter Erreger verursacht. Zum Nachweis auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) lagen nur für 54 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie leicht die Carbapenem-Nichtempfindlichkeit übertragen werden kann, da die Carbapenemase-Gene oft auf Plasmiden sitzen und so zwischen verschiedenen Enterobacteriaceae ausgetauscht werden können. Insgesamt ist der Einsatz von aktualisierter Software, die eine Eingabe von Carbapenem-nichtempfindlichen Enterobacteriaceae in der entsprechenden Übermittlungskategorie erlaubt, wünschenswert, da hier im Vergleich zur Übermittlungskategorie WBK wichtige weiterführende Informationen eingegeben werden können. Eine Einschätzung der

Tab. 6.15.3:
Übermittelte Carbapenem-nichtempfindliche
Enterobacteriaceae nach Gattung bzw. Art, Deutschland
2018 (n=3.967)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.433	36,1%
<i>Escherichia coli</i>	686	17,3%
<i>Enterobacter cloacae</i>	656	16,5%
<i>Enterobacter aerogenes</i>	272	6,9%
<i>Citrobacter freundii</i>	208	5,2%
<i>Klebsiella oxytoca</i>	120	3,0%
<i>Serratia marcescens</i>	72	1,8%
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	65	1,6%
<i>Klebsiella aerogenes</i>	61	1,5%
<i>Klebsiella</i> spp., sonstige	52	1,3%
<i>Proteus mirabilis</i>	38	1,0%
<i>Hafnia alvei</i>	31	0,8%
<i>Enterobacter asburiae</i>	27	0,7%
<i>Klebsiella variicola</i>	19	0,5%
<i>Morganella morganii</i>	19	0,5%
<i>Escherichia</i> spp., sonstige	18	0,5%
<i>Citrobacter koseri</i>	17	0,4%
Andere	173	4,4%
Gesamt	3.967	100,0%

regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies u. a. auch vom Untersuchungsverhalten und von der Meldecompliance in der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Die Meldepflicht für Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae ist am 1. Mai 2016 in Kraft getreten. Im Jahr 2018 werden zum zweiten Mal Daten zu dieser Meldepflicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, es wurden Fälle aus allen Bundesländern übermittelt. Ein Grund für die regionalen Unterschiede könnte die noch relativ neue und komplexe Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein.

Literaturhinweise

- Ehlkes L, Pfeifer Y, Werner G, et al.: No evidence of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in stool samples of 1,544 asylum seekers arriving in Rhineland-Palatinate, Germany, April 2016 to March, 2017. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800030
- WHO (2018): Global antimicrobial resistance surveillance system (GLASS) report, Early implementation 2016–2017. Supplementary materials. www.who.int/glass/resources/publications/early-implementation-report/en
- Noll I, Eckmanns T: Antibiotikaresistenz: Gegenläufige Entwicklungen. Dtsch Arztebl 2018; 115:A-2291/B-1877/C-1851.
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2016. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-surveillance-europe-2016
- WHO (2017): Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics. www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en
- WHO (2017): Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities. www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en
- Lübbert C, Lippmann N, Busch T, et al.: Long-term carriage of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase-2-producing *K pneumoniae* after a large single-center outbreak in Germany. Am J Infect Contr 2014; 42:376–380.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen. Bundesgesundheitsbl 2012; 55:1311–1354.
- KRINKO: Ergänzung zur Empfehlung der KRINKO „Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen“ (2012) im Zusammenhang mit der von EUCAST neu definierten Kategorie „I“ bei der Antibiotika-Resistenzbestimmung: Konsequenzen für die Definition von MRGN. Epid Bull 2019; 9:82–83.
- RKI: EUCAST-Neudefinition der Kategorie „I“ – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht. Epid Bull 2019; 9:84.
- Pfennigwerth N: Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger, Zeitraum 1. Januar 2017 bis 31. Dezember 2017. Epid Bull 2018; 29:263–267.

6.16 Fleckfieber

Kurzbeschreibung

Fleckfieber ist eine akute fieberhafte Erkrankung mit Hautausschlag, die durch das Bakterium *Rickettsia prowazekii* verursacht wird. Es wird durch Läuse übertragen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch findet nicht statt.

Situation in Deutschland

2018 wurden dem RKI keine Erkrankungen an Fleckfieber übermittelt.

In den Jahren 2017, 2016 und 2003 wurde jeweils eine serologisch-diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung übermittelt, zuvor 2 Erkrankungen im Jahr 2001.

Alle bisher bekannten Infektionen wurden jeweils nicht in Deutschland erworben.

6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 583
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr Anstieg der Fallzahlen um 20%
- ▶ Inzidenz am höchsten bei 40- bis 79-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- ▶ Inzidenz wie in den Vorjahren in Baden-Württemberg und Bayern am höchsten
- ▶ 56% der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 87% hospitalisiert
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten (99%) nicht oder unzureichend geimpft

Kurzbeschreibung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) wird durch das FSME-Virus verursacht, das durch Zecken auf den Menschen übertragen wird – in Deutschland durch die Spezies *Ixodes ricinus*, umgangssprachlich der Gemeine Holzbock. Der typi-

sche Verlauf einer FSME-Erkrankung ist biphasisch und beginnt mit unspezifischen, allgemeinen Krankheitszeichen, wie Fieber, Gliederschmerzen, Übelkeit und Erbrechen (Inkubationszeit meist 7 bis 14 Tage). Nach einem kurzen Intervall von ca. einer Woche folgen die spezifischen neurologischen Manifestationen der FSME (Meningitis, Enzephalitis, Myelitis).

Ein hoher Anteil der Infektionen verläuft jedoch asymptomatisch oder die zweite Krankheitsphase bleibt aus, Schätzungen gehen von 70 bis 95% aus. Die verfügbaren Totimpfstoffe bieten einen effektiven Schutz gegen FSME.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.17.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 erfüllten 583 der 607 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 97 Erkrankungen (20%) gestiegen (s. Tab. 6.17.1). Entsprechend der Aktivität der übertragenden Zecken wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätherbst übermittelt; 507 der 583 Erkrankungen (87%) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.17.1).

Geografische Verteilung

Wie in den Vorjahren lagen die Inzidenzen der übermittelten FSME-Erkrankungen in Baden-Württemberg und Bayern deutlich höher als in den anderen Bundesländern (s. Abb. 6.17.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 131 der 156 im Jahr 2018 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Hessen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Thüringen und Sachsen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte Karte der Risikogebiete für FSME verwiesen. Für diese Karte werden neben den Meldezahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

Im Vergleich zum Median der Vorjahre 2013 bis 2017 nahm die Fallzahl pro 100.000 Einwoh-

Tab. 6.17.1:
Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	486	96%	583	96%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	15	3%	9	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4	1%	15	2%
alle	505	100%	607	100%
Referenzdefinition (C)	486	96%	583	96%

ner in allen o. g. Bundesländern mit Risikogebieten zu. Mit 2,5 bzw. 1,7 Erkr./100.000 Einw. war die Inzidenz in Baden-Württemberg und Bayern – wie in den Vorjahren auch – am höchsten (s. Abb. 6.17.2). Wie in Kapitel 2 beschrieben, werden Fälle örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Der Infektionsort kann vom Ort des Gesundheitsamtes abweichen.

Für 533 von 561 Erkrankungen (95%), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war, wurde ausschließlich Deutschland genannt, bei 8 Erkrankungen Österreich, bei 4 Erkrankungen Schweden, bei 3 Erkrankungen die Schweiz, bei jeweils 2 Erkrankungen Polen und

Tschechien und bei jeweils einer Erkrankung Bosnien und Herzegowina, Frankreich, Indien und Serbien. Bei 3 Erkrankungen wurde neben Deutschland Österreich als wahrscheinliches Infektionsland genannt, bei jeweils einer Erkrankung Spanien und Frankreich. Für 22 Erkrankungen (3,7%) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei männlichen Personen mit 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner deutlich höher als bei weiblichen (0,5 Erkr./100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden mit 1,5 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 70 bis 79 Jahre beobachtet, gefolgt von 1,4

Abb. 6.17.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018 (n=2.317)

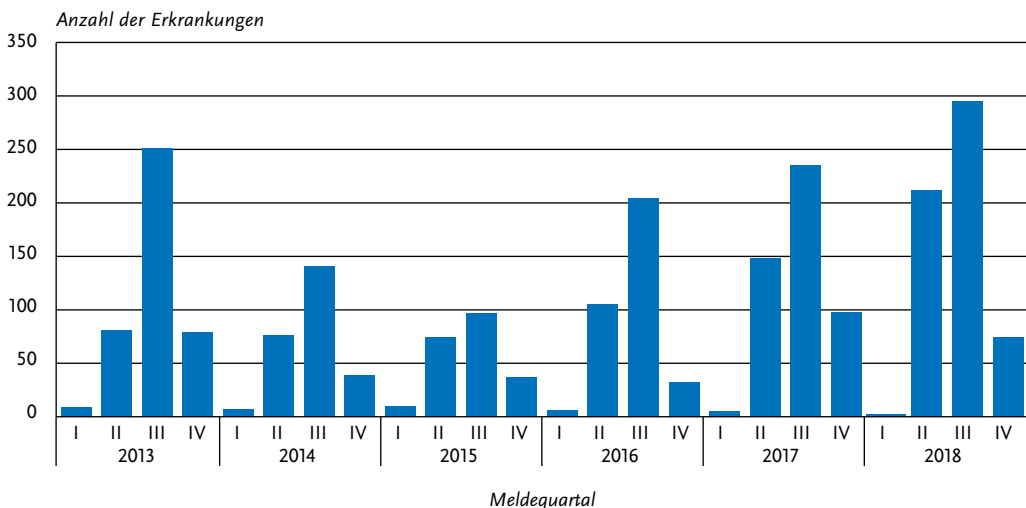


Abb. 6.17.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=583)
im Vergleich mit den Vorjahren

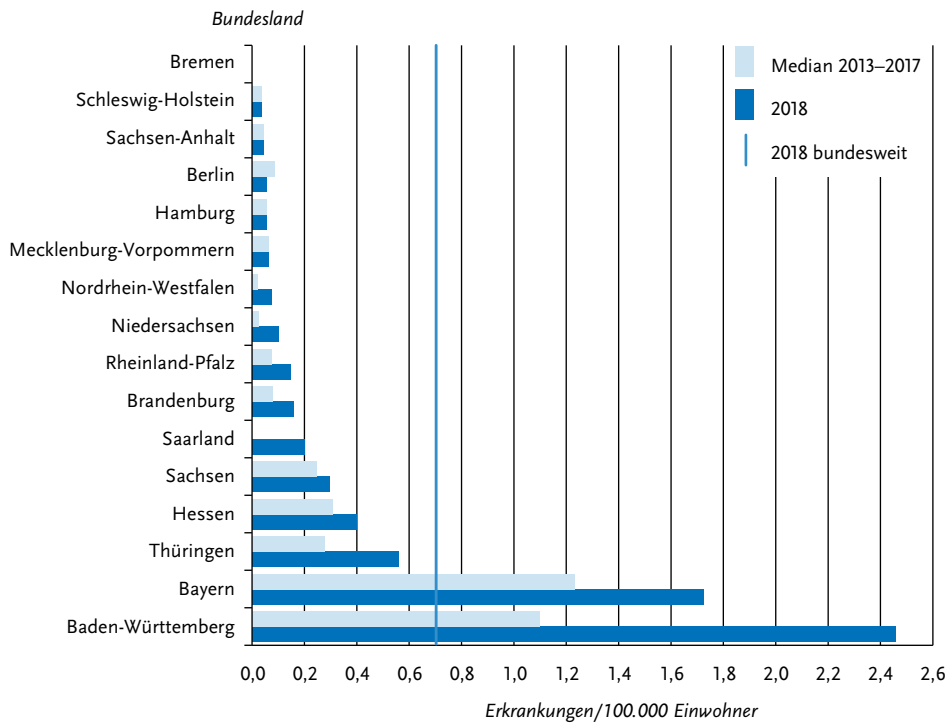
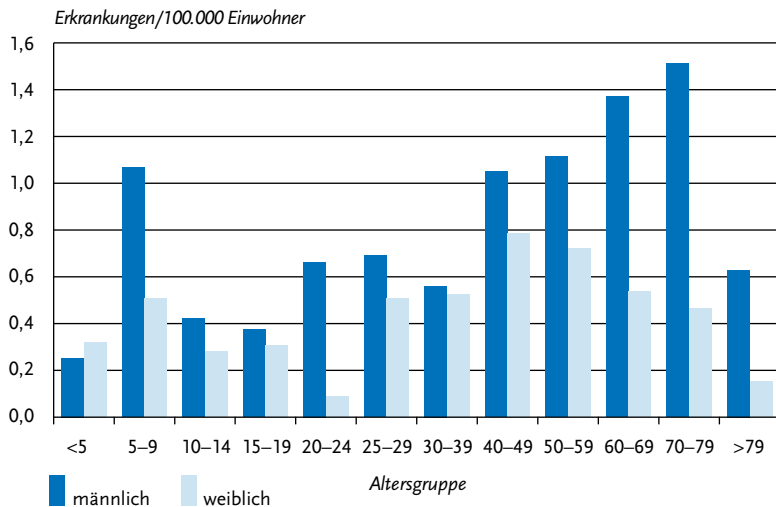


Abb. 6.17.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=582)



Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre (s. Abb. 6.17.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 40 bis 49 Jahre am höchsten (0,8 Erkr./100.000 Einw.).

Klinische Aspekte

Bei allen 583 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 34 der 53 (64%, Vorjahr 45%) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 23 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis und bei einer um eine Meningitis mit zusätzlicher Myelitis. Bei insgesamt 10 Kindern trat eine Enzephalitis auf, davon hatten 3 zusätzlich eine Meningitis und 2 eine zusätzliche Meningitis und Myelitis.

Von den 530 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 295 (56%; Vorjahr: 53%) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 175 Erkrankte (33%) eine isolierte Meningitis. Bei 5 Erkrankten trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 111 Erkrankten (21%) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 61 zusätzlich eine Meningitis, 4 Erkrankte zusätzlich eine Myelitis und 6 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Weitere 4 Erkrankte (0,8%) hatten eine isolierte Myelitis; somit wurde bei 19 Erkrankten (4%), die 15 Jahre oder älter waren, mit der Myelitis eine besonders schwere Manifestation der FSME angegeben.

Bei den 583 übermittelten Erkrankungen wurde bei 506 (87%) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS (329) wurde häufiger (306;93%) eine Hospitalisierung angegeben als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeinen Krankheitssymptome angegeben wurden (200/254;79%). Es wurden 3 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt im Alter von 54 bis 85 Jahren.

Impfstatus

Eine vollständige Grundimmunisierung zum Schutz vor einer FSME besteht aus insgesamt 3 Impfungen mit zeitlichen Abständen entsprechend der Impfschemata der Hersteller. Ein zeitlich begrenzter Schutz (ca. 5 bis 12 Monate) besteht für einen hohen Anteil der Impflinge bereits nach der 2. Impfdosis des aus 3 Impfdosen bestehenden Standardimpfschemas für die Grundimmunisierung.

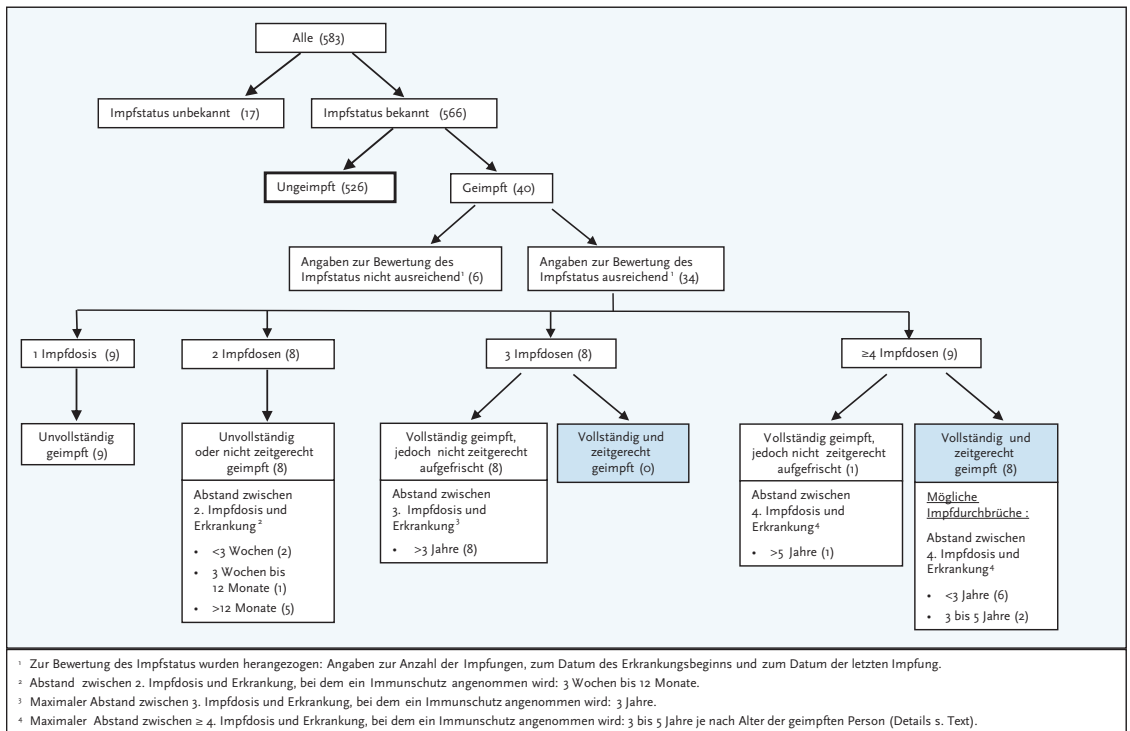
Nach der Grundimmunisierung ist für beide Impfstoffe die erste Auffrischimpfung nach 3 Jahren empfohlen, danach Auffrischimpfungen im Abstand von 5 Jahren (Alter < 50 Jahre (Impfstoff Encepur®) bzw. Alter < 60 Jahre (Impfstoff FSME-Immun®)) oder 3 Jahren (Alter 50 Jahre oder älter (Impfstoff Encepur®) bzw. 60 Jahre oder älter (Impfstoff FSME-Immun®)). Ein ausreichender, aber zeitlich begrenzter Immunschutz (s. o.) wird ab 3 Wochen nach Wachen nach Gabe von 2 Impfdosen angenommen.

Der Nachweis von IgM-Antikörpern zusammen mit länger anhaltenden IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labordiagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnose der Erkrankung daher in den Monaten nach einer Impfung statt, kann eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden. Zudem hat eine in Bayern durchgeführte Studie gezeigt, dass sich FSME-Diagnosen bei Personen mit vorausgegangenen Impfungen durch weitere Untersuchungen in einem spezialisierten Labor häufig nicht bestätigen lassen. Bei Auftreten einer Infektion trotz Impfung zeigt der Verlauf der FSME-spezifischen Antikörper ein charakteristisches Muster, das durch geeignete Diagnosemethoden untersucht werden kann. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels einer akuten und einer konvaleszenten Serumprobe durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

Von den 583 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 566 (97%) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 40 (7%) als geimpft und 526 (93%) als nicht geimpft übermittelt. Von den 40 geimpften Erkrankten lagen bei 34 (85%) die Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung (nur erforderlich wenn >1 Dosis) vollständig vor, sodass der Immunschutz bei insgesamt 560 (96%) Erkrankten bewertet werden konnte (526 Ungeimpfte und 34 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 34 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 26 (76%) als unzureichend geimpft eingestuft (9 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 8 mit 2 Impfdosen, 8 mit 3 Impfdosen und 1 mit 4 oder mehr Impfdosen). Die Impfungen waren unvollständig bzw. erfolg-

Abb. 6.17.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=583)



ten nicht zeitgerecht mit einem zu kurzen bzw. zu langen Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis (s. Abb. 6.17.4). Dabei erhielt ein Erkrankter erst nach Erkrankungsbeginn eine Impfdosis. Bei einem Erkrankten war der Abstand zwischen der 2. Impfdosis und dem Erkrankungsbeginn 3 Wochen bis 12 Monate; in diesem Zeitraum wird trotz noch nicht abgeschlossener Grundimmunisierung ein Immunschutz erwartet.

Die übrigen 8 (24%) Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Bei 6 davon lag die letzte Impfung <3 Jahre vor der Erkrankung, bei 2 (Alter <50 Jahre bzw. Alter <60 Jahre) 3–5 Jahre vor der Erkrankung. Von den 8 als Impfdurchbrüche eingestuft Erkrankten hatten 2 keine ZNS-Symptome, 2 eine isolierte Meningitis, einer eine isolierte Enzephalitis, 2 eine Meningitis mit Enzephalitis sowie einer eine Meningitis mit Enzephalitis und Myelitis.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 15% der als geimpft übermittelten Erkrankungen wichtige Angaben wie z. B. das Impfdatum, die Anzahl der Impfungen oder der Erkrankungsbeginn, ohne die der Impfstatus nicht beurteilt werden kann. Ferner fehlt bei 7% der 583 übermittelten Erkrankungen die Angabe des Landes bzw. des Landkreises, in dem die Infektion wahrscheinlich erworben worden ist, die für die Erstellung der jährlichen Karte der FSME-Risikogebiete unerlässlich ist.

Fazit

Im Jahr 2018 wurde die bislang größte Anzahl FSME-Erkrankungen übermittelt, bezogen auf den Datenzeitraum seit Beginn der Erfassung nach IfSG im Jahr 2001. Zuvor wurde im Jahr 2006 mit 546 Erkrankten die höchste Anzahl FSME-Erkrankungen übermittelt. Die Anzahl der

Erkrankungen unterliegt stärkeren Schwankungen und nahm 2018 im Vergleich zum Vorjahr um 20 % zu. Die Gründe sind vermutlich multifaktoriell: klimatische und ökologische Faktoren beeinflussen sowohl die Aktivität und den Lebenszyklus der Zecken als auch die Population der Wirtstiere. Das Freizeitverhalten der Menschen beeinflusst das Risiko, mit Zecken in Berührung zu kommen und wird ebenfalls von der Wetterlage sowie durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können die Erkrankungszahlen auch durch das Bewusstsein für die Krankheit sowie durch das Meldeverhalten beeinflusst sein.

Hervorzuheben bleibt, dass die Mehrzahl aller an FSME Erkrankten ungeimpft oder unvollständig geimpft war und mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

Literaturhinweise

- Hellenbrand W, Kreusch T, Böhmer MM, et al.: *Epidemiology of Tick-Borne Encephalitis (TBE) in Germany, 2001–2018*. Pathogens 2019. doi: 10.3390/pathogens8020042
- Riccardi N, Antonello RM, Luzzati R, Zajkowska J, Di Bella S, Giacobbe DR: *Tick-borne encephalitis in Europe: a brief update on epidemiology, diagnosis, prevention, and treatment*. Eur J Intern Med 2019. doi: 10.1016/j.ejim.2019.01.004
- Beauté J, Spiteri G, Warns-Petit E, Zeller H: *Tick-borne encephalitis in Europe, 2012 to 2016*. Euro Surveill 2018. doi 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.45.1800201
- Estrada-Pena A, de la Fuente J: *The ecology of ticks and epidemiology of tick-borne viral diseases*. Antiviral Res 2014; 108:104–128.
- Stiasny K, Holzmann H, Heinz FX: *Characteristics of antibody responses in tick-borne encephalitis vaccination breakthroughs*. Vaccine 2009; 27:7021–7026.
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2019)*. *Bewertung des örtlichen Erkrankungsrisikos*. Epid Bull 2019; 7:57–70.
- RKI: *Fünfjahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2018*. Epid Bull 2019; 7 (Anlage).
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.
- RKI: *Ergebnisse der bayerischen FSME-Studie 2007: Hohe diagnostische Sicherheit bei gemeldeten Fällen, aber zusätzliche Untersuchungen notwendig bei Patienten mit früherer FSME-Impfung*. Epid Bull 2011; 17:142–145.
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.18 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 3.411
- ▶ Seit 2011 tendenziell abnehmender Trend der Fallzahlen
- ▶ 55 % der Infektionen im Ausland erworben
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen, überwiegend männliche Personen betroffen
- ▶ 45 Ausbrüche mit 116 Erkrankungen, davon 2 Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem weltweit verbreiteten Dünndarmparasiten *Giardia lamblia* kann unauffällig verlaufen, aber auch zu lang andauernden und über Jahre wiederkehrenden Durchfällen und Oberbauchbeschwerden mit Gewichtsabnahme sowie ausgeprägtem Meteorismus führen. Im Meldesystem werden jedoch nur die akuten Infektionen erfasst. Der Parasit wird fäkal-oral durch direkten Kontakt, Nahrungsmittel oder Trinkwasser übertragen.

Falldefinition

Die Falldefinition für Giardiasis wurde 2015 angepasst. Seitdem erfüllt neben dem mikroskopischen Nachweis und Antigennachweis auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.18.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 3.411 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 66 (2 %) mehr als im Vorjahr. Die Gesamtinzidenz blieb nahezu unverändert mit 4,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gegenüber dem Vorjahr (4,0).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 2,2 Erkr./100.000 Einw. in Niedersachsen und 13,6 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.18.1). Über dem Niveau der bun-

Tab. 6.18.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

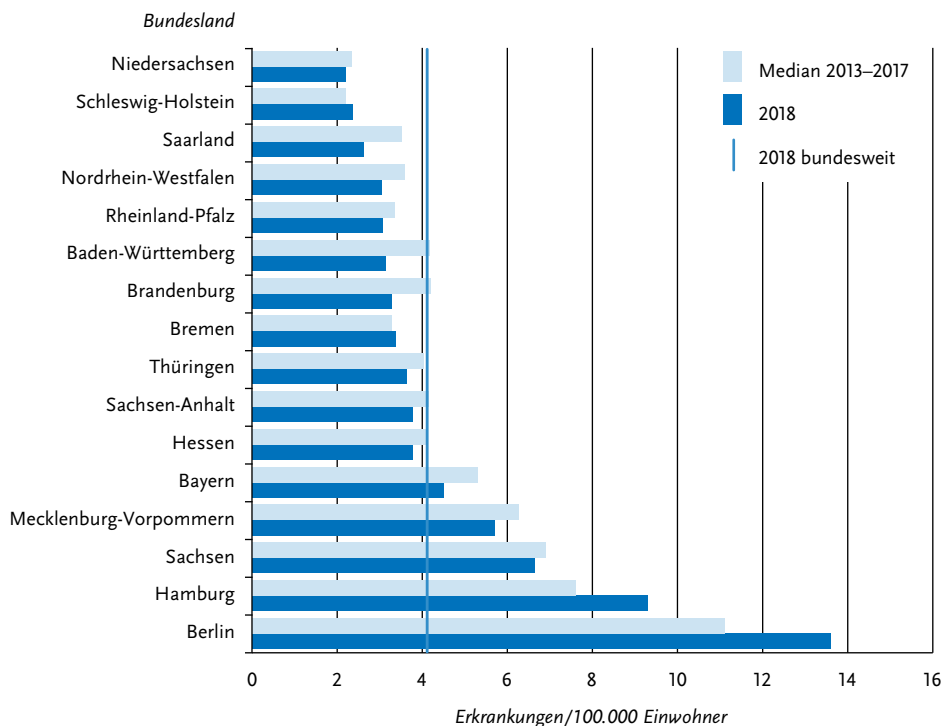
Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	9	0 %	11	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.336	78 %	3.400	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	261	6 %	237	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	697	16 %	632	15 %
alle	4.303	100 %	4.280	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.345	78 %	3.411	80 %

desweiten Inzidenz von 4,1 lagen außer Berlin auch Hamburg (9,3), Sachsen (6,6), Mecklenburg-Vorpommern (5,7) und Bayern (4,5).

Bei 2.332 Erkrankungen (68 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 2.429

Nennungen betrafen wie im Vorjahr 45 % Deutschland. Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden am häufigsten Indien (273 Nennungen, 11 %), Spanien (60), Thailand (49), Kolumbien (45), Italien (38) und Ägypten (36) genannt (s. Tab. 6.18.2).

Abb. 6.18.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=3.411) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.18.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2018 (Mehrfachnennungen möglich, 2.332 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.103	45 %
Indien	273	11 %
Spanien	60	2 %
Thailand	49	2 %
Kolumbien	45	2 %
Italien	38	2 %
Ägypten	36	1 %
Peru	29	1 %
Marokko	26	1 %
Mexiko	26	1 %
Andere	744	31 %
Summe	2.429	100 %

Demografische Verteilung

Mit 7,0 Erkr./100.000 Einw. trat die höchste altersspezifische Inzidenz bei jungen Erwachsenen (25 bis 29 Jahre) auf (s. Abb. 6.18.2). Ebenfalls besonders betroffen waren Kleinkinder; ein zweiter

Inzidenzgipfel war mit 6,5 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der Einjährigen zu verzeichnen. Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (4,8 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (3,4); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von 1 bis 2 Jahren und bei Erwachsenen im Alter von 30 bis 59 Jahren.

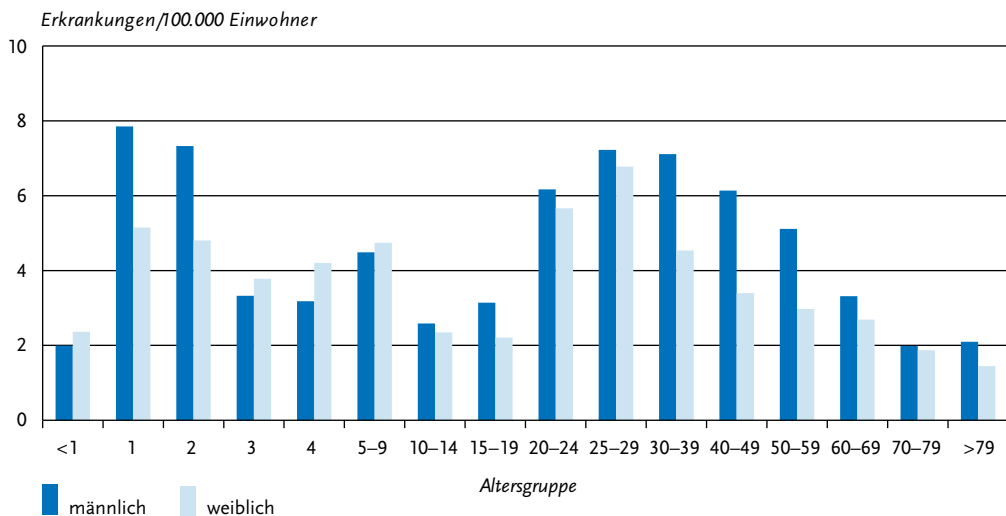
Ausbrüche

Wie im Vorjahr, wurden 2018 45 Ausbrüche übermittelt. Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 116 (2017: 101). Zwei Ausbrüche mit jeweils 5 Erkrankungen wurden 2018 übermittelt.

Datenqualität

Seit Einführung des IfSG ist bei allen labordiagnostisch bestätigten Giardiasis-Erkrankungen der Anteil der Fälle, die ausschließlich durch Mikroskopie diagnostiziert wurden, zu Gunsten der Anwendung von sensitiveren Antigentests zurückgegangen. Seit der Anpassung der Faldefinition 2015 werden außerdem Erkrankungen berücksichtigt, die mittels des sensitiven Nukleinsäurenachweises (z. B. PCR) diagnostiziert wurden. Es ist zu erwarten, dass diese Nachweismethode in den kommenden Jahren weiter an Bedeutung gewinnen wird. Im Jahr 2018 wurden folgende

Abb. 6.18.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=3.393)



Nachweismethoden angegeben: 63% ausschließlich Antigentest; 19% ausschließlich Mikroskopie; 9% ausschließlich PCR sowie 10% Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Fazit

Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen außerhalb Deutschlands. Dies spiegelt sich auch in der Altersverteilung der übermittelten Giardiasis-Erkrankungen wider. Kleinkinder haben ein erhöhtes Risiko der Aufnahme der Parasiten aus ihrer Lebensumwelt. Mikroskopie-unabhängige Verfahren haben mittlerweile bei der Diagnostik einen hohen Anteil.

Literaturhinweise

- ECDC (2018): *Giardiasis (lamblia) – Annual Epidemiological Report for 2016*. https://ecdc.europa.eu/sites/portal/files/documents/AER_for_2016-giardiasis-%28lamblia%29.pdf
- Gallas-Lindemann C, Sotiriadou I, Plutzer J, Karanis P: *Prevalence and distribution of Cryptosporidium and Giardia in wastewater and the surface, drinking and ground waters in the Lower Rhine, Germany*. *Epidemiol Infect* 2013; 141:9–21.
- Espelage W, An der Heiden M, Stark K, Alpers K: *Characteristics and risk factors for symptomatic Giardia lamblia infections in Germany*. *BMC Public Health* 2010; 10:41.

6.19 *Haemophilus influenzae*, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 851
- ▶ Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 59 Jahren
- ▶ Häufige Symptome sind Fieber (61%), Lungenentzündung (58%) und Sepsis (31%)
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Impfdurchbrüche gegen den impfpräventablen Kapseltyp b sehr selten

Kurzbeschreibung

Bakterien der Spezies *Haemophilus influenzae* verursachen insbesondere invasive Erkrankungen wie Blutvergiftungen und Entzündungen der Hirnhaut, der Lunge, des Kehlkopfdeckels, des Knochen- und Muskelgewebes. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen oder direkten Kontakt. *Haemophilus influenzae* können als bekapselte (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftreten. Da sich die Impfung nur gegen den Kapseltyp b (Hib) richtet, ist für die Einschätzung der Wirksamkeit der Impfung und möglicher Auswirkungen auf die Kapseltypenverteilung eine Typisierung notwendig. Anhand der Typisierung können bekapselte (»typisierbare«) von unbekapselten (»nicht typisierbare«) Stämmen unterschieden werden. Gegen den Kapseltyp b wird in Deutschland seit 1990 eine Standardimpfung im Säuglings- und Kleinkindalter empfohlen.

Falldefinition

Im Rahmen des IfSG sind nur die invasiven Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Rückenmarksflüssigkeit (Liquor) diagnostiziert werden. Neben der Falldefinitions-kategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-laboriagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren laboriagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falld-

Tab. 6.19.1:

Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	679	83%	714	84%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	58	7%	39	5%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	77	9%	98	12%
alle	815	100%	851	100%
Referenzdefinition (B+C+D+E)	811*	100%	851	100%

* 4 Fälle wurden gemäß einer Falldefinitionsversion übermittelt, die vor 2015 gültig war.

finitionskategorien D und E). Für das Jahr 2018 wurden 851 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefinitionskategorie C (84%) übermittelt, deren Anteil im Vergleich zum Vorjahr konstant blieb (2017: 83%) (s. Tab. 6.19.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurde mit 851 übermittelten invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen die Vorjahreszahl erneut übertroffen und der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen be-

stätigt. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um nahezu 5% gestiegen. Die Fallzahlen zeigten wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit den höchsten im I. Quartal und den niedrigsten Fallzahlen im III. Quartal (s. Abb. 6.19.1).

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,4 und 1,4 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 1,0 (Median der Vorjahre: 0,7). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Außer in Hamburg lag die

Abb. 6.19.1:

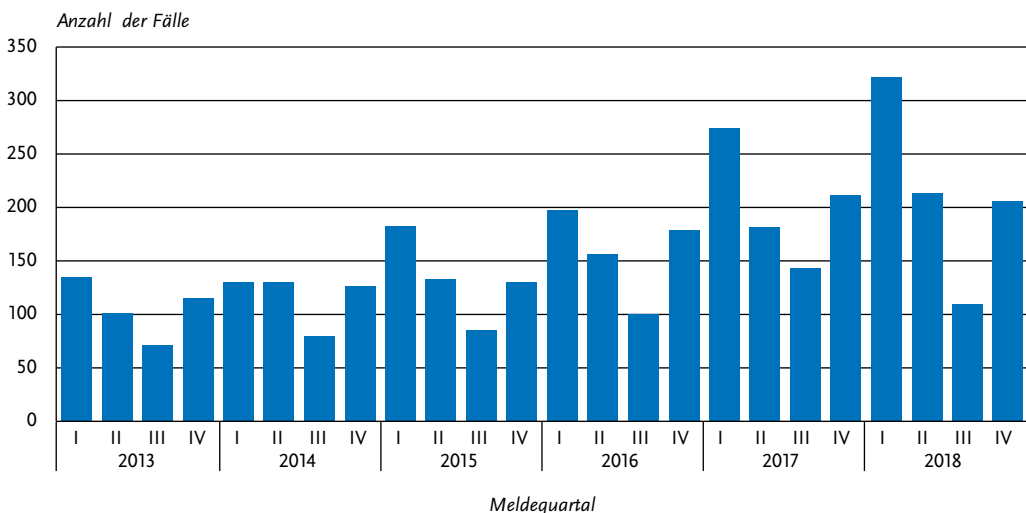
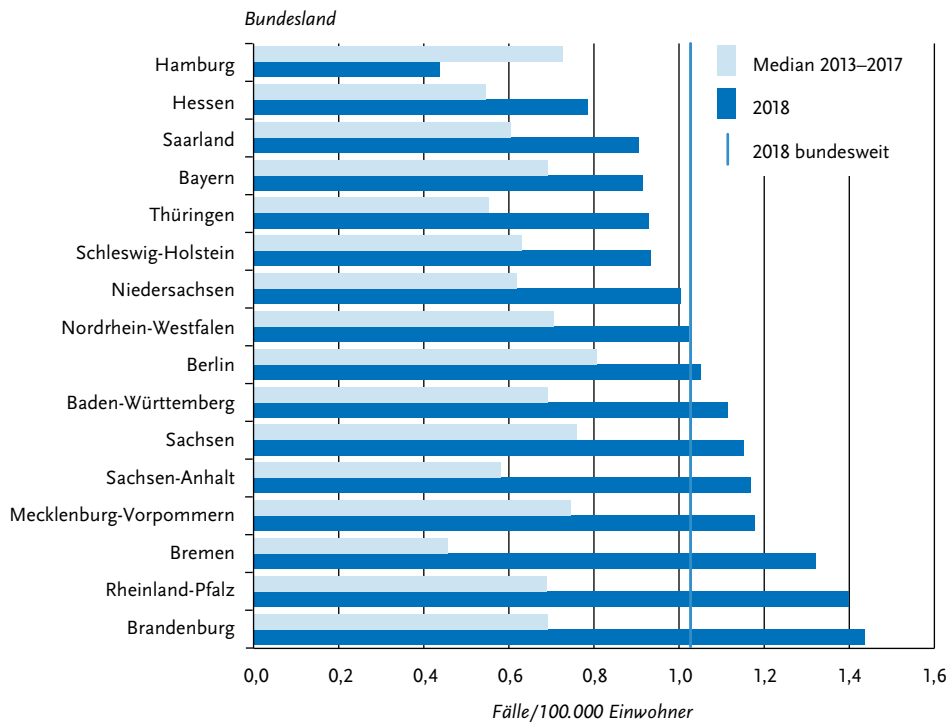
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018

Abb. 6.19.2:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=851)
im Vergleich mit den Vorjahren



Inzidenz in allen Bundesländern höher als im Median der Vorjahre. In Bremen, Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt wurden, verglichen mit den Jahren zuvor, im Jahr 2018 mindestens doppelt so hohe Inzidenzen beobachtet (s. Abb. 6.19.2). Für 415 Fälle (49%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 99% der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem Säuglinge und Kleinkinder unter 5 Jahren und ältere Menschen über 59 Jahre (s. Abb. 6.19.3). Etwa 5% (n=40) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, mehr als drei Viertel (76%; n=646) der Fälle sind bei Erwachsenen über 59 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den alten Menschen deutlich zu und stieg von 1,2 Fäl-

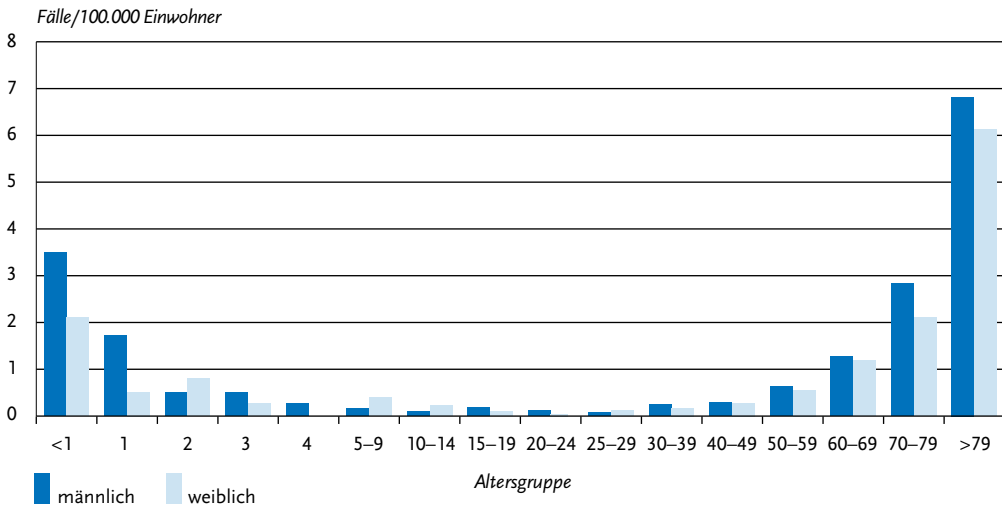
len/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 2,5 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 6,4 bei den über 79-Jährigen an. Die Gesamtinzidenz bei den über 69-Jährigen stieg von 0,3 Erkrankungen/100.000 Einw. in 2007 auf 4,0 Fälle/100.000 Einw. 2018 an und erhöhte sich damit um das 13-fache. Dagegen stieg die Inzidenz bei unter 5-Jährigen im Verhältnis nur moderat um den Faktor 2 (2007: 0,5; 2018: 1,0).

Obwohl das Geschlechterverhältnis generell ausgewogen war (Inzidenz Männer 0,99 und Frauen 1,06), fällt insbesondere bei Jungen im Alter von 0 bis 1 Jahren und Männern im Alter von 70 Jahren und älter eine höhere Inzidenz als bei Mädchen und Frauen auf (s. Abb. 6.19.3).

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung blieb zum Vorjahr konstant. Für das Jahr 2018 lag bei 67% (n=573) der Fälle ein Hinweis auf

Abb. 6.19.3:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=847)



eine durchgeführte Typisierung vor, davon wurde jedoch bei 89 Fällen (16 %) das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert. Bei 484 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 344-mal (71 %) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 55 Fällen (11 %) handelte es sich um den Typ f, 36-mal (7,4 %) wurde der impfpräventable Typ b angegeben, in 25 Fällen (5,2 %) der Typ non-b, 16-mal (3,3 %) der Typ e und 8-mal (1,7 %) der Typ a.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 712 (84 %) Infektionen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren (bei Mehrfachnennung) Fieber in 436 Fällen (61 %), Lungenentzündung in 414 Fällen (58 %) und ein septisches Krankheitsbild in 218 Fällen (31 %). Daneben traten 125-mal (18 %) Nackensteifigkeit, Erbrechen oder veränderte Bewusstseinslage auf.

Es wurden 35 Todesfälle (4,1 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Ein Todesfall betraf ein Frühgeborenes, das aufgrund eines NTHi-bedingten Amnioninfektionssyndrom an einer Sepsis verstarb. Die übrigen

verstorbenen Fälle waren zwischen 48 bis 95 Jahre alt; das mediane Alter betrug 84,5 Jahre.

Impfstatus

Die Impfung gegen den Kapseltyp b ist bereits im ersten Lebensjahr allgemein empfohlen: In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff (monovalenter Impfstoff bzw. Kombinationsimpfstoff) gehören 2 (oder 3) Impfstoffdosen im Alter von 2, (3) und 4 Monaten sowie eine Boosterdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zur Grundimmunisierung. Für Patienten mit einer funktionellen oder anatomischen Asplenie ist eine Hib-Impfstoffdosis empfohlen.

Für die Auswertung des Impfstatus werden mit der Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Art und dem Datum der letzten Impfung Angaben benötigt, die zuverlässig nur einer Arztdokumentation wie z. B. dem Impfpass des Patienten zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die 71 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 28 Jahren beschränkt.

Von den 71 Personen in dieser Altersgruppe waren 25 geimpft und 32 ungeimpft; bei 14 Fällen lagen keine Angaben zum Impfstatus vor. Von den 25 Geimpften lagen für 16 ausreichende Angaben zur Auswertung vor: 9 von ihnen waren vollständig geimpft. Für 6 der 9 vollständig geimpften Personen lagen Informationen zum Kapseltyp vor. Einmal handelte es sich dabei um den Kapseltyp b und damit um einen wahrscheinlichen Impfdurchbruch. In diesem Fall handelte es sich um einen 8 Jahre alten Jungen mit Fieber und Hirndruckzeichen (Kopfschmerzen und Nackensteifigkeit). Bei den anderen 5 Fällen handelte es sich in 4 Fällen um nicht typisierbare Isolate (NTHi) und einmal um den Kapseltyp nonB.

Datenqualität

Die Vollständigkeit und Korrektheit der Angaben zum Impfstatus bei Kindern und Jugendlichen haben sich etwas verbessert. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfpflicht betroffenen kindlichen Altersgruppen, wird aber weiterhin zu wenig durchgeführt oder die Ergebnisse werden nicht immer übermittelt. Da die Impfung nur gegen den Typ b schützt, können Impfdurchbrüche nur anhand vollständiger Angaben zum Impfstatus und Kapseltyp erkannt werden. Außerdem wird nur mithilfe von Typisierungsergebnissen sichtbar, ob es zu einer Veränderung im Auftreten von Kapseltypen kommt. Bei Meldungen des Nachweises von *Haemophilus influenzae* aus Laboren sollten Gesundheitsämter immer eine Stammeinsendung an das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* zur kostenfreien Typisierung erbitten.

Fazit

Invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen gehören weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl in den letzten Jahren kontinuierlich angestiegen ist. Der in den Vorjahren beobachtete Anstieg der Fallzahlen bei den über 69-Jährigen ist 2018 weniger ausgeprägt (Anstieg von 4,2 % gegenüber 36 % im Jahr 2017). Da bisher weiterhin noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht wurde, lässt sich derzeit nicht feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. Da Kinder und Jugendliche

nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben den Schluss auf einen wirksamen Schutz durch die für alle Säuglinge und Kleinkinder empfohlene Hib-Impfung zu.

Literaturhinweise

- Whittaker R, Economopoulou A, Dias J, et al.: *Epidemiology of Invasive Haemophilus influenzae Disease, Europe, 2007–2014*. Emerg Infect Dis 2017. doi: 10.3201/eid2303.161552
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. Epid Bull 2019; 18:147–153.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Invasive Haemophilus-influenzae-Infektionen in Deutschland*. Epid Bull 2011; 14:105–108.

6.20 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 235 (Vorjahr: 1,731)
- ▶ Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch
- ▶ Die meisten Infektionen in Deutschland erworben

Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die zur Familie der *Bunyaviridae* gehören. Die Viren lassen sich 2 Gruppen zuordnen, der Hantaan-Gruppe und der Puumala-Gruppe. Zur Hantaan-Gruppe gehören unter anderem das Hantaan-Virus und das Dobrava-Virus und zur Puumala-Gruppe unter anderem das Puumala-Virus. Die Viren werden von infizierten Nagetieren über Speichel, Urin und Kot ausgeschieden. In Deutschland sind dies v. a. für Puumala-Infektionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole, durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.723	95%	235	94%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	15	1%	3	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	61	3%	12	5%
alle	1.807	100%	250	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.731	96%	235	94%

verschieden schweren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden, fieberhaften Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.20.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 235 Erkrankungen (0,3 pro 100.000 Einwohner) übermittelt. Dies entspricht nach 2013 (n=161) und 2009 (n=181) dem dritt nied-

rigsten Wert der letzten 10 Jahre. Im IV. Quartal 2018 war ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten, was auf ein bevorstehendes Ausbruchsjahr hindeutet (s. Abb. 6.20.1).

Die Dichte der Nagetierpopulationen, die das Reservoir für Hantaviren bilden, ist erheblichen jährlichen Schwankungen unterworfen. Eine Zunahme der Populationsdichte tritt in mehrjährigen Zyklen auf und wird u. a. durch klimatische Faktoren sowie das Nahrungsangebot (Buchenmast im jeweiligen Vorjahr) beeinflusst.

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018

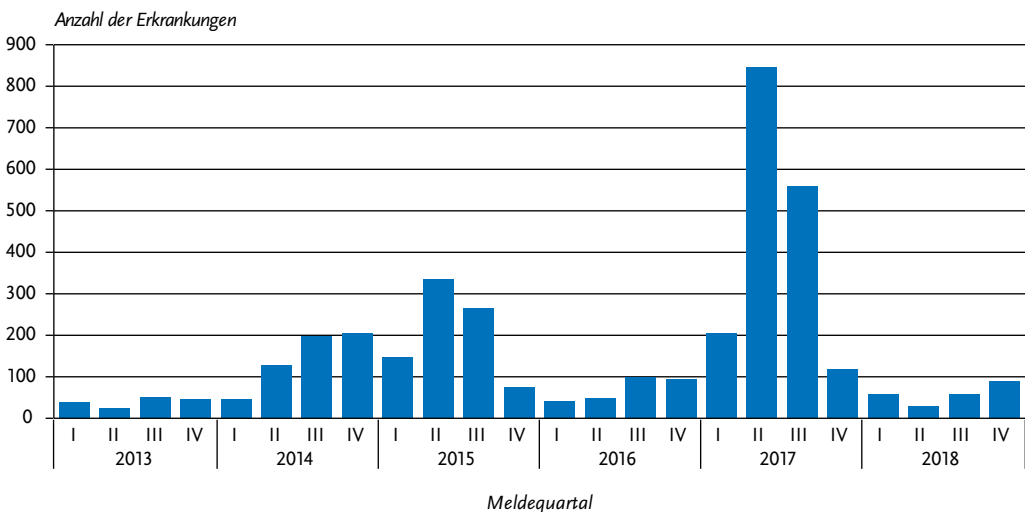
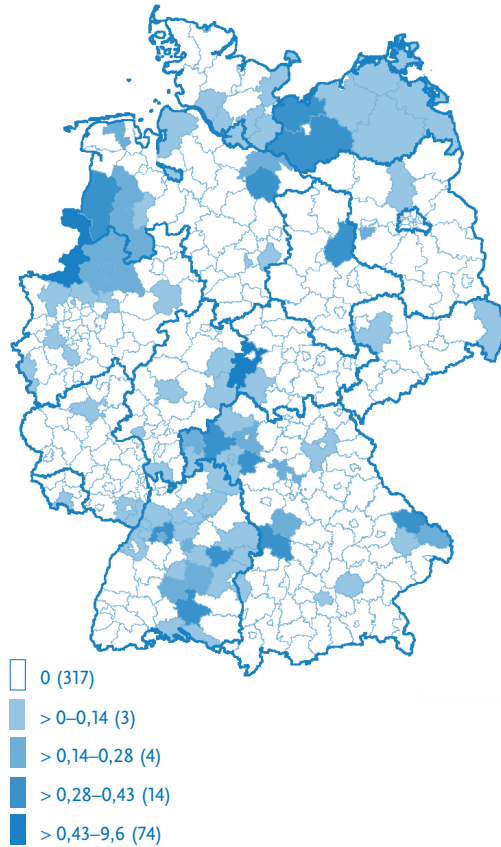


Abb. 6.20.2:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000
Einwohner nach Kreis, Deutschland 2018 (n=235)



Verbreitung infizierter Reservoirtiere bestimmt. Im Jahr 2018 wurde unter allen Bundesländern die höchste Inzidenz in Mecklenburg-Vorpommern beobachtet (0,9 Erkr./100,000 Einwohner), danach folgten Thüringen, Baden-Württemberg, Niedersachsen (jeweils 0,6) und Schleswig-Holstein (0,3). In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert von 0,3 Erkr./100.000 Einwohner (s. Abb. 6.20.2).

Bei 196 Erkrankungen (83%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 200 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 193 (96%) auf Deutschland. Weitere sieben europäische sowie nicht-europäische Länder wurden je einmal genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen am höchsten (0,5 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung selten (1,7% der Erkrankungen, Inzidenz: 0,04). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (68%); die höchste Inzidenz (0,7) wurde für die 25- bis 39-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.20.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 144 Erkrankungen wurden Angaben zur Virus-Spezies gemacht, bei 124 Erkrankungen (86%) wurde das Puumala-Virus und bei 17 Erkrankungen (12%) das Dobrava-Virus angegeben. Für 91 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virus-Spezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Ein großer Anteil (71%) der Dobrava-Virus-Infektionen wurde aus den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein und Niedersachsen übermittelt. Puumala-Virus-Infektionen wurden dagegen überwiegend aus Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Bayern übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 170 Erkrankten (72%) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurden keine Todesfälle im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

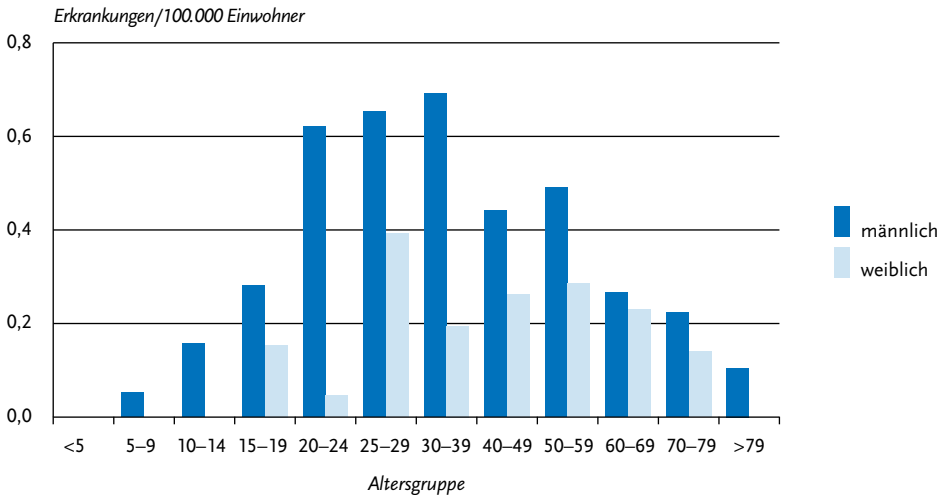
Datenqualität

Bei den Angaben zur Virusspezies ist zu berücksichtigen, dass serologisch eine starke Kreuzreaktivität zwischen den einzelnen Spezies besteht. Die hier präsentierten Daten können nur einen ungefähren Anhalt für die Verteilung der Virustypen unter den übermittelten Fällen geben.

Fazit

Nach einer schwachen Buchenmast im Jahr 2017 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumalavirus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2018 sehr niedrig. Folglich trat das überwiegend in den nördlichen und östlichen Bundesländern auftretende Dobrava-Virus (bei gleichbleibend sehr niedriger Gesamtinzidenz) stärker in den Vordergrund.

Abb. 6.20.3:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=235)



Literaturhinweise

- Cunze S, Kochmann J, Kuhn T, Frank R, Dörge DD, Klimpel S: *Spatial and temporal patterns of human Puumala virus (PUUV) infections in Germany*. Peer J 2018; doi: 10.7717/peerj.4255
- Witkowski PT, Perley CC, Brocato RL, et al.: *Gastrointestinal tract as entry route for hantavirus infection*. Front Microbiol 2017; doi: 10.3389/fmicb.2017.01721
- Roda G, Schumann B, Seidler A: *Climate Variability and the Occurrence of Human Puumala Hantavirus Infections in Europe: A Systematic Review*. Zoonoses Public Health 2015; 62:465-478.
- Latus J, Schwab M, Tacconelli E, et al.: *Clinical course and long-term outcome of hantavirus-associated nephropathy epidemica, Germany*. Emerg Infect Dis 2015; doi: 10.3201/eid2101.140861
- Krüger DH, Ulrich RG, Hofmann J: *Hantaviruses as zoonotic pathogens in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2013; 110:461-467.
- Hofmann J, Krüger DH, Loyer M: *Hantavirus-Infektionen in Deutschland – ein Rückblick auf das Ausbruchsjahr 2017*. Epid Bull 2018; 15:143-146.
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.21 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **1.043**
- ▶ Leichte Abnahme der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz bei Männern im Alter von 25 und 29 Jahren
- ▶ 2 bundeslandübergreifende lebensmittelbedingte Ausbrüche
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-A-Virus verursacht eine akute Leberentzündung mit den klinischen Zeichen einer Gelbsucht. Das Virus wird mit dem Stuhl ausgeschieden und durch direkten Kontakt, verunreinigte Nahrungsmittel oder verunreinigtes Trinkwasser übertragen. In Ländern mit niedrigem Hygienestandard ist die Durchseuchung schon im Kindesalter sehr hoch. Nach einer Infektion verbleibt eine lebenslange Immunität. In Europa kam es in den letzten Jahrzehnten zu einem kontinuierlichen Rückgang der Infektionshäufigkeit, sodass hier immer weniger Jugendliche und Er-

Tab. 6.21.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	7	0%	8	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.227	75%	1.035	70%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	157	10%	206	14%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	254	15%	236	16%
alle	1.645	100%	1.485	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.234	75%	1.043	70%

wachsene eine Immunität besitzen. Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.21.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 1.043 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 191 (15%) weniger als im Vorjahr und die zweithöchste Anzahl seit 2009. Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 1,5 auf 1,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gesunken (s. Abb. 6.21.1).

Die Erkrankungszahlen zeigten im Jahr 2018 wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit einem Anstieg in den Monaten September bis November. Dieser Anstieg spiegelt – verzögert durch die bis zu 50 Tage lange Inkubationszeit – die vermehrte Reiseaktivität und das damit verbundene erhöhte Infektionsrisiko in den Sommer- und Herbstmonaten wider (s. Abb. 6.21.2). Im Jahr 2018 trug auch ein internationales Ausbruchsgeschehen zu den erhöhten Erkrankungszahlen in den Herbstmonaten bei.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz lag in den Bundesländern Berlin, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Mecklenburg-Vor-

Abb. 6.21.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

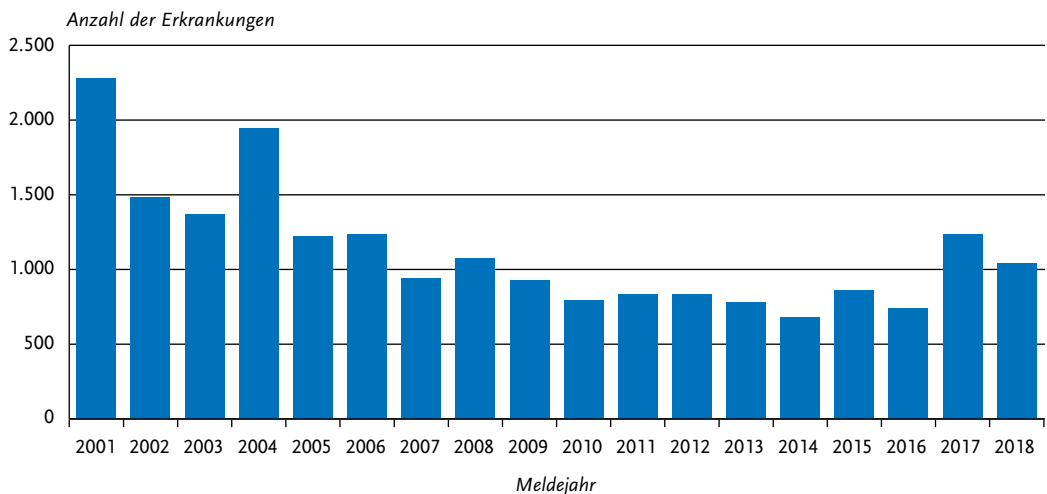
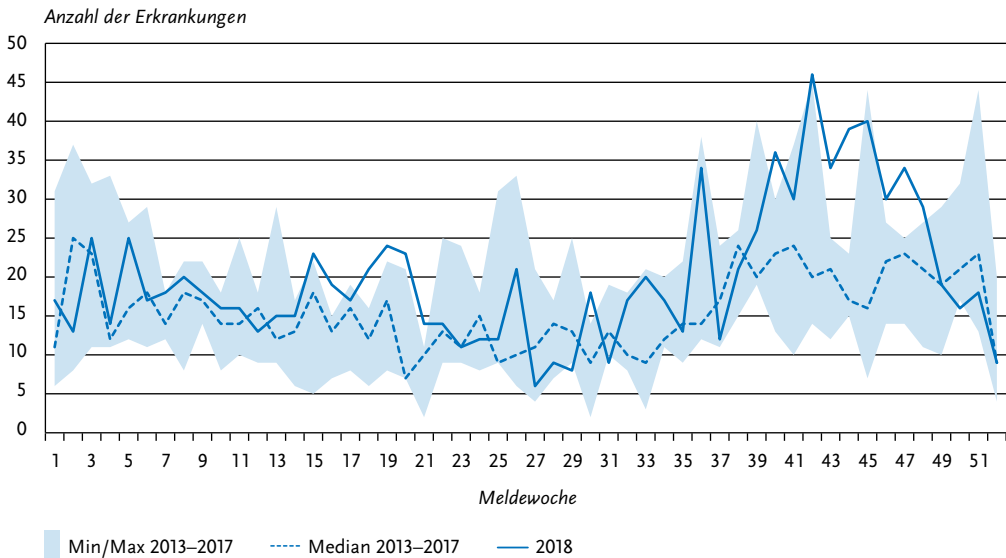


Abb. 6.21.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 (n=1.043) im Vergleich mit den Vorjahren



pommern, Brandenburg, dem Saarland, Hamburg und Schleswig-Holstein über der bundesweiten Inzidenz. Ein nennenswerter Rückgang der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahreswerten war lediglich in Hamburg (Rückgang um 12 %) zu beobachten. Größere Anstiege im Vergleich zu den Vorjahren wurden in Mecklenburg-Vorpommern (Anstieg um 127 %), Hessen (84 %), Schleswig-Holstein (73 %), Brandenburg (67 %), Berlin (60 %), Nordrhein-Westfalen (55 %), Sachsen (34 %), Rheinland-Pfalz (32 %), dem Saarland (27 %) und Thüringen (23 %) beobachtet (s. Abb. 6.21.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden bei 756 Erkrankungen (72 %) übermittelt. Von den 815 Nennungen zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen waren möglich) entfielen 494 (61 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.21.2). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Marokko (47 Nennungen), Ägypten (23) und Spanien (21), gefolgt von Rumänien (17), Italien (16), Indien und der Türkei (je 14), Pakistan (12), sowie Griechenland und Afghanistan (je 11).

Demografische Verteilung

Männer (Inzidenz von 1,4 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger von Hepatitis-A-Erkrankungen betroffen als Frauen (Inzidenz 1,1 Erkr./100.000 Einw.).

Bei Frauen war die Altersverteilung bimodal mit den höchsten altersspezifischen Inzidenzen in den Altersgruppen der 5- bis 24-Jährigen und >79-Jährigen (jeweils mit Inzidenzen von 1,4 Erkr./Einw.). Bei Männern war die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen am stärksten betroffen (2,1 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.21.4). Es ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken.

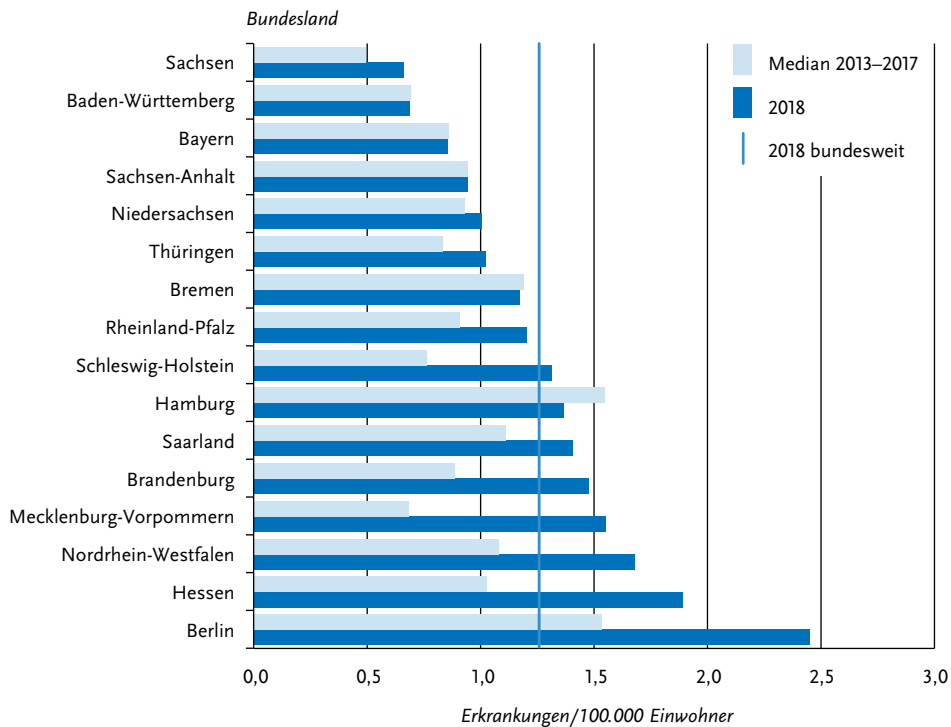
Klinische Aspekte

Im Jahr 2018 wurden 6 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 3 Frauen und 3 Männer im Alter von 50 bis 93 Jahren.

Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen

Abb. 6.21.3: Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=1.043) im Vergleich mit den Vorjahren



Hepatitis A und Hepatitis B bzw. Hepatitis A und Typhus zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff gehören eine bzw. 2 oder 3 Dosen zu einer vollständigen Grundimmunisierung. Nach der ersten Impfdosis mit monovalentem Impfstoff sind bei mindestens 95% der Geimpften entsprechende Antikörper nachweisbar. Schützende Antikörper entstehen bei den meisten Geimpften 12 bis 15 Tage nach der ersten Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz nach einer Exposition sinnvoll sein.

Bei 877 (84%) der 1.043 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.21.5). Von diesen wurden 810 (92%) als ungeimpft übermittelt. Bei 67 (7,6%) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 46 (69%) dieser Erkrankten

lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 37 Erkrankte unvollständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Sechs Patienten, die eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten zwischen 35 Tage bis 8 Jahre nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen 6 Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch. Drei weitere Erkrankte erhielten ihre letzte Impfdosis mehr als 10 Jahre vor Erkrankungsbeginn. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischimpfung nach z. B. 10 Jahren notwendig ist. Aufgrund mathematischer Modellierung ist aber davon auszugehen, dass schützende Antikörper für mindestens 25 Jahre nach erfolgter Grundimmunisierung persistieren.

Tab. 6.21.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2018 (Mehrfachnennungen möglich, 756 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	494	61%
Marokko	47	6%
Ägypten	23	3%
Spanien	21	3%
Rumänien	17	2%
Italien	16	2%
Indien	14	2%
Türkei	14	2%
Pakistan	12	1%
Griechenland	11	1%
Afghanistan	11	1%
Andere	135	17%
Summe	815	100%

Ausbrüche

Es wurden 46 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 15 % weniger als im Vorjahr; 9 davon betrafen 5 oder mehr Erkrankte. Die Ge-

samtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 185; 29 Erkrankungen waren mit einem internationalen Hepatitis-A-Ausbruch durch Verzehr von Erdbeerprodukten assoziiert und 23 Erkrankungen traten im Zusammenhang mit Reisen nach Marokko oder dem Verzehr von aus Marokko mitgebrachten Datteln auf.

Datenqualität

Die Informationen zur Anzahl der Impfungen sowie Art und Datum der letzten Impfung sind häufig unvollständig. Die Qualität der erhobenen Impfangaben wurde bisher nicht systematisch überprüft.

Fazit

Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft. Ein großer Anteil der Infektionen hätte durch eine zeitgerechte Impfung gemäß bestehender Impfpfehlungen vermieden werden können, insbesondere durch Impfungen vor Auslandsreisen in Regionen mit hoher Hepatitis-A-Inzidenz und Impfungen für Männer, die Sex mit Männern haben. 2018 gab es 2 größere lebensmittelbedingte Ausbrüche. Vehikel waren Datteln aus Marokko und importierte Tiefkühlerdbeeren.

Abb. 6.21.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=1,039)

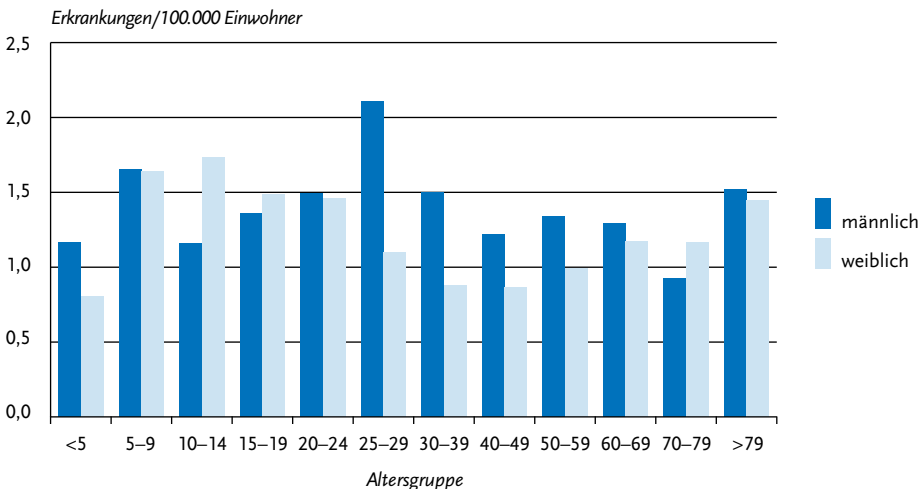
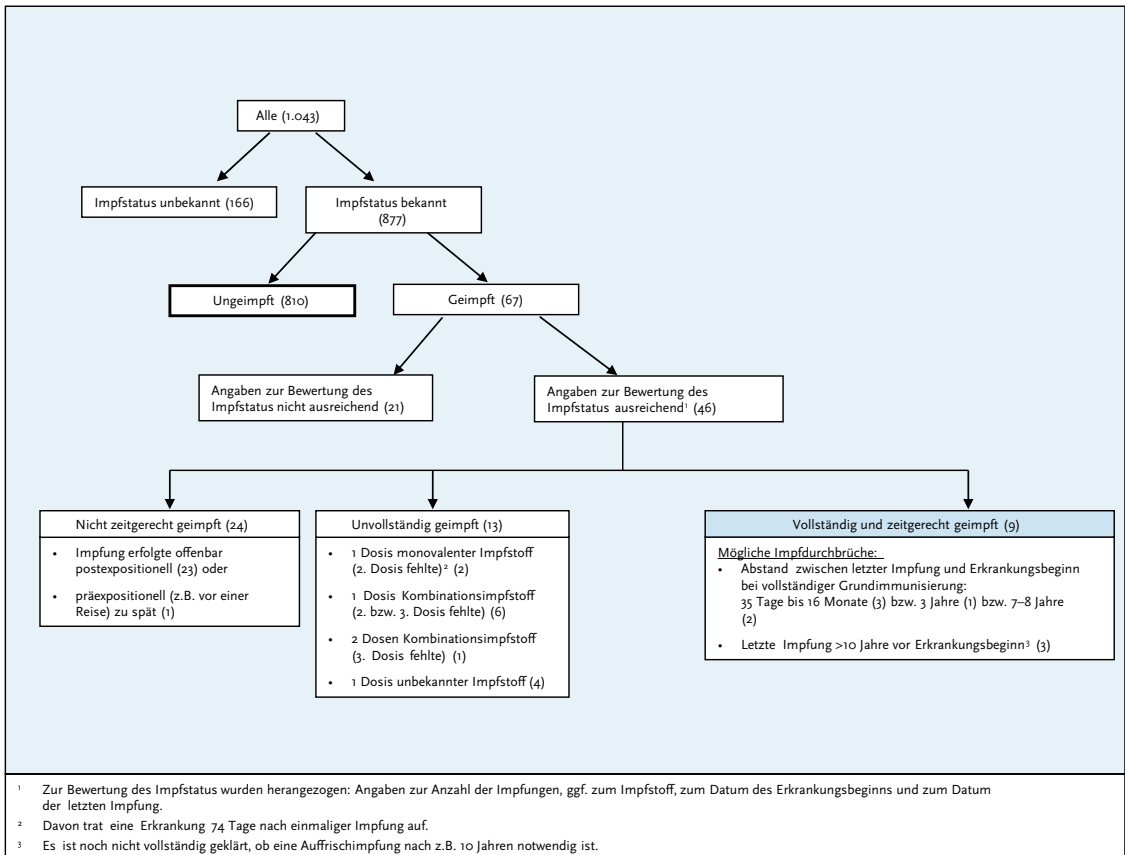


Abb. 6.21.5:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=1.043)



Literaturhinweise

- Gassowski M, Michaelis K, Wenzel JJ, et al.: *Two concurrent outbreaks of hepatitis A highlight the risk of infection for non-immune travellers to Morocco, January to June 2018*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.27.1800329
- Michaelis K, Poethko-Müller C, Kuhnert R, Stark K, Faber M: *Hepatitis A virus infections, immunisations and demographic determinants in children and adolescents, Germany*. Sci Rep 2018; 8:16696.
- Enkirch T, Eriksson R, Persson S, et al.: *Hepatitis A outbreak linked to imported frozen strawberries by sequencing, Sweden and Austria, June to September 2018*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.41.1800528
- Ndumbi P, Freidl GS, Williams CJ, et al.: *Hepatitis A outbreak disproportionately affecting men who have sex with men (MSM) in the European Union and European Economic Area, June 2016 to May 2017*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.33.1700641

- Carrillo-Santistevé P, Tavoschi L, Severi E, et al.: *Seroprevalence and susceptibility to hepatitis A in the European Union and European Economic Area: a systematic review*. Lancet Infect Dis; 17. doi: 10.1016/S1473-3099(17)30392-4
- Jacob L, Kostec K: *Compliance with vaccination against hepatitis A virus in Germany: A retrospective analysis*. Int J Clin Pharmacol Ther 2017; 55:740–745.
- Werber D, Michaelis K, Hausner M, et al.: *Ongoing outbreaks of hepatitis A among men who have sex with men (MSM), Berlin, November 2016 to January 2017 – linked to other German cities and European countries*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.5.30457
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.
- RKI: *Gehäuftes Auftreten von Hepatitis-A-Erkrankungen bei Männern, die Sex mit Männern haben*. Epid Bull 2017; 2:28.
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.22 Hepatitis B



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 4.507
- ▶ Zunahme seit dem Jahr 2015 wegen Änderung der Referenzdefinition, vermehrter Testung von Asylsuchenden und IfSG-Änderung 2017
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen – insbesondere Männern – in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Kurzbeschreibung

Hepatitis B ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-B-Viren ausgelöste Leberentzündung, die vorwiegend sexuell und durch Kontakt mit kontaminiertem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten übertragen wird. Bei Erwachsenen heilt sie meistens aus, kann aber in ca. 5 bis 10 % der Fälle chronisch verlaufen und in eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom übergehen. Es gibt eine wirksame Schutzimpfung.

Falldefinition

Die Falldefinition wurde im Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nicht nur klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch laboridiagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition erfüllen

(Tab. 6.22.1). Außerdem erfüllt nur noch der direkte Hepatitis-B-Virus-Nachweis die Kriterien für einen laboridiagnostischen Nachweis. Mit Einführung der neuen Falldefinition stieg die Zahl der veröffentlichten Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Falldefinition seit 2015.

Im Juli 2017 trat eine IfSG-Änderung in Kraft. Seit dem ist jeder Nachweis von Hepatitis-B-Virus meldepflichtig, nicht mehr nur die Nachweise, die auf eine akute Infektion hinweisen. Dadurch werden alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen erfasst.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden insgesamt 4.507 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 5,4 gemeldeten Infektionen pro 100.000 Einwohner und stellt somit einen Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (2017: 4,3/100.000 Einwohner) dar. Der größte Anteil der Infektionen (70 %), ähnlich wie im Vorjahr (64 %), wurde in der Falldefinitions-kategorie E (laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild) übermittelt. Die Anzahl der Infektionen in der Kategorie C (klinisch-laboridiagnostisch) und D (laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild) blieb im Vergleich zum Vorjahr ähnlich (s. Tab. 6.22.1).

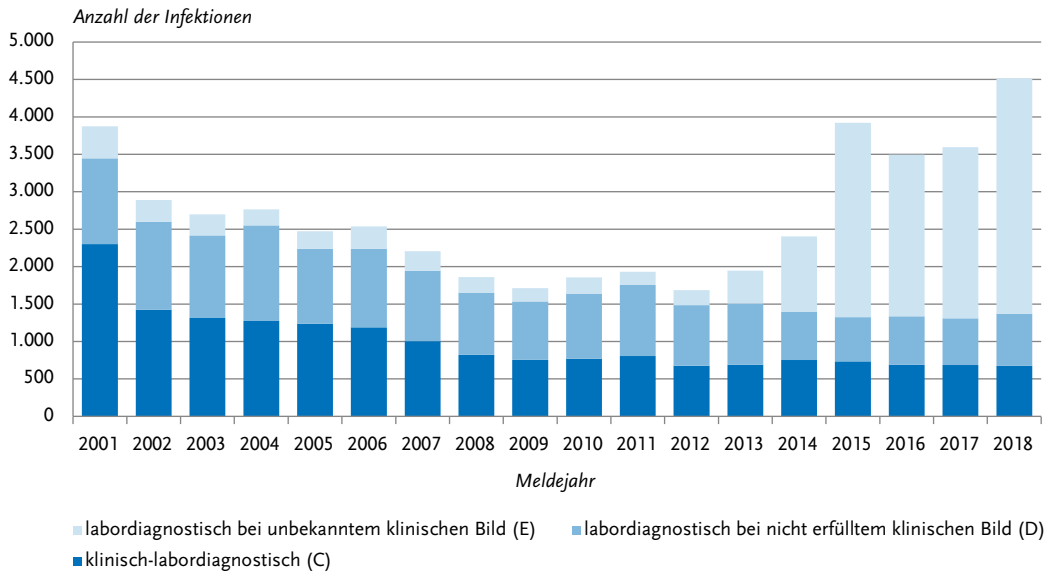
Insgesamt wurde zwischen den Jahren 2001 und 2009 ein Rückgang der übermittelten Hepatitis-B-Infektionen beobachtet. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen zwischen den Jahren 2009 und 2014. Seit 2015 haben die Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.22.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach

Tab. 6.22.1: Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-laboridiagnostisch (C)	685	19%	675	15%
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	624	17%	698	15%
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.287	64%	3.143	70%
alle	3.596	100%	4.516	100%
Referenzdefinition (C+D+E)*	3.556	99%	4.507	100%

* Seit 2015 geänderte Falldefinition: die Falldefinitionskategorien C, D und E erfüllen die Referenzdefinition, zudem wurden die Kriterien zum laboridiagnostischen Nachweis geändert (siehe Jahrbuch 2016).

Abb. 6.22.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Falldefinitions-kategorie, Deutschland, 2001 bis 2018



Falldefinitions-kategorie zeigt, dass klinisch-labor-diagnostisch (C) und laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D) übermittelte Infektionen von 2001 bis 2018 stark zurückgegangen und seit 2014 im gleichem Bereich geblieben sind. Bis 2014 machten die übermittelten Infektionen nach Falldefinitions-kategorie C und D den größten Anteil an übermittelten Infektionen aus. Seit 2015 werden die meisten Fälle in der Falldefinitions-kategorie E (laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild) übermittelt.

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen zwischen 1,0 Infektionen pro 100.000 Einwohner in Thüringen und 10,0 in Bayern. Verglichen mit dem Median der Vorjahre ist die Inzidenz in 10 Bundesländern gestiegen (s. Abb. 6.22.2). Besonders stark war der Anstieg in Rheinland-Pfalz (von 2,7 auf 9,0), Baden-Württemberg (von 3,1 auf 7,2), Bremen (von 1,8 auf 4,9), Schleswig-Holstein (von 3,6 auf 4,8) und Bayern (von 7,3 auf 10,0). Gesunken ist die Inzidenz 2018 im Vergleich zum Median der Vorjahre in Berlin (von 6,8 auf 5,8) Sachsen (von 6,8 auf 5,7), Hamburg (von 5,1 auf 3,7), Mecklenburg-Vorpommern (von 2,2 auf 1,4),

Sachsen-Anhalt (von 3,2 auf 2,5) und dem Saarland (von 3,0 auf 2,9).

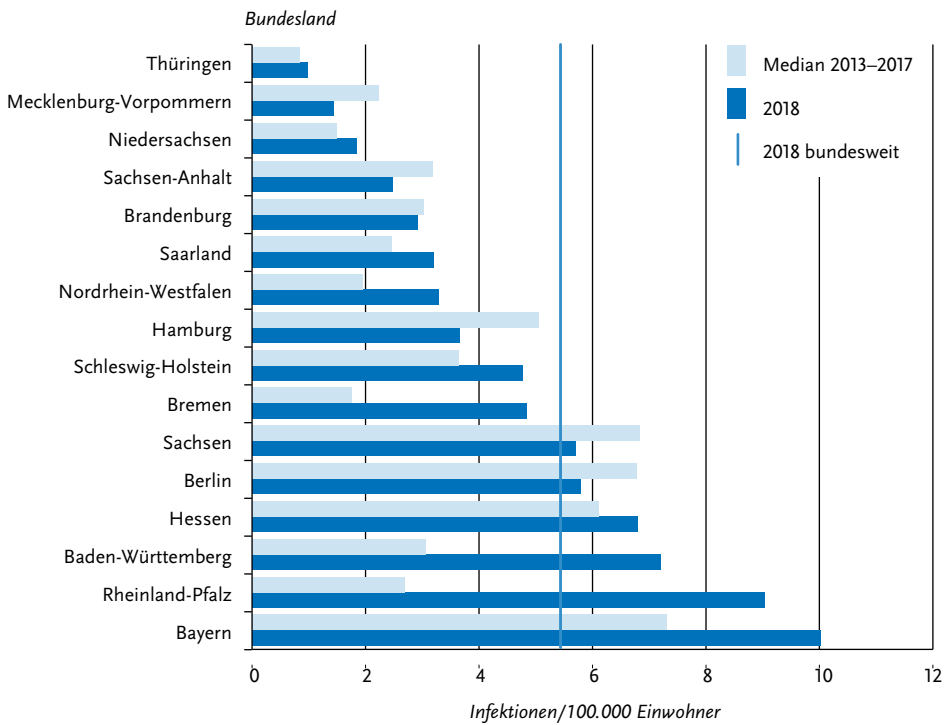
Bei 1.180 (26 %) der insgesamt 4.507 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben, wobei unter Berücksichtigung von Mehrfachnennungen 1.136 Angaben gemacht wurden. Am häufigsten wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland mit 693 Nennungen (59 %) genannt. Die nächsthäufig genannten Infektionsländer waren Syrien (n=38), Sierra Leone (n=36) und Rumänien (n=33) gefolgt von der Türkei (n=27) und Nigeria (n=23).

Seit der IfSG-Novellierung werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 1.651 (37 %) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 1.523 (34 %) zur Staatsangehörigkeit erhoben. Deutschland wurde bei 32 % (523) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 42 % (642) angegeben. Als Geburtsland wurde häufig auch die Türkei (6,7 %; 110), Rumänien (6,3 %; 104) und Syrien (4,4 %; 72) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 6,7 Infektionen/100.000 Einwoh-

Abb. 6.22.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=4.507)
im Vergleich mit den Vorjahren



nern höher als bei Mädchen und Frauen (4,0). Im Vergleich zu den Jahren 2015 bis 2017 hat sich die demografische Verteilung der Hepatitis-B-Inzidenz dahingehend verändert, dass nicht mehr bei 25- bis 29-jährigen Frauen und bei 15- bis 19-jährigen Männern höchste Inzidenzen zu verzeichnen waren, sondern im Jahr 2018 bei beiden Geschlechtern die Altersgruppe der 30- bis 39-jährigen am stärksten betroffen war. Die Inzidenz bei Frauen zwischen 30 und 39 Jahren lag im Jahr 2018 bei 9,3 Inf./100.000 Einwohner und bei Männern in der selben Altersgruppe bei 13,8 Inf./100.000 Einwohner (Abb. 6.22.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) ist niedrig, jedoch im Vergleich zum Vorjahr gestiegen: Insgesamt wurden 40 Infektionen übermittelt (2017: 31), davon 5 bei Kindern im ersten Lebensjahr (2017: 3).

Klinische Aspekte

Bei den im Jahrbuch 2018 berichteten 4.507 Fällen wurden folgende Angaben zum Infektionsstadium angegeben: nicht chronisch (n=535, 12%), nicht erhoben (n=3.523, 78%) und nicht ermittelbar (n=449; 10%). Von den Fällen mit nicht erhobenem Infektionsstadium wurden 3.072 (87%) der Fälle in der Falldefiniertungskategorie E (labor-diagnostisch bei unbekanntem klinischem Bild) übermittelt.

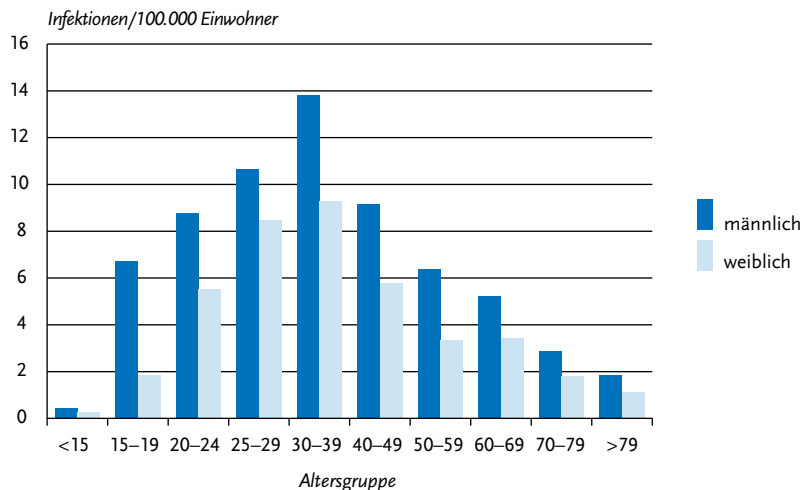
Infektionsrisiken

Nur bei 180 (4,0%) der 4.507 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Anders als im Vorjahr, in dem die sexuelle Transmission als häufigster Übertragungsweg genannt worden ist, ist im Jahr 2018 die Wohnge-

Abb. 6.22.3:

Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=4.507)



meinschaft mit einem Hepatitis-B-Virus-Träger am häufigsten genannt worden (74 Fälle, 41%). Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission mit 48 Infektionen (27%) genannt, darunter 20 Infektionen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern und 28 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem mit Hepatitis-B-Virus infiziertem Partner. Als dritthäufigster Übertragungsweg wurde i.v.-Drogenkonsum bei 35 Infektionen (19%) angegeben. Des Weiteren wurde bei 10 Infektionen der Erhalt von Blutprodukten (mit zeitlicher Angabe), bei 6 Infektionen i.v.-Drogenkonsum während eines Haftaufenthaltes, bei 5 Infektionen perinatale Übertragung und bei 2 Infektionen (1%) Dialyse als wahrscheinlichster Übertragungsweg genannt.

Impfstatus

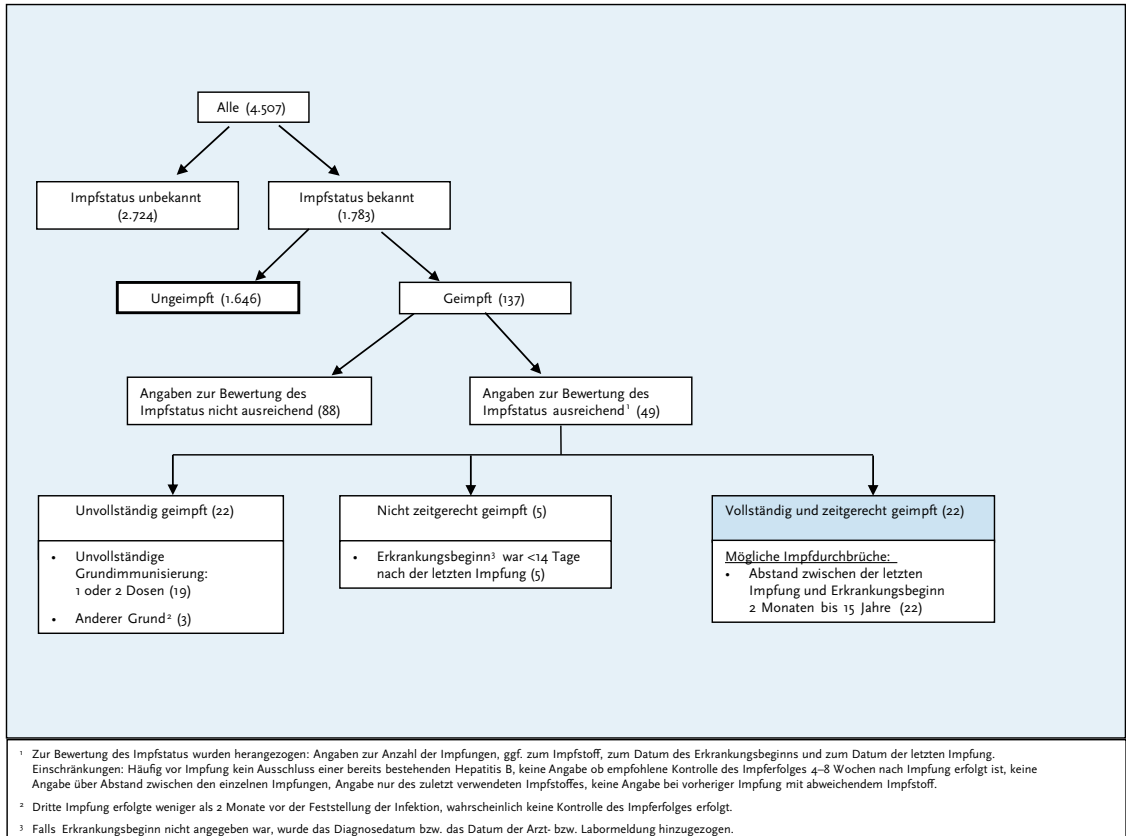
Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem i.v.-Drogengebrauchende, Gefängnisinsassen, Personen mit Sexualverhalten mit hohem Infektionsrisiko und expositionsgefährdetes Personal in medizinischen Einrichtungen). In Deutschland stehen monovalente Hepatitis-B-Impfstoffe, bivalente Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und B und hexavalente Kombinationsimpfstoffe mit Hepatitis-B-Komponente für Kinder zur Ver-

fügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff und Impfschema besteht eine vollständige Grundimmunisierung aus 3 bzw. 4 Impfdosen. Nach vollständiger Grundimmunisierung im Kindes- bis jungen Erwachsenenalter lassen sich bei über 95% der Geimpften schützende Antikörper nachweisen. Nach internationalen Studien kann von einem langjährigen, möglicherweise sogar lebenslangen Schutz gegen eine Hepatitis-B-Virus-Infektion ausgegangen werden.

Bei 1.783 (40%) der 4.507 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.22.4). Von diesen 1.783 Infektionen wurden 1.646 (92%) als ungeimpft übermittelt. Bei 137 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 137 fehlten bei 88 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des Impfstatus: So lagen von 53 Infektionen keine Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen vor; bei 23 Infektionen fehlten Angaben zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn und bei 12 Infektionen fehlten Angaben zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfung (Mehrfachnennungen möglich).

Für 49 (36%) der 137 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie

Abb. 6.22.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=4.507)



¹ Zur Bewertung des Impfstatus wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, ggf. zum Impfstoff, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung. Einschränkungen: Häufig vor Impfung kein Ausschluss einer bereits bestehenden Hepatitis B, keine Angabe ob empfohlene Kontrolle des Impferfolges 4–8 Wochen nach Impfung erfolgt ist, keine Angabe über Abstand zwischen den einzelnen Impfungen, Angabe nur des zuletzt verwendeten Impfstoffes, keine Angabe bei vorheriger Impfung mit abweichendem Impfstoff.

² Dritte Impfung erfolgte weniger als 2 Monate vor der Feststellung der Infektion, wahrscheinlich keine Kontrolle des Impferfolges erfolgt.

³ Falls Erkrankungsbeginn nicht angegeben war, wurde das Diagnosedatum bzw. das Datum der Arzt- bzw. Labormeldung hinzugezogen.

zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 22 Personen wird angenommen, dass sie unvollständig geimpft wurden: bei 19 dieser Infektionen waren lediglich ein oder 2 Impfdosen angegeben; bei 3 Infektionen erfolgte die 3. Impfung weniger als 2 Monate vor der Feststellung der Infektion. Weitere 5 Personen wurden nicht zeitgerecht geimpft, ihr Erkrankungsbeginn war <14 Tage nach der letzten Impfung. Insgesamt 22 Erkrankte hatten eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung mit mindestens 3 Impfungen erhalten und infizierten sich zwischen 2 Monaten und 15 Jahren nach der letzten Impfung. Die vorliegenden Informationen könnten bei diesen Fällen für einen Impfdurchbruch sprechen, wobei beachtet werden muss, dass die übermittelten Angaben für eine solche Einschät-

zung nur unzureichend sind: so werden in der Regel keine Angaben zu einem Ausschluss einer bereits bestehenden Hepatitis-B-Virus-Infektion vor Impfung, keine Angaben zur Kontrolle des Impferfolges nach 4 bis 8 Wochen und keine Angaben zum Abstand zwischen den einzelnen Impfungen übermittelt. Des Weiteren werden nur Angaben zum zuletzt verwendeten Impfstoff übermittelt. Vorherige Impfungen mit einem abweichenden Impfstoff werden nicht erhoben.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 5 Häufungen mit insgesamt 12 Infektionen (2 bis 3 Infektionen pro Ausbruch) übermittelt. Bei 2 der Häufungen war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem

Virusträger und bei einer Häufung perinatale Übertragung.

Datenqualität

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle labor diagnostischen Nachweise einer Hepatitis B meldepflichtig, wodurch seitdem alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Zusätzlich werden Angaben über das Stadium der Infektion erhoben. Für das Jahr 2018 wurden zusätzlich 4.943 Fälle mit chronischem Infektionsstadium übermittelt. Diese 4.943 chronischen Fälle entsprechen nicht der Referenzdefinition und werden somit nicht im Jahrbuch berichtet. Nicht erkannte chronische Fälle könnten sich auch in dem hohen Anteil der übermittelten Fälle nach Falldefinitionskategorie E verbergen. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle können nicht komplett ausgeschlossen werden und könnten ebenfalls einen Einfluss auf die Anzahl neu übermittelter Infektionen haben.

Die Verbesserung der Datenqualität spielt hinsichtlich des Infektionsstadiums eine wichtige Rolle. Aufgrund der Änderung der Falldefinition 2015 und der IfSG Novellierung 2017 sind die übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar, so dass Trendauswertungen nur mit Einschränkungen möglich sind. In welchem Umfang der beobachtete Anstieg an Hepatitis-B-Infektionen einem tatsächlichen Anstieg an Infektionen zuzuschreiben ist und welchen Einfluß Änderungen der Testgewohnheiten, Referenzdefinition, des IfSG 2017 oder auch ein, gesteigertes Bewusstsein in der Bevölkerung haben, lässt sich schwer quantifizieren.

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der IfSG-Novellierung im Juli 2017 bei Hepatitis-B-Meldungen Angaben zum Geburtsland und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit wird es zukünftig möglich sein, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei verschiedenen Migrantengruppen zu erhalten. Für das Berichtsjahr 2018 waren diese Angaben zum Geburtsland bei fast der Hälfte der Fälle vorhanden. Es bleibt abzuwarten, ob der Anteil mit ermittelten Informationen zukünftig ansteigt und damit eine belastbare Auswertung zulässt.

Fazit

Seit 2015 ist eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition auf Fälle ohne, mit unklarer oder unbekannter Symptomatik zu erklären, sowie auch durch vermehrtes Testen von Asylsuchenden in den letzten Jahren. Seit Juli 2017 sind alle Nachweise unabhängig von Stadium der Hepatitis-B-Virus-Infektion meldepflichtig. Dies könnte eine weitere Erklärung für den Anstieg der Hepatitis-B-Meldungen, besonders bei den Fällen mit unbekannter Klinik, sein. Im Jahr 2018 entfallen 90 % des Anstieges übermittelter Hepatitis-B-Infektionen auf die Falldefinitionskategorie E. Die Häufigkeitsspitzen übermittelter Fälle bei Männern und Frauen haben sich 2018 auf die 30- bis 39-Jährigen bei beiden Geschlechtern zurückverschoben. Dies könnte darauf hindeuten, dass der Anteil der getesteten Asylsuchenden keine größere Rolle mehr spielt und wieder vermehrt Infektionen in der Allgemeinbevölkerung erfasst werden. Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben. Um diese zu erreichen, besteht insbesondere bei Gruppen mit erhöhter Prävalenz und Inzidenz weiterer Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und dem Zugang zur Behandlung. Es wird empfohlen, alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie weitere definierte Risikogruppen konsequent zu impfen, insbesondere bei Sexualverhalten mit hoher Infektionsgefährdung oder injizierendem Drogengebrauch.

Literaturhinweise

- WHO (2018): *Hepatitis B. Fact sheet*. www.who.int/media-centre/factsheets/fs204/en
- Poethko-Müller C, Zimmermann R, Hamouda O, et al.: *Die Seroepidemiologie der Hepatitis A, B und C in Deutschland: Ergebnisse der Studie zur Gesundheit Erwachsener in Deutschland (DEGS1)*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:707–715.
- Cai W, Poethko-Müller C, Hamouda O, Radun D: *Hepatitis B virus infections among children and adolescents in Germany: migration background as a risk factor in a low seroprevalence population*. *Pediatr Infect Dis J* 2011; 30:19–24.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. *Epid Bull* 2019; 18:147–153.
- STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2018/19*. *Epid Bull* 2018; 34:348.

STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Ergänzung der Impfeempfehlungen gegen Hepatitis A und B.* Epid Bull 2017; 35:386–387.

Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017.* Epid Bull 2017; 31:309–310.

RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen.* www.rki.de/SharedDocs/FAQ/IfSG/HBV/FAQ_Liste_HBV.html

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.23 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **5.891**
- ▶ Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr (IfSG-Änderung)
- ▶ Wichtigster Übertragungsweg: intravenöser Drogengebrauch
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Deutlich höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe der 30- bis 39 Jährigen

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis C ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-C-Viren (HCV) ausgelöste Leberentzündung, die parenteral übertragen wird. Ohne Therapie nimmt die Infektion in 50 bis 85% der Fälle einen chronischen Verlauf, der nach Jahrzehnten eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom verursachen kann. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C, jedoch eine effektive antivirale Therapie, die eine Infektion in den meisten Fällen heilen kann. Aufgrund

des meist unbekanntesten Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig.

Falldefinition

Da die Mehrzahl der Hepatitis-C-Infektionen asymptomatisch verläuft, umfasst die Referenzdefinition alle Fälle mit erstmalig gemeldetem Labornachweis einer HCV-Infektion, unabhängig vom klinischen Bild. Daher beinhaltet die Gesamtheit der Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten) (s. Tab. 6.23.1).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist, so dass alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen erfasst werden.

Zeitlicher Verlauf

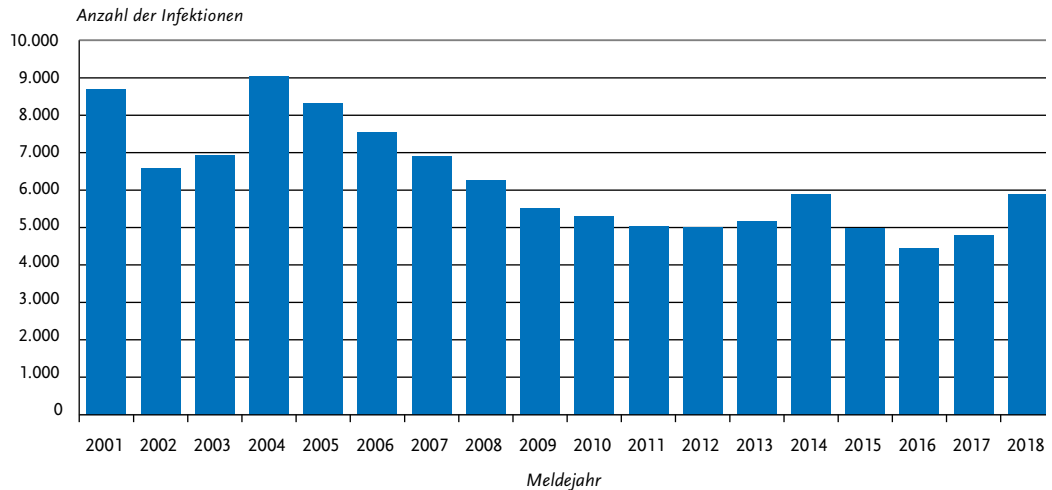
Für das Jahr 2018 wurden insgesamt 5.891 Fälle von Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 7,1 gemeldeten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Meldeinzidenz, verglichen mit 2017, um 23% gestiegen (5,8).

Ab dem Jahr 2005 war ein abnehmender Trend der Fallzahlen von Hepatitis C zu verzeichnen, der sich seit dem Jahr 2009 verlangsamt hatte. Im Jahr 2014 stiegen die Fallzahlen an, um 2015 – nach Änderung der Falldefinition – wieder auf das Niveau der 5 Vorjahre zurück zu fallen. Seit dem zweiten Halbjahr 2017, mit der IfSG-*Novel-*

Tab. 6.23.1: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.265	26%	1.313	22%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.614	34%	2.068	35%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.923	40%	2.510	43%
alle	4.802	100%	5.891	100%
Referenzdefinition (C+D+E)	4.802	100%	5.891	100%

Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



lierung, steigen die Fallzahlen wieder an (s. Abb. 6.23.1).

Geografische Verteilung

Die in den Vorjahren weite Inzidenzspanne hat sich für das Berichtsjahr verkleinert: Die Meldeinzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 3,2 Infektionen/100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern und 8,8 in Bayern (s. Abb. 6.23.2).

Über der bundesweiten Inzidenz von 7,1 lagen neben Bayern auch Baden-Württemberg (8,7), Berlin (8,0), Schleswig-Holstein (8,0), Hessen (8,0), Hamburg (7,8) und Nordrhein-Westfalen (7,4). Vergleichsweise niedrige Inzidenzen fanden sich außer in Mecklenburg-Vorpommern auch in Thüringen (3,3), dem Saarland (3,4) und in Brandenburg (3,5).

Rückläufige Meldeinzidenzen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre des jeweiligen Bundeslandes zeigten sich lediglich in den Bundesländern Berlin und Sachsen. In allen anderen Bundesländern außer Thüringen und dem Saarland fanden sich Inzidenzanstiege.

Bei 1.414 (24%) der übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 1.151-mal angegeben (80% der 1.441 Nennungen). Die meis-

ten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Russische Föderation (n=24), gefolgt von Georgien (n=22), Rumänien (n=17), Weißrussland (n=16), der Ukraine (n=15), Syrien (n=12), Polen und Kasachstan (je n=11) sowie Italien und Pakistan (je n=10). Weitere 142 Nennungen verteilten sich auf andere Länder mit weniger als 10 Nennungen.

Seit der IfSG-Novellierung im Jahr 2017 werden Angaben zum Geburtsland und zur Staatsangehörigkeit an das RKI übermittelt. Für 56% (Geburtsland) und 57% (Staatsangehörigkeit) der Fälle im Jahr 2018 wurden diese Angaben nicht erhoben, für weitere 8,2% und 8,6% waren sie nicht ermittelbar. Für die übrigen Fälle wurde Deutschland in 65% (Geburtsland) und 76% (Staatsangehörigkeit) angegeben, entsprechend bei 35% und 24% andere Länder.

Demografische Verteilung

Die Meldeinzidenz der Hepatitis-C-Virus-Infektionen in der männlichen Bevölkerung war mit 9,7 Infektionen/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch wie in der weiblichen (4,4). Wie in den vorangegangenen Jahren lag der Häufigkeitsgipfel bei den Männern in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (22,0). Auch bei den Frauen war die Meldeinzidenz in dieser Altersgruppe am höchsten, und lag bei 7,8 (s. Abb. 6.23.3).

Abb. 6.23.2:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=5.891)
im Vergleich mit den Vorjahren

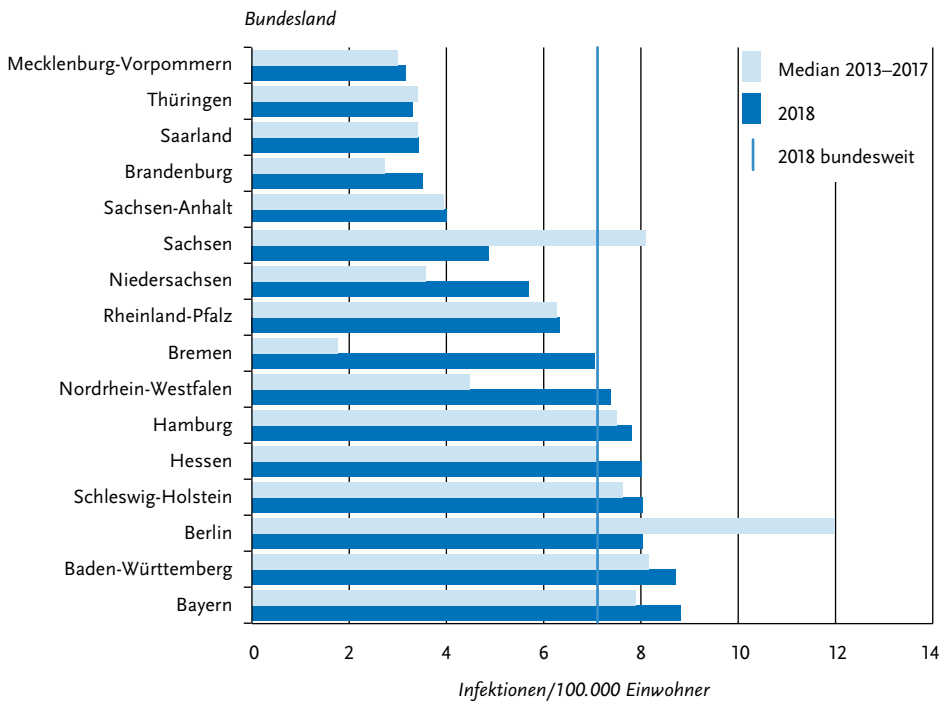
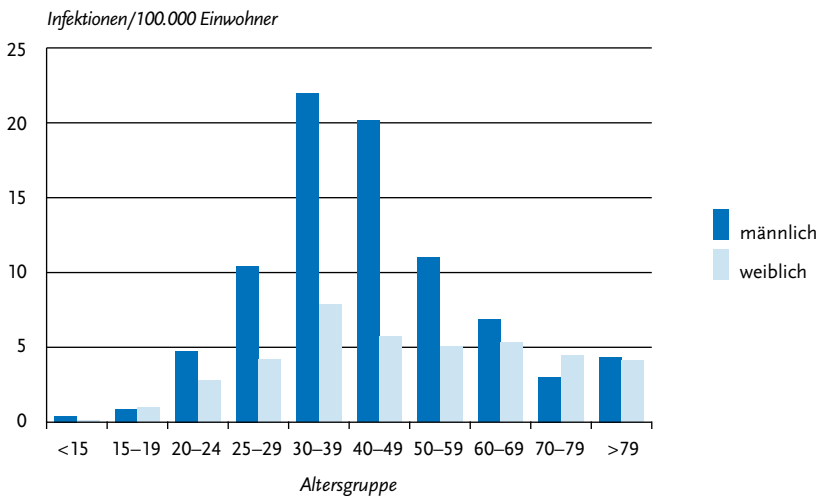


Abb. 6.23.3:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=5.826)



Die Meldeinzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) war mit 0,3 Infektionen/100.000 Einw. (entsprechend 31 übermittelten Infektionen) gering.

Infektionsrisiken

Bei 1.284 (22%) Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg ausgewertet. Mehrfachnennungen wurden auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in kausalem Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C steht, wurde für 1.028 Infektionen (80% der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) übermittelt. Von diesen lag bei 58 Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor.

An zweiter Stelle der Risiken steht der Erhalt von Blutprodukten vor der Einführung der diagnostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 (n=109; 8,5% aller Infektionen mit auswertbaren Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg). Bei Frauen lag die entsprechende Angabe bei 22% der Infektionen mit Übertragungsweg (n=63) vor, bei Männern bei lediglich 4,7% (n=46). Bei Männern war in 81 Fällen die Übertragung durch sexuelle Kontakte mit Männern als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben, darunter waren 10 mit einem bekannt HCV-positiven Partner und 71 mit unbekanntem Infektionsstatus des Partners.

Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 51 Infektionen (4,0%) angegeben. Infektionen mit der Angabe eines heterosexuellen Übertragungsweges ohne Kenntnis des Infektionsstatus des Partners wurden wegen des vergleichsweise ineffektiven heterosexuellen Übertragungsweges nicht ausgewertet.

Eine Übertragung durch Dialyse wurde bei 8 Infektionen (0,6%) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben und bei 7 Infektionen (0,5%) bei Kindern unter 2 Jahren eine perinatale Übertragung.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 5 epidemiologisch zusammenhängende Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt. Alle wurden zwischen Personen in privaten Haushalten berichtet, 3 mit möglicher

heterosexueller Transmission, eine mit Transmission durch sexuellen Kontakt zwischen Männern und eine zwischen Personen, die beide Drogen injizieren. Bei 3 dieser Verknüpfungen lag bei mindestens einer Person eine akute HCV-Infektion vor.

Darüber hinaus wurden im Jahr 2018 Personen mit HCV-Infektion einem größeren Ausbruchsgeschehen zugeordnet, das bereits 2017 begonnen hatte. Es handelt sich um einen Ausbruch mit 59 gemäß IfSG gemeldeten Fällen (davon einer im Jahr 2017 und 58 im Jahr 2018), die einen epidemiologischen Link zu einem Krankenhaus in Bayern hatten. Als möglicher Übertragungsweg kommen Injektionen im Rahmen des Krankenhausaufenthaltes in Frage. Von diesen 59 Fällen erfüllen 54 die Referenzdefinition, bei den anderen erfolgte möglicherweise eine spontane Ausheilung mit Verbleiben der Seronarbe. Bei 37 der 54 Fälle mit Virämie lag in den Meldedaten eine Information zum Genotyp vor, es handelte sich bei allen Fällen um eine Infektion mit dem Genotyp 3 (GT3). Eine umfangreiche Fallsuche wird durchgeführt und die Testung von möglichen Exponierten dauert aktuell noch an.

Datenqualität

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. Hepatitis-C-Virus-Infektionen verlaufen häufig unbemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen erlauben keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, da Infektion und Diagnose zeitlich weit auseinander liegen können, es sei denn, dem Gesundheitsamt liegen zusätzliche Informationen (anamnestische Informationen seitens des Arztes, labordiagnostische Konstellation, nachgewiesene Serokonversion) vor. Für das Jahr 2018 wurden zu knapp der Hälfte der Fälle (n=2.903, 49%) Angaben zum Stadium der Infektion übermittelt, bei den übrigen wurde das Stadium nicht erhoben (n=2.737, 47%) oder war nicht ermittelbar (n=251; 4,3%). Von den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion entsprach der Großteil (n=2.304, 79%) chronischen Fällen, bei den übrigen lag der Verdacht auf eine akute Infektion vor (n=599, 21%).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 werden nur noch Fälle mit Laborparametern, die für eine aktive HCV-Infektion sprechen, übermittelt. Dies ermöglicht eine Annäherung an die wahre Inzidenz von Neudiagnosen. Allerdings werden damit mögliche Fälle, die nach einem positiven Antikörper-Screening nicht der weiteren Diagnostik mittels direktem Erregernachweis zugeführt wurden, nicht erfasst. Da sich die Therapieoptionen in den letzten Jahren sehr stark verbessert haben, ist jedoch davon auszugehen, dass in Deutschland die Diagnostik in den meisten Fällen vollständig durchgeführt wird. Auf der anderen Seite kann es durch die Erweiterung der Meldepflicht 2017 auf alle Nachweise von Hepatitis-C-Virus zu einer verstärkten Mehrfachmeldung von Nachweisen ein und derselben Person bei wiederholter Testung kommen, so dass ein wachsender Teil der Meldungen Doppel- und Mehrfachmeldungen entspricht. In den Gesundheitsämtern werden Meldungen, die sich auf den gleichen Fall beziehen, in der Regel erkannt und zusammengeführt. Dennoch kann nicht ausgeschlossen werden, dass es zu Doppelerfassungen kommt. Aufgrund der bis zur IfSG-Novellierung 2017 bestandenen Löschvorschrift der namentlichen Daten zu einer Hepatitis-C-Meldung nach drei Jahren können Mehrfachtestungen einer Person im Gesundheitsamt nicht immer als solche identifiziert werden.

Aufgrund der Änderung der Falldefinition 2015 und der IfSG-Änderung 2017 sind die übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar, so dass Trendauswertungen nur mit Einschränkungen möglich sind.

Fazit

Die Meldeinzidenz übermittelter Hepatitis-C-Virus-Infektionen ist im Jahr 2018 im Vergleich zum Vorjahr weiter angestiegen, vermutlich vor allem bedingt durch die Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG im Juli 2017. Es sind weitere direkt antiviral wirkende Medikamente zugelassen worden, die aufgrund ihrer pangenotypischen Wirksamkeit die Therapie weiter vereinfachen und zu einer verstärkten Testung und Fallfindung geführt haben können. Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen in den Bundesländern sind geringer geworden. Die Daten sind nach den grundsätzli-

chen Änderungen des Surveillancesystems und der Meldepflicht nur bedingt mit den Daten der Vorjahre vergleichbar.

Wie auch in den Vorjahren lag die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen. Die Tatsache, dass Männer häufiger Drogen konsumieren als Frauen und dies der am häufigsten berichtete Übertragungsweg ist, erklärt unter anderem die erheblich höhere Inzidenz von Hepatitis C bei Männern. Unter den Fällen mit Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg war i. v. Drogenkonsum mit 80 % der am häufigsten genannte.

Ein größeres nosokomiales Ausbruchsgeschehen ereignete sich im Jahr 2017 in einem Krankenhaus in Bayern und setzte sich im Berichtsjahr fort. Die HCV-Infektionen wurden im Rahmen von medizinischen Injektionen übertragen und erst retrospektiv entdeckt. Die umfangreiche Fallsuche war im Frühjahr 2019 noch nicht abgeschlossen. Dieses Geschehen zeigt die Notwendigkeit, arbeitsmedizinische Untersuchungen von medizinischem Personal regelmäßig durchzuführen und über mögliche Infektionswege detailliert aufzuklären.

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der IfSG-Novellierung im Juli 2017 bei allen Hepatitis-C-Meldungen Angaben zum Geburtsstaat und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit wird es zukünftig möglich sein, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei Migranten zu erhalten. Für das Berichtsjahr waren diese Angaben bei weniger als 40 % der Fälle vorhanden, und es bleibt abzuwarten, ob der Anteil mit ermittelten Informationen zukünftig ansteigt und damit eine belastbarere Auswertung zulässt.

Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben. Um diese zu erreichen, besteht insbesondere bei Drogengebrauchenden und anderen Gruppen mit erhöhter Prävalenz und Inzidenz weiterer Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und dem Zugang zur Behandlung.

Literaturhinweise

Dakic Z, Duric P, Fabri M, O'May F: *Validity of hepatitis B and hepatitis C case definitions*. J Infect Public Health 2019. doi: 10.1016/j.jiph.2019.01.061

- Gassowski M, Nielsen S, Bannert N, et al.: *History of detection and the risk of hepatitis C among people who inject drugs in Germany*. Int J Infect Dis 2019. doi: 10.1016/j.ijid.2019.01.015
- Preußel K, Offergeld R: *Which infectious blood donors could be identified by the donor history questionnaire? – Comparison of blood donors infected with HIV or HCV with notified cases from general population in Germany*. Transfus Med Hemother 2018. doi: 10.1159/000481829
- Hofstraat SHI, Falla AM, Duffell EF, et al.: *Current prevalence of chronic hepatitis B and C virus infection in the general population, blood donors and pregnant women in the EU/EEA: a systematic review*. Epidemiol Infect 2017. doi: 10.1017/S0950268817001947
- WHO (2018): *Guidelines for the care and treatment of persons diagnosed with chronic hepatitis C virus infection*. www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2018/en
- WHO: *Global Hepatitis Report 2017*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- WHO (2017): *Guidelines on hepatitis B and C testing*. www.who.int/hepatitis/publications/guidelines-hepatitis-c-b-testing/en
- Ingiliz P, Martin TC, Rodger A, et al.: *HCV reinfection incidence and spontaneous clearance rates in HIV-positive men who have sex with men in Western Europe*. J Hepatol 2017; 66:282–287.
- Falla AM, Hofstraat SHI, Duffell E, Hahné SJM, Tavoschi L, Veldhuijzen IK: *Hepatitis B/C in the countries of the EU/EEA: a systematic review of the prevalence among at-risk groups*. BMC Infect Dis 2018. doi: 10.1186/s12879-018-2988-x
- RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.24 Hepatitis D

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-D-Virus benötigt für die Infektion die Hülle des Hepatitis-B-Virus. Hepatitis D tritt somit stets zusammen mit Hepatitis B auf und

führt in 70 bis 90 % der Fälle zu schweren chronischen Verläufen.

Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Eine weitere Änderung betrifft die Referenzdefinition. Fälle, bei denen das klinische Bild unbekannt oder nicht erfüllt ist (Falldefinitions-kategorien D und E), entsprachen nach der alten Falldefinition nicht der Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition die Referenzdefinition um die Fälle der Falldefinitions-kategorien D und E erweitert (siehe Tab. 6.24.1). Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von Hepatitis-D-Virus meldepflichtig ist, so dass alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Somit werden auch chronische Infektionen übermittelt, werden aber in der Statistik nicht in akut und chronisch unterschieden.

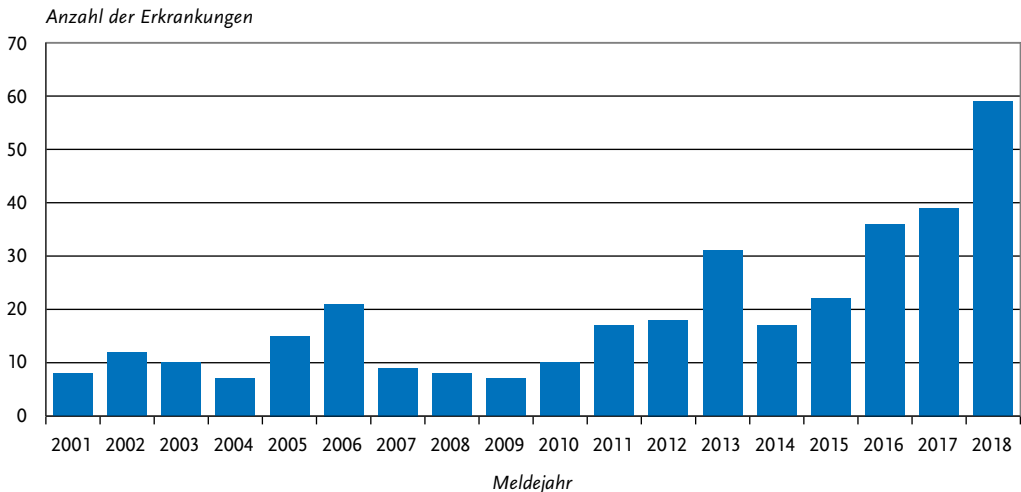
Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 59 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.24.1). Die 59 Infektionen wurden aus 12 Bundesländern (je ein bis 17 Infektionen) übermittelt. Bei 21 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, zum Teil mit Mehrfachnennungen. Als Infektionsland wurde 14-mal Deutschland, 2-mal Kasachstan und jeweils einmal Pakistan,

Tab. 6.24.1: Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	20	50 %	25	42 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	32 %	18	31 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7	17 %	16	27 %
alle	40	100 %	59	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	39	97 %	59	100 %

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Polen, die Russische Föderation, Sierra Leone, Tadschikistan, Weißrussland, Italien und Bulgarien genannt. Von den 59 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 43 (73 %) Männer und 16 (27 %) Frauen. Die meisten Infektionen (41 %) wurden bei den 30- bis 49-jährigen Männern übermittelt. Der kontinuierliche Anstieg in den Jahren 2015 bis 2017 ist durch die Änderung der Falldefinition zu erklären. Der Anstieg seit den letzten 2 Quartalen 2017 ist vermutlich vor allem durch die Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG im Juli 2017 bedingt. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken.

Literaturhinweise

- WHO: *Hepatitis D. Fact sheet 2018*. www.who.int/mediacentre/factsheets/hepatitis-d/en
- Heidrich B, Manns MP, Wedemeyer H: *Treatment options for hepatitis delta virus infection*. *Curr Infect Dis Rep* 2013; 15:31–38.
- Bissinger AL, Berg CP: *Is the HDV seroprevalence in patients admitted to a university hospital representative for all HBV carriers in Germany?* *Infection* 2013; 41:1031–1032.
- Reinheimer C, Doerr HW, Berger A: *Hepatitis delta: on soft paws across Germany*. *Infection* 2012; 40:621–625.
- von Laer A, Simeonova Y, Harder T, Zimmermann R, Dudareva-Vizule S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2016*. *Epid Bull* 2017; 31:297–308.

RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.25 Hepatitis E



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **3.396**
- ▶ Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Die meisten Infektionen (83 %) wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 50 und 79 Jahren

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis E wird durch das Hepatitis-E-Virus verursacht und tritt als akut verlaufende Leberentzündung weltweit auf. Chronische Infektionen werden bei stark immunsupprimierten Personen beobachtet. In Europa und vielen anderen Staaten in denen das Schwein zur Fleischproduktion genutzt wird, stellt die zoonotische Übertragung des Genotyps 3 und 4 durch Schweinefleisch und Schweinefleischprodukte auf den Menschen den

Tab. 6.25.1:

Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	–	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.950	67 %	3.396	65 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	627	14 %	750	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	825	19 %	1.111	21 %
alle	4.403	100 %	5.257	100 %
Referenzdefinition (B+C)	2.951	67 %	3.396	65 %

wahrscheinlich wichtigsten Infektionsweg dar. In den Ländern Südost- und Zentralasiens, im Nahen Osten, in Nord- und Westafrika sowie in Mittelamerika (z. B. Mexiko) spielen die Genotypen 1 und 2 und mit menschlichen Fäkalien verunreinigtes Trinkwasser eine bedeutende Rolle. Weitere Genotypen des Virus können bei einer ganzen Reihe unterschiedlicher Tierspezies nachgewiesen werden. Inwiefern diese für die Epidemiologie der Hepatitis E in Deutschland eine Rolle spielen ist nicht abschließend geklärt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.25.1).

Zeitlicher Verlauf

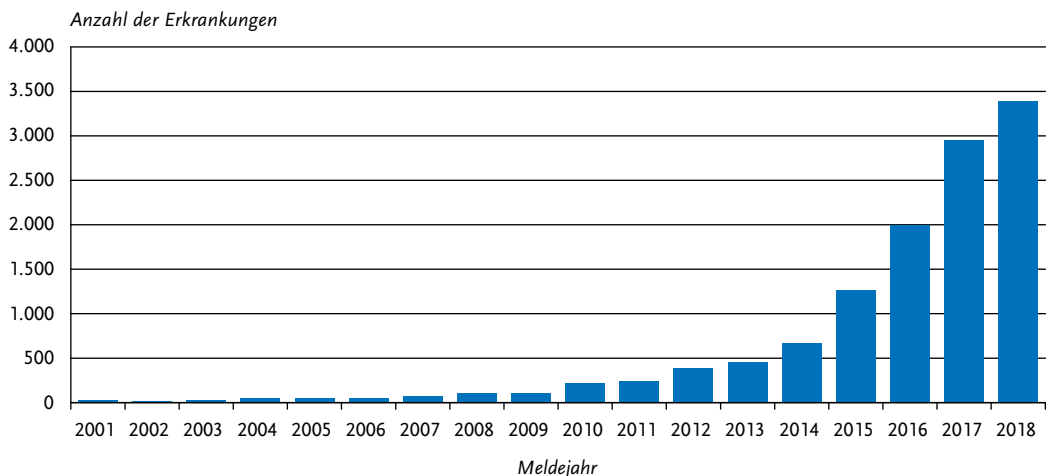
Im Jahr 2018 wurden dem RKI insgesamt 3.396 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (2.951 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 15 %. Damit hat sich der steigende Trend der letzten Jahre in etwas schwächerem Maße fortgesetzt (s. Abb. 6.25.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 4,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine ausgeprägte Saisonalität war nicht erkennbar.

Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in

Abb. 6.25.1:

Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Tab. 6.25.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2018
 (Mehrfachnennungen möglich, 1.768 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.525	83 %
Spanien	33	2 %
Italien	23	1 %
Frankreich	19	1 %
Ägypten	16	1 %
Türkei	16	1 %
Österreich	15	1 %
Polen	12	1 %
Griechenland	12	1 %
Kroatien	10	1 %
Thailand	10	1 %
Andere	148	8 %
Summe	1.829	100 %

Bei 1.768 Erkrankten (52 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.25.2). Von den 1.829 Nennungen entfielen 83 % auf Deutschland. Dieser Anteil ist ähnlich hoch wie im Vorjahr (82 %).

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.529 der übermittelten Erkrankungen (75 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-jährigen. Mit 1.938 Erkrankungen waren Männer (57 %) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (8,8 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.25.2).

Klinische Aspekte

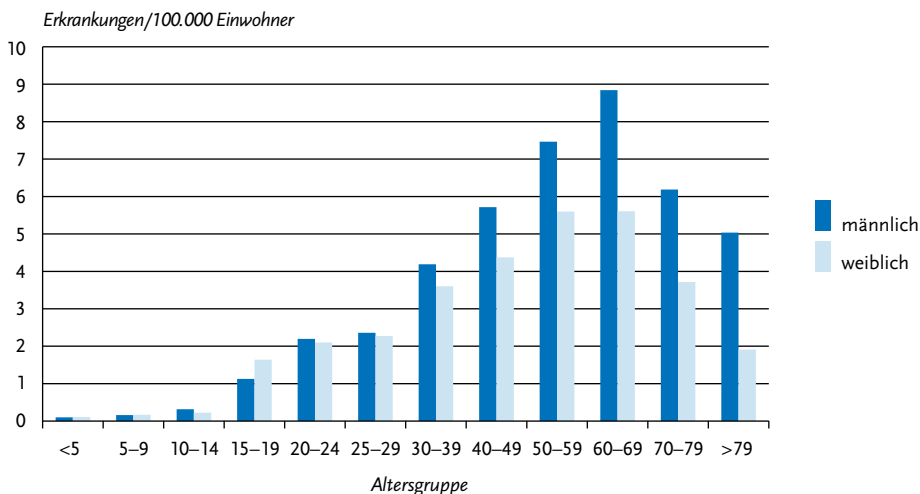
Ein ikterischer Verlauf wurde für 989 (29%) der Erkrankungen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 8 Todesfälle übermittelt. Betroffen waren 6 Männer und 2 Frauen im Alter von 52 bis 90 Jahren.

den Bundesländern Thüringen (7,3 Erkr./100.000 Einw.), dem Saarland (7,1), Brandenburg (6,5), Sachsen (6,3), Sachsen-Anhalt (6,3), Mecklenburg-Vorpommern (5,8), Rheinland-Pfalz (5,6) und Berlin (4,4) erfasst.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 8 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 17 Erkrankungen übermittelt.

Abb. 6.25.2:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2018 (n=3.387)



Datenqualität

Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen ist. Daten zur Inzidenz/Prävalenz der chronischen Hepatitis E liegen nicht vor.

Literaturhinweise

- Faber M, Askar M, Stark K: *Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.19.17.00469
- Faber M, Willrich N, Schemmerer M, et al.: *Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population*. J Viral Hepat 2018; 18:1654–1657.
- Aspinall EJ, Couturier E, Faber M, et al.: *Hepatitis E virus infection in Europe: surveillance and descriptive epidemiology of confirmed cases, 2005 to 2015*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.26.30561
- Schielke A, Ibrahim V, Czogiel I, et al.: *Hepatitis E virus antibody prevalence in hunters from a district in Central Germany, 2013: a cross-sectional study providing evidence for the benefit of protective gloves during disembowelling of wild boars*. BMC Infect Dis 2015; 15:440.
- Szabo K, Trojnar E, Anheyer-Behmenburg H, et al.: *Detection of hepatitis E virus RNA in raw sausages and liver sausages from retail in Germany using an optimized method*. Int J Food Microbiol 2015; 215:149–56.
- RKI: *Hepatitis-E-Virus-Infektion aus virologischer Sicht*. Epid Bull 2015; 15:119–127.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.26 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2018: **2.818**
- ▶ Rückgang der Neudiagnosen seit 2015
- ▶ 78% der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Diagnose-Inzidenzen in den Altersgruppen 25 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- ▶ Bei 95% der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon zwei Drittel bei Männern, die Sex mit Männern haben, und ein Drittel bei Heterosexuellen

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) ist unbehandelt durch einen fortschreitenden Verlust der Immunabwehr gekennzeichnet. HIV führt zu einer chronischen Infektion, die lebenslang bestehen bleibt. Nach einer symptomarmen Latenzzeit, die bei Unbehandelten im Mittel 10 bis 12 Jahre dauert, treten gehäuft sogenannte opportunistische Infektionen und verschiedene Krebsarten auf, die das Vollbild des Acquired Immunodeficiency Syndrome (erworbenes Immundefektsyndrom, AIDS) kennzeichnen.

Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregertem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i.v.-Drogengebern, Transfusion von kontaminierten Blutkonserven oder Gerinnungspräparaten) sowie prä-, peri- oder postnatal (durch Stillen) von der infizierten Mutter auf ihr Kind.

Das Fortschreiten der Erkrankung kann durch eine antiretrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame antiretrovirale Therapie (messbare Viruslast < 50 Kopien/ml) so drastisch reduziert, dass bei sexuellen Kontakten, Nadelstichverletzungen und unter der Geburt eine Nichtübertragbarkeit erreicht werden kann.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG muss der direkte (z. B. Virusanzucht, NAT) oder indirekte (z. B. HIV-AK) Nachweis von HIV an das RKI gemeldet werden. Alle Fälle beziehen sich auf labordiagnostisch gesicherte Nachweise der HIV-Infektion. Bis 2004 waren nur Fälle mit bestätigt positivem HIV-Antikörpertest in die Statistik aufgenommen worden, bei denen angegeben war, dass es sich nach Kenntnis des Labors oder des diagnostizierenden Arztes um eine Erstdiagnose handelte. Seit 2005 wurden zusätzlich – auch retrospektiv – solche Fälle aufgenommen, bei denen diese Angabe fehlte, dafür aber ein negativer HIV-AK-Test im Jahr 2001 oder später angegeben wurde und bei einem Abgleich mit den gemeldeten Fällen keine frühere Meldung identifizierbar war (seit 2001 besteht die Möglichkeit, anhand der fallbezogenen Verschlüsselung und weiterer Parameter Mehrfachmeldungen zu erkennen; s. Datenqualität). Seit Veröffentlichung einer neuen HIV-Diagnostikleitlinie im Juli 2015 gelten Fälle auch dann als bestätigt, wenn anstelle eines Antikörper-basierten Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens 1.000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen worden ist.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden dem RKI 2.818 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als Neudiagnosen identifiziert werden konnten. Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,4 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sinkt seit 2015. Gegenüber dem Vorjahr (3.144) sank die Anzahl um 326 (10%) (s. Abb. 6.26.1).

Geografische Verteilung

Der Rückgang der Diagnosezahlen gegenüber dem Vorjahr ließ sich sowohl für in Deutschland erworbene HIV-Infektionen (1.562; 2017: 1.734) als auch für wahrscheinlich im Ausland erworbene HIV-Infektionen (651; 2017: 707) beobachten. Die Zahl der Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte, ging ebenfalls zurück (605; 2017: 703).

Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den beiden Stadtstaaten Berlin und Bremen (9,5 bzw. 7,6 Fälle pro 100.000 Einwohner), gefolgt von Hamburg (7,5) (s. Abb. 6.26.2).

Großstädte wie Köln, München, Leipzig, Stuttgart, Essen, Frankfurt/Main und Düsseldorf, aber auch mittelgroße Städte wie z. B. Offenbach und Trier wiesen ähnlich hohe oder sogar höhere Inzidenzen als die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.26.3).

Abb. 6.26.1
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2018

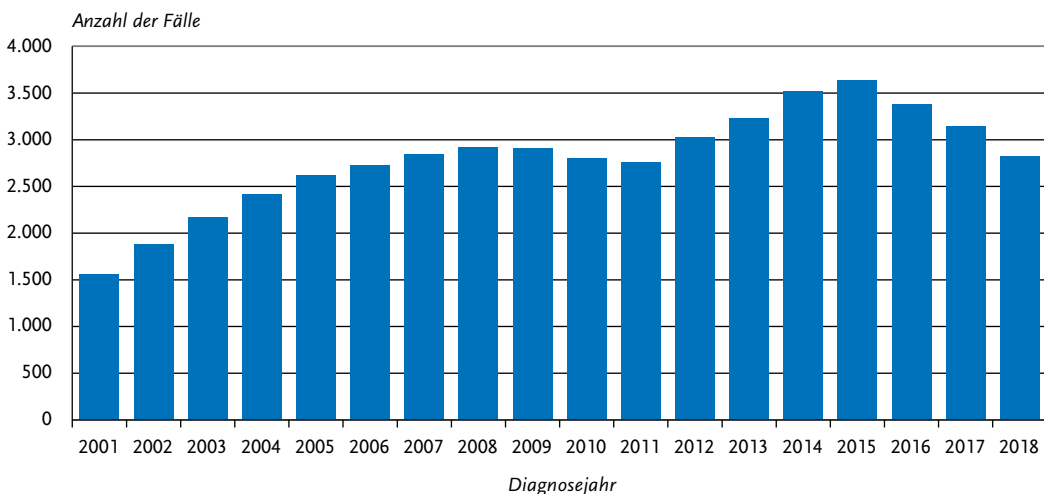
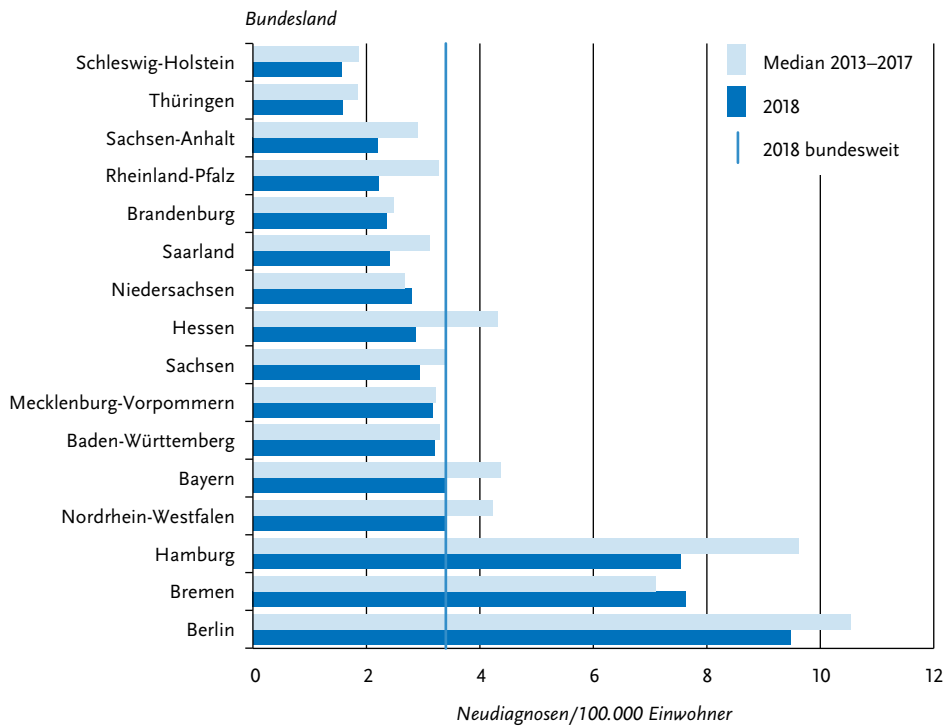


Abb. 6.26.2:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=2.818) im Vergleich mit den Vorjahren



Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz in 2 Bundesländern (Bremen und Niedersachsen) leicht an, in 13 Bundesländern ging sie zurück, und in einem Bundesland (Mecklenburg-Vorpommern) war die Inzidenz nahezu identisch mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre.

Die Zunahme der Inzidenzen in Bremen und Niedersachsen war durch außerhalb Deutschlands erworbene Infektionen bedingt.

Demografische Verteilung

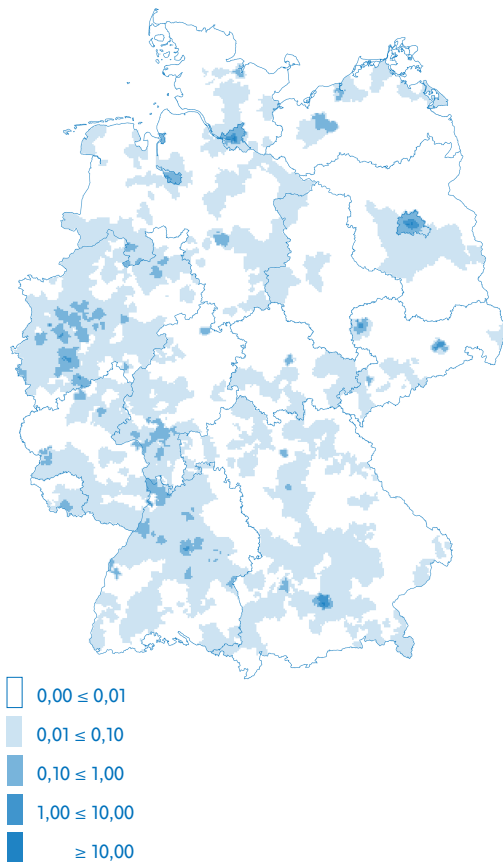
Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag bei der männlichen Bevölkerung mit 5,4 Fällen/100.000 Einw. deutlich höher als bei Frauen (1,5). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (22%) stieg auf Grund eines stärkeren relativen Rückgangs der männlichen Fälle an.

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höch-

ten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf. Bei Männern lag die Inzidenz in dieser Altersgruppe bei 12,8 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, bei Frauen bei 4,4. In der Altersgruppe mit der nächsthöheren Inzidenz (25 bis 29 Jahre) lag die Inzidenz bei Männern noch bei 11,2, bei Frauen bei 4,3. Bei Männern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am dritthäufigsten betroffen (Inzidenz 9,1), gefolgt von der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (8,2). Bei Frauen waren diese beiden Altersgruppen (20- bis 24-Jährige und 40- bis 49-Jährige) mit einer Inzidenz von jeweils 2,3 gleich stark betroffen. (s. Abb. 6.26.4).

Die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), ging in allen Altersgruppen von 20 bis 54 Jahren im Verlauf der letzten 4 Jahre in ähnlichem Ausmaß zurück. Bei den 55- bis 59-Jährigen stieg sie an. Auch die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Heterosexuellen ist im Verlauf der letzten 4 Jahre

Abb. 6.26.3:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2018 (n=2.818)



in fast allen Altersgruppen zurückgegangen, außer in der Altersgruppe der 45- bis 49-Jährigen. Der Rückgang in den Altersgruppen der 15- bis 19- und 40- bis 44-Jährigen war nur gering ausgeprägt.

Nachgewiesene Erreger

Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 4 Infektionen mit HIV-2 (0,1%) neu diagnostiziert.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 2.595 Neudiagnosen (92%) lagen Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 2.116 davon wurden Angaben zum

wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit bekanntem Herkunftsland, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, blieb nahezu gleich wie im Vorjahr (57,2%; 2017: 57,5%). Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands und der Anteil der Neudiagnosen mit unbekanntem Infektionsland änderten sich ebenfalls nur unwesentlich.

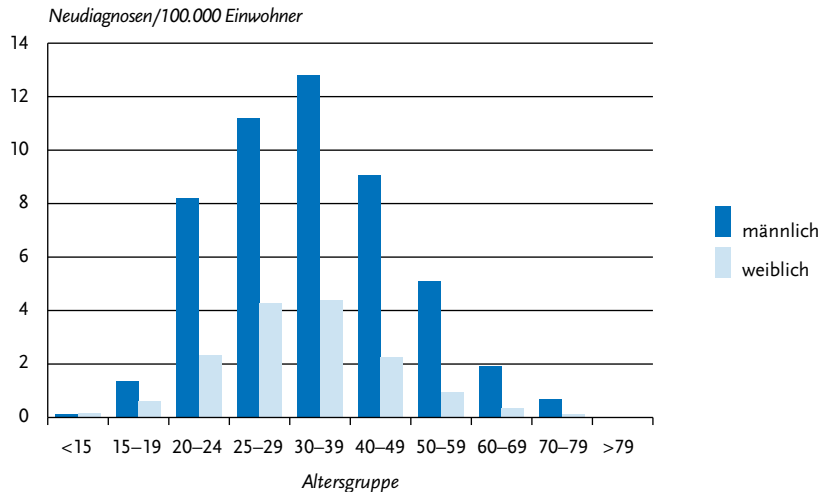
Für 519 von 631 (82%) der im Jahr 2018 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 51% aus Subsahara-Afrika, 14% aus Osteuropa oder Zentralasien, 15% aus West- oder Zentraleuropa, 7% aus der Region Asien/Pazifik, 7% aus dem Nahen Osten oder Nordafrika und 6% aus Lateinamerika oder der Karibik. Von den 242 im Jahr 2018 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nicht-deutscher Herkunft stammten 47% aus West- oder Zentraleuropa, 12% aus Osteuropa oder Zentralasien, 12% aus Subsahara-Afrika, 12% aus Asien/Pazifik, 10% aus Lateinamerika oder der Karibik und 7% aus Nordafrika oder dem Nahen Osten. Relative und absolute Anstiege von Neudiagnosen im Vergleich zum Vorjahr waren bei Personen aus dem europäischen Ausland zu verzeichnen, während diese aber bei Personen aus dem außereuropäischen Ausland zurückgingen.

Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für 2.286 der 2.818 HIV-Neudiagnosen (81%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Neudiagnosen mit Angaben hatten sich 61% (1.394) wahrscheinlich über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 32% (733) über heterosexuelle Kontakte und 6% (140) bei i. v.-Drogenkonsum. Bei 1% (17) der Neudiagnosen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren. Acht dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Für 1.352 (87%) der 1.562 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, lagen Angaben zum Infektionsweg vor. Von die-

Abb. 6.26.4:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=2.818)



sen wurden 1.085 (80 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 176 (13 %) wurden heterosexuelle Kontakte und bei 83 (6 %) i. v.-Drogenkonsum als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (1.240) gesunken, ebenso die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden (Vorjahr 183). Von den 140 Neudiagnosen des Jahres 2018, die sich durch i. v.-Drogengebrauch infiziert hatten, leben 55 in Nordrhein-Westfalen und 18 in Berlin. Im Jahr 2016 waren es noch 19 und 7, im Jahr 2017 schon 36 und 17 gewesen. Der Anstieg in Nordrhein-Westfalen beschränkte sich in Wesentlichen auf den Bereich Köln. Die Zunahmen in Köln und Berlin betrafen jeweils die Altersgruppen der 20- bis 40-Jährigen.

Die Zahl der durch i. v.-Drogenkonsum in Deutschland erworbenen Infektionen ist gegenüber dem Vorjahr (2017: 67) angestiegen, bedingt durch die Geschehen in Köln und Berlin.

Unter den 1.562 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 242 Personen, die nicht aus Deutschland stammen. Davon hatten sich wahrscheinlich 59 % über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 20 % über heterosexuelle Kontakte und 7 % bei

i. v.-Drogenkonsum mit HIV infiziert. Bei 12 % der Neudiagnosen fehlten Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg.

Bei den im Ausland von Nichtdeutschen erworbenen und im Jahr 2018 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=519) fehlten bei 12 % der Neudiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 63 % wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 17 % durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern und 7 % bei i. v.-Drogenkonsum.

Datenqualität

Im Jahr 2017 wurde für die Erfassung der HIV-Meldungen ein Algorithmus implementiert, mit dem Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisch erkannt und einander zugeordnet werden. Die Berechnungen schließen auch länger zurückliegende Meldungen ein. Dadurch kann die Zahl der HIV-Neudiagnosen für vorhergehende Jahre von der in früheren Berichten abweichen. Neben den dargestellten 2.818 gesicherten HIV-Neudiagnosen werden dem RKI weitere HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Neudiagnosen handelt. Diese Meldungen finden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den Meldungen, die weder explizit als Neudiagnose noch als Mehrfachmeldung gekennzeichnet sind, muss

noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 2.818 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen ging im Jahr 2018 das dritte Jahr in Folge zurück. Dies galt insbesondere für MSM. Der Rückgang war am stärksten in den sexuell besonders aktiven Altersgruppen der 25- bis 49-Jährigen ausgeprägt. Es ließen sich Unterschiede zwischen verschiedenen Bundesländern bezüglich des Ausmaßes und Zeitverlaufs des Rückgangs ausmachen. Verglichen mit 2014 ging die Zahl der HIV-Meldungen für MSM z. B. in Hessen, Nordrhein-Westfalen und Hamburg um mehr als ein Drittel zurück. In diesen 3 Bundesländern begann der Rückgang der Meldungen bereits zu einer Zeit, zu der die HIV-Präexpositionsprophylaxe (PrEP) kaum eine Rolle spielte. Es kann daher angenommen werden, dass andere Faktoren wie frühzeitiger Behandlungsbeginn und möglicherweise vermehrte Testung und frühzeitigere Diagnose von HIV-Infektionen einen wesentlichen Anteil an diesem Rückgang hatten. Die gegen den bundesweiten Trend erfolgenden Zunahmen bei im Ausland erworbenen Infektionen in einzelnen Bundesländern könnten zumindest zum Teil durch unterschiedliche Testpolitik und Testangebote für Migranten bedingt sein. Aufgrund eines fehlenden kontinuierlichen Monitorings der Zahl der HIV-Testungen und der getesteten Personen kann dies derzeit aber nicht mit Zahlen belegt werden. Inwiefern eine verstärkte Nutzung der HIV-PrEP im Jahr 2018 zum Rückgang von HIV-Diagnosen beigetragen hat, könnte nur unter Zuhilfenahme zusätzlicher Datenquellen abgeschätzt werden. Auch die Zahl der HIV-Meldungen von Personen, die sich über heterosexuelle Kontakte infiziert haben, geht im Vergleich mit den Jahren 2015 und 2016 in den meisten Bundesländern deutlich zurück. Besonders ausgeprägt sind auch hier die Rückgänge in Bayern, Hessen und Nordrhein-Westfalen. Ein Rückgang der Zuwanderung aus Regionen mit höherer HIV-Prävalenz ist wahrscheinlich in erster Linie für diesen Rückgang verantwortlich. Die Situation bei Menschen, die i. v. Drogen konsumieren, ist gekennzeichnet durch sporadisch auftretende In-

fektionen, die immer wieder an unterschiedlichen Orten zu größeren Infektionsclustern führen können. Nach einem derartigen Infektionscluster in München in den Jahren 2015 bis 2017 scheinen sich jetzt ähnliche Geschehen in Köln und möglicherweise auch Berlin abzuspielen. Weitere Untersuchungen sind erforderlich, um die Bedingungen für das Entstehen solcher Cluster besser zu verstehen und geeignete Präventionsmaßnahmen ergreifen zu können.

Literaturhinweise

- van Sighem A, Pharris A, Quinten C, et al.: *Reduction in undiagnosed HIV infection in the European Union/European Economic Area, 2012 to 2016*. Euro Surveill 2017; 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.48.17-00771
- Pachankis JE, Hatzenbuehler ML, Berg RC, et al.: *Anti-LGBT and Anti-Immigrant Structural Stigma: An Intersectional Analysis of Sexual Minority Men's HIV Risk When Migrating to or Within Europe*. J Acquir Immune Defic Syndr 2017; 76:356–366.
- Kramer S, Schmidt AJ, Marcus U: *Daten zur sexuellen Gesundheit von Anbietern und Kunden sexueller Dienste bei in Deutschland lebenden Männern, die Sex mit Männern haben*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:958–970.
- Schink SB, Offergeld R, Schmidt AJ, Marcus U: *Blood donor deferral policies across Europe and characteristics of MSM screened for HIV in blood establishments: data from the European Men-who-have-sex-with-men Internet Survey (EMIS)*. Blood Transfus 2017. doi: 10.2450/2017.0109-16
- Hofmann A, Hauser A, Zimmermann R, et al.: *Surveillance of recent HIV infections among newly diagnosed HIV cases in Germany between 2008 and 2014*. BMC Infect Dis 2017; 17:484.
- Schmidt AJ, Bourne A, Weatherburn P, et al.: *Illicit drug use among gay and bisexual men in 44 cities: findings from the European MSM Internet Survey (EMIS)*. Int J Drug Policy 2016; 38:4–12.
- Marcus U, Gassowski M, Drewes J: *HIV risk perception and testing behaviours among men having sex with men (MSM) reporting potential transmission risks in the previous 12 months from a large online sample of MSM living in Germany*. BMC Public Health 2016; 16:1111.
- Marcus U, Gassowski M, Kruspe M, Drewes J: *Recency and frequency of HIV testing among men who have sex with men in Germany and socio-demographic factors associated with testing behaviour*. BMC Public Health 2015; 15:272.
- Rabenau HF, Bannert N, Berger A, et al.: *Nachweis einer Infektion mit Humanem Immundefizienzvirus (HIV): Serologisches Screening mit nachfolgender Bestätigungsdiagnostik durch Antikörper-basierte Testsysteme und/oder durch HIV-Nukleinsäure-Nachweis*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:877–886.
- Santos-Hövener C, Marcus U, Koschollek C, Oudini H, Wiebe M, Ouedraogo OI, et al.: *Determinants of HIV, viral hepatitis and STI prevention needs among Afri-*

can migrants in Germany: a cross-sectional survey on knowledge, attitudes, behaviors and practices. BMC Public Health 2015; 15:753.

Schmidt D, Kollan C, Stoll M, et al.: *From pills to patients: an evaluation of data sources to determine the number of people living with HIV who are receiving antiretroviral therapy in Germany.* BMC Public Health 2015; 15:252.

an der Heiden M, Marcus U, Kollan C, et al.: *Schätzung der Zahl der HIV-Neuinfektionen und der Gesamtzahl von Menschen mit HIV in Deutschland, Stand Ende 2017.* Epid Bull 2018; 47:493–506.

RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.27 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 68
- ▶ 80% der Erkrankungen in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Ausbruchserkennung durch Nicht-Bestimmung oder Nicht-Meldung von Erreger-Serogruppen erschwert

Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.14) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.51) oder anderen Erregern vor. Das

Vollbild des HUS ist durch eine akute Nierenfunktionsstörung, Blutarmut durch den Zerfall roter Blutkörperchen und einen Mangel an Blutplättchen charakterisiert. Bei schätzungsweise 5 bis 10% der kindlichen HUS-Erkrankungen handelt es sich um ein Komplement vermitteltes HUS, das in erster Linie auf genetischen Störungen der Komplementregulation beruht und vom enteropathischen HUS abzugrenzen ist.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung des enteropathischen HUS geändert (s. auch Kap. 6.14 – EHEC).

Die Referenzdefinition für enteropathisches HUS umfasst alle klinisch begründeten Kategorien der Falldefinition (klinisch diagnostizierte, klinisch-epidemiologisch bestätigte und klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen) außer den Erkrankungen, bei denen lediglich das unspezifische klinische Bild erfüllt ist. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.27.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 68 HUS-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Dies liegt deutlich unter der Fallzahl des Vorjahres ($n=97$) und leicht unter dem Median der Jahre 2013 bis 2017 ($n=77$). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.27.1).

Geografische Verteilung

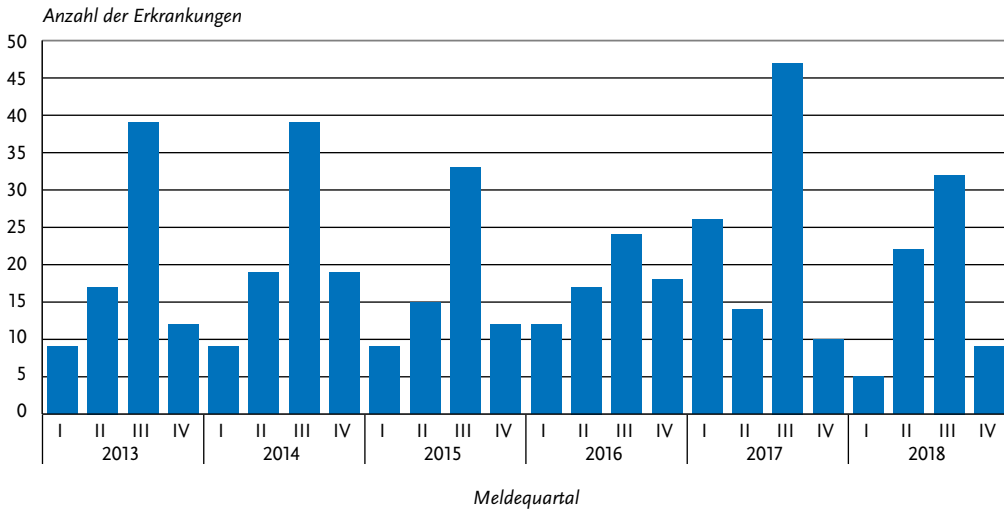
Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,08 (2017: 0,12) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Jeweils

Tab. 6.27.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	21	21%	20	29%
– davon spezifisch (A1)	20		18	
klinisch-epidemiologisch (B)	5	5%	2	3%
klinisch-laboridiagnostisch (C)	72	73%	48	69%
alle	98	100%	70	100%
Referenzdefinition (A1+B+C)	97	99%	68	97%

Abb. 6.27-1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018



mehr als 10 Fälle wurden aus den bevölkerungsreichen Bundesländern Nordrhein-Westfalen (18 Fälle; Inzidenz 0,10 Erkr./100.000 Einw.), Bayern (14; 0,11) und Baden-Württemberg (12; 0,11) übermittelt. In 3 Bundesländern (Brandenburg, Bremen und dem Saarland) sind keine Erkrankungen aufgetreten. Aus den übrigen Bundesländern wurden jeweils ein bis 3 Fälle (0,02–0,12 Erkr./100.000 Einw.) übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 51 Erkrankungen wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (52 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 41-mal (79 % der Nennungen) genannt. Je 2-mal wurden die Türkei, der Kosovo, Kroatien und Ägypten, je einmal das Vereinigte Königreich, Rumänien und Nordostafrika genannt.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 46 (68 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe (1,2 Erkr./100.000 Einw.). Zusätzlich wurden 9 HUS-Erkrankungen (13 %) bei älteren Kindern im Alter von 5 bis 14 Jah-

ren und 13 HUS-Erkrankungen (19 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Weibliche Personen (49 Erkrankungen) waren stärker betroffen als männliche (19 Erkrankungen). Im Gegensatz zum Vorjahr traf dies auch auf die Altersgruppe der < 5-Jährigen (31 Mädchen, 15 Jungen betroffen) zu (s. Abb. 6.27.2).

Nachgewiesene Erreger

Bei 49 Erkrankungen (72 %; 2017: 76 %) wurde der labor diagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben. Bei 26 dieser Fälle (53 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Wie im Vorjahr wurden die Serogruppen O157 (13-mal) und O26 (5-mal) am häufigsten angegeben. Je 2-mal wurden die Serogruppen O111 und O145; je einmal O8, O128, Ont (nicht typisierbar) bzw. „andere/sonstige“ angegeben.

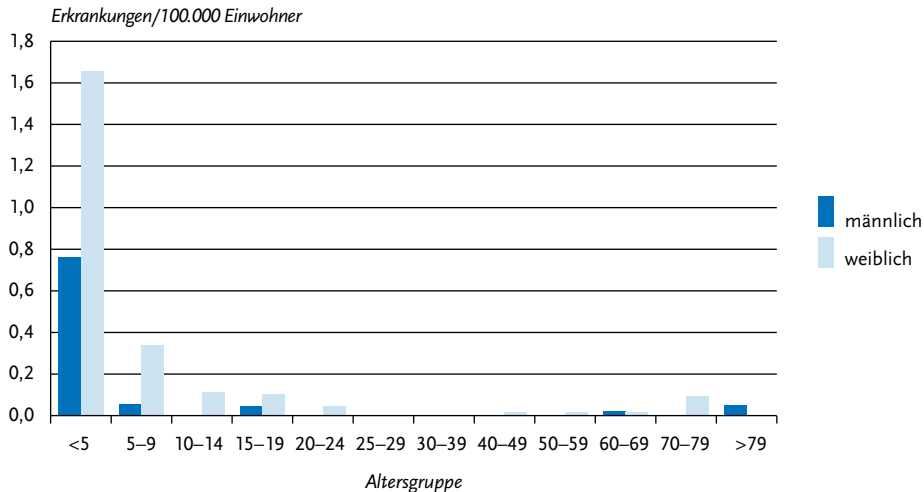
Klinische Aspekte

Es wurde ein HUS-bedingter Todesfall übermittelt. Es handelte sich um ein einjähriges Kind mit Nachweis von EHEC der Serogruppe O157.

Ausbrüche

Im Berichtsjahr wurden 4 Ausbrüche mit insgesamt 9 Erkrankungen (6 HUS-Erkrankungen und 3 EHEC-Enteritiden) übermittelt. Die Aus-

Abb. 6.27.2:
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=68)



brüche umfassten jeweils 2 oder 3 Fälle, davon ein oder 2 HUS-Fälle. Drei Ausbrüche ereigneten sich in privaten Haushalten, wobei Lebensmittel (Rohmilch, Rindfleisch, Ziegenfleisch) als Infektionsquelle verdächtigt wurden. Ein Ausbruch betraf 2 Kinder nach einem gemeinsamen Urlaub in Kroatien.

Datenqualität

Seit 2003 werden Erkrankungen an enteropathischem HUS getrennt von EHEC übermittelt und ausgewertet. Seit dem Jahr 2006 werden übermittelte Häufungen, die mindestens eine HUS-Erkrankung enthalten, in dieser Übermittlungskategorie aufgeführt. Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Untersuchungen abhängig. Die Diagnostik von EHEC ist aufwendig und wird in der klinischen Routine häufig nicht bis zur kulturellen Isolierung und Bestimmung der Serogruppe durchgeführt, die jedoch für die epidemiologische Beurteilung erforderlich ist.

Seit Mai 2008 führt das Robert Koch-Institut, unterstützt durch die Gesellschaft für Pädiatrische Nephrologie, zusätzlich eine aktive Surveillance von pädiatrischen HUS-Erkrankungen unter den pädiatrisch-nephrologischen Zentren (PNZ) in

Deutschland durch. Dies trägt möglicherweise zu einer vollständigeren Erfassung von pädiatrischen HUS-Erkrankungen bei. Es finden sich jedoch nicht für alle von den PNZ berichteten HUS-Fälle entsprechende Übermittlungen im Meldesystem.

Fazit

Die Zahl übermittelter HUS-Erkrankungen hat im Vergleich zum Jahr 2017, als die Fallzahl aufgrund eines größeren Ausbruchs erhöht war, deutlich abgenommen. Wie im Vorjahr wurde bei etwa drei Viertel der HUS-Erkrankungen der labordiagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben, allerdings wurde nur bei etwa der Hälfte der EHEC-Nachweise eine Serogruppen-Information übermittelt. In Einzelfällen wurden Serogruppen im Freitext angegeben, was im Rahmen dieser Auswertung nicht berücksichtigt werden konnte. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

Vygen-Bonnet S, Rosner B, Wilking H, et al.: Ongoing haemolytic uraemic syndrome (HUS) outbreak caused by sorbitol-fermenting (SF) Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) O157, Germany, December 2016 to May 2017. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.21.30541

- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. *Epidemiol Infect* 2016; 144:3305–3315.
- S2k-Leitlinie Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter. 2016. www.awmf.org/uploads/tx_szleitlinien/166-002L_S2k_Haemolytisch-Uraemisches-Syndrom_2016-11_1.pdf
- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. *N Engl J Med* 2011; 365:1763–1770.
- Scheutz F.: *Taxonomy Meets Public Health: The Case of Shiga Toxin-Producing Escherichia coli*. *Microbiol Spectr* 2014. doi: <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.EHEC-0019-2013>
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* *BMC Med* 2012; 10:11.

6.28 Influenza

Saisonale Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 274.242
- ▶ Dominantes Virus: Influenza B (Yamagata-Linie)
- ▶ Außergewöhnlich starke Grippewelle
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern bis 4 Jahren
- ▶ Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 5.704 Ausbrüche mit 23.186 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die Influenza ist eine durch das Influenzavirus hervorgerufene, vorwiegend durch respiratorische Sekrete in Tröpfchenform übertragene Erkrankung, die sich typischerweise durch einen plötzlichen Beginn mit Fieber, Husten und Muskel- oder Kopfschmerzen auszeichnet. Weitere Symptome können allgemeine Schwäche, Schweißausbrüche, Schnupfen, aber auch Übelkeit, Erbrechen und Durchfall sein. Zu beachten ist jedoch, dass bei weitem nicht alle mit dem Influenzavirus Infizierten mit typischer Symptomatik erkranken. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen

können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. Die Influenza tritt saisonal in sogenannten Grippewellen auf, die in Deutschland meist im Januar oder Februar beginnen und innerhalb von 8 bis 12 Wochen ablaufen, sie können in einzelnen Jahren aber auch deutlich länger dauern. Die Stärke der Grippewellen schwankt von Jahr zu Jahr erheblich.

Falldefinition

Von den Gesundheitsämtern wurden 348.450 Influenza-Fälle übermittelt, davon entsprachen 274.242 (79%) der Referenzdefinition (s. Tab. 6.28.1). Bei den 74.208 Fällen, die nicht der Referenzdefinition entsprachen, war entweder das klinische Bild nicht erfüllt oder nicht bekannt. Für zukünftige Auswertungen bzw. Vergleiche ist zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Falldefinition für Influenza gilt. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich nur auf humane saisonale Fälle, die die Referenzdefinition (gültig bis 31.12.2018) erfüllt haben.

Zeitlicher Verlauf

Die Influenza-Erkrankungen der Grippewelle der Saison 2017/18 fielen fast vollständig in das Jahr 2018. Die Welle begann gemäß der Definition der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI in der 52. KW 2017 und endete mit der 14. KW 2018. Bundesweit erreichten die übermittelten Erkrankungen 2018 in der 10. Meldewoche (MW) ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.28.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2018 betrug 331 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, eine im Vergleich zum Vorjahr (116) deutlich höhere Inzidenz. Von der 40. MW 2018 an wurden 1.755 Influenza-Erkrankungen an das RKI übermittelt, die zur Grippewelle 2018/19 gerechnet werden.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2018 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (insgesamt 693 Erkrankungen pro 100.000 Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel bei Jungen im Alter von 4 Jahren (816 Erkr./100.000 Kinder) und bei Mädchen im

Tab. 6.28.1

Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.308	4%	10.934	3%
klinisch-labordiagnostisch (C)	91.692	77%	263.311	76%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.991	3%	9.391	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19.646	16%	64.814	19%
alle	119.637	100%	348.450	100%
Referenzdefinition (B+C)	96.000	80%	274.242	79%

Alter von 3 Jahren (779 Erkr./100.000 Kinder) (s. Abb. 6.28.2). Kinder sind durch die fehlende bzw. geringere Grundimmunität und hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen, häufig von Influenza-Erkrankungen während einer saisonalen Grippewelle betroffen. Während die altersspezifische Inzidenz bei Jungen größer als bei Mädchen war, war bei Erwachsenen jüngeren und mittleren Alters die Inzidenz bei Frauen höher. Ursächlich könnte der engere Kontakt von Frauen dieser Altersgruppen zu erkrankten Kindern sein. Ab der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen kehrte sich dieser Trend um. In der Folge war er-

neut die Inzidenz der Influenza-Erkrankungen bei Männern (290) höher als bei Frauen (261). Im Vergleich zum Vorjahr waren in diesem Jahr auch die Altersgruppen der 40-49-Jährigen (352) und der 50-59-Jährigen (353) stärker betroffen und dies fast in dem gleichen Umfang wie die Hochaltrigen (>79 Jahre) mit einer Inzidenz von 358 Erkr./100.000.

Insgesamt liegt der Altersmedian aller Influenza-Erkrankten der Saison 2017/18 in Folge des hohen Anteils an erkrankten älteren Menschen mit 45 Jahren vergleichbar hoch wie im Vorjahr (46 Jahre).

Abb. 6.28.1:

Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2013 bis 2018

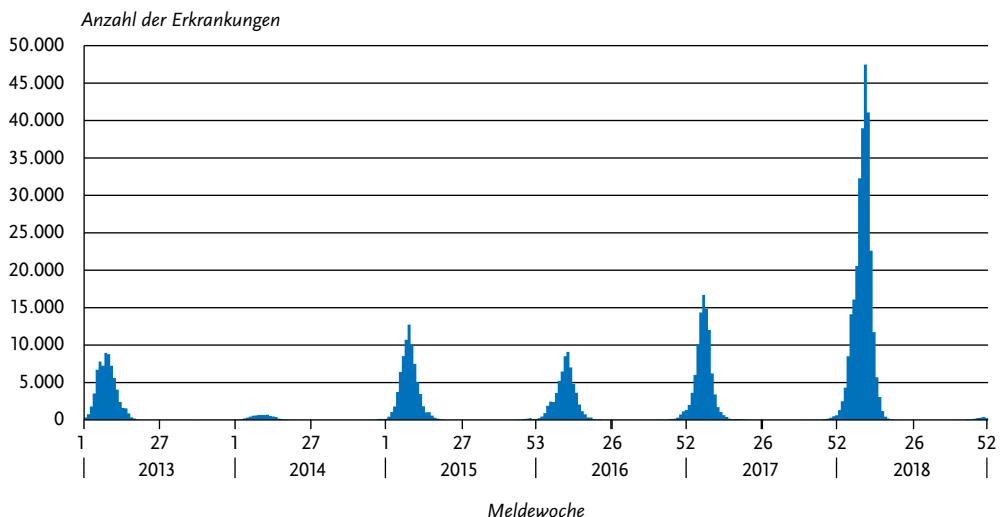
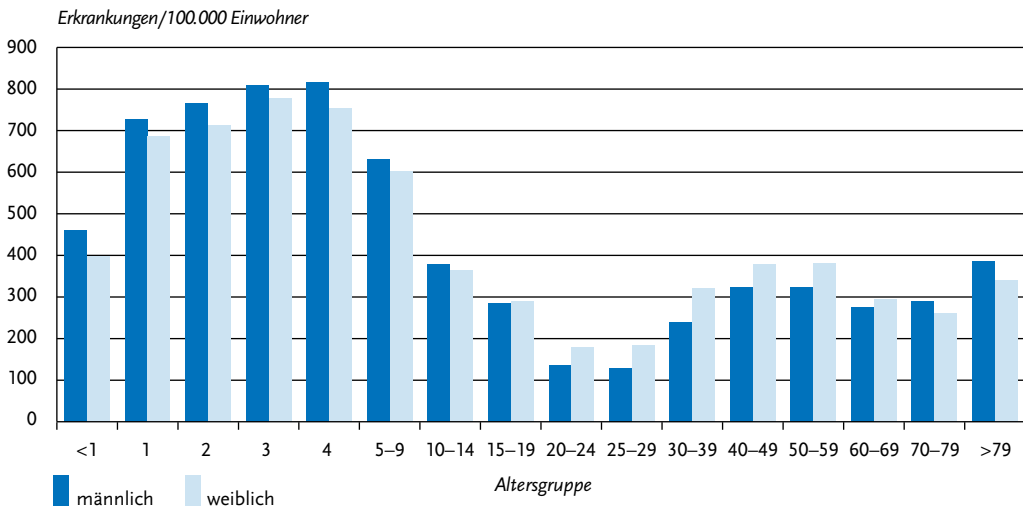


Abb. 6.28.2:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=274.242)



Nachgewiesene Erreger

Die beim Menschen relevanten Virustypen werden mit den Buchstaben A und B bezeichnet. Hierbei wird der Typ A in Subtypen unterteilt, die nach den Oberflächenproteinen Hämagglutinin (H) und Neuraminidase (N) benannt werden, wie zum Beispiel A(H₃N₂). Influenza-B-Viren werden dagegen in 2 sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- und Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Es wird jeweils ein Influenza-Impfstoff mit A(H₃N₂)-, A(H₁N₁)- und B-Komponente verwendet (trivalenter Influenza-Impfstoff). Seit der Saison 2013/14 sind auch quadrivalente Impfstoffe mit einer zusätzlichen B-Virus-Variante in Deutschland verfügbar, sodass jeweils eine Komponente für die Yamagata- und eine Komponente für die Victoria-Linie enthalten sind. In der Saison 2017/18 war überwiegend trivalenter Impfstoff verimpft worden, als Influenza-B-Komponente war ein B-Virus aus der Victoria-Linie enthalten.

Unter den 265.716 als Influenza A oder Influenza B charakterisierten, übermittelten Influenza-Erkrankungen aus der 1. bis 22. MW 2018 wa-

ren Infektionen mit Influenza B von Beginn an dominant und damit deutlich häufiger (n=184.734; 70%) als Infektionen mit Influenza A (n=72.137; 27%). Mit 99% aller Influenza-B-Viren im Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza wurden B-Viren der Yamagata-Linie am häufigsten nachgewiesen und dominierten damit die Welle. Insgesamt 3,3% (n=8.823) der Erreger wurden nicht nach Influenza A oder B differenziert. Unter den 62.396 Influenza-A-Erkrankungen mit bekanntem Subtyp wurde in der Grippewelle 2017/18 jedoch fast ausschließlich der Subtyp A(H₁N₁)pdm09 mit 91% nachgewiesen.

Der Altersmedian der Patienten mit Influenza A (unabhängig von der Subtypisierung) lag bei 37 Jahren, der Altersmedian bei Patienten mit Influenza A (H₃N₂)- bei 36 Jahren und bei Influenza A(H₁N₁)pdm09-Erkrankungen wie im Vorjahr bei 29 Jahren. Unter den Influenza-B-Erkrankungen war der Altersmedian mit 47 Jahren höher. Im Vergleich zur Vorjahressaison sind die Altersmediane insgesamt gestiegen (bis auf Erkrankungen mit A(H₁N₁)pdm09) – insbesondere aber für Infektionen mit Influenza B. Hier ist der Altersmedian von 12 Jahren in der Saison 2015/16 auf 40 Jahre in der Saison 2016/17 nun auf 47 Jahre in der Saison 2017/18 gestiegen (Saison 2016/17: In-

fluenza A: 46 Jahre, A(H3N2): 36 Jahre, A(H1N1)pdm09: 29 Jahre, Influenza B: 40 Jahre).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2018 wurde mit 22 % ein leicht niedriger Anteil an hospitalisierten Patienten im Vergleich zum Vorjahr (27 %) übermittelt. Von den 51.109 hospitalisierten Influenzapatienten mit Altersangabe waren 29.503 (58 %) 60 Jahre oder älter, gefolgt von der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen (24 %). Der Anteil letzterer Altersgruppe hat sich im Vergleich zum Vorjahr kaum verändert und war damit auch weiterhin höher als der Anteil bei den 5- bis 14-Jährigen (10 %). Einen höheren Anteil in der Saison 2017/18 nahm dagegen die Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen (14 %) ein. Bei Erkrankten, die älter als 69 Jahre waren, wurde ein Hospitalisierungsanteil von 62 % übermittelt (Vorjahressaison: 69 %). Grundsätzlich überschätzen diese Angaben jedoch die tatsächlichen Anteile der Krankenhauseinweisungen unter allen Influenza-Fällen, da es sich bei den übermittelten Fällen einerseits um laborbestätigte oder epidemiologisch bestätigte Erkrankungen handelt, die eher »typisch« bzw. schwer verliefen. Andererseits gehen ältere Menschen häufig nicht wegen einer akuten Atemwegserkrankung zum Hausarzt und werden dann erst bei schwerem Krankheitsverlauf mit Krankenhauseinweisung auf Influenza getestet. Zudem scheinen hospitalisierte Patienten in den letzten Jahren labordiagnostisch verstärkt auf Influenzaviren untersucht zu werden (s. a. Abschnitt Datenqualität).

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2018 wurden 1.121 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, bei denen die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen hat. Davon entfielen 74 % auf die Altersgruppe der über 69-Jährigen und nur 2,5 Prozent auf die unter 20-Jährigen. Dagegen betrug der Anteil der Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen rund 10 % (Vorjahr: 4 %). Der Altersmedian der Verstorbenen lag bei 80 Jahren und damit leicht niedriger als in der Vorjahressaison (84 Jahre).

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöh-

tes Infektionsrisiko haben, wird die jährliche Influenzaimpfung im Herbst/Frühwinter durch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfohlen.

Für die saisonale Influenza betrifft dies alle Personen ab 60 Jahre, Personen jeden Alters mit chronischen Vorerkrankungen, Schwangere ab dem 2. Trimenon sowie Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Die STIKO hat zu Beginn des Jahres 2018 ihre Empfehlungen hinsichtlich der Influenzaimpfung angepasst. Empfohlen wurde nun ein quadrivalenter (Vierfach-Impfstoff) Impfstoff als Standardimpfung für alle Personen ab 60 Jahren bzw. mit entsprechender Indikation. Am 05.04.2018 hatte der Gemeinsame Bundesausschuss (G-BA) mit seiner Empfehlung die Voraussetzungen dafür geschaffen, dass sich GKV-Versicherte mit einem quadrivalenten Impfstoff gegen die saisonale Grippe impfen lassen können. Bis Anfang April 2018 gab es für die gesetzlichen Krankenkassen keine verbindliche Regelung, ob für diese Impfung ein Drei- oder Vierfach-Impfstoff zu verwenden war. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen.

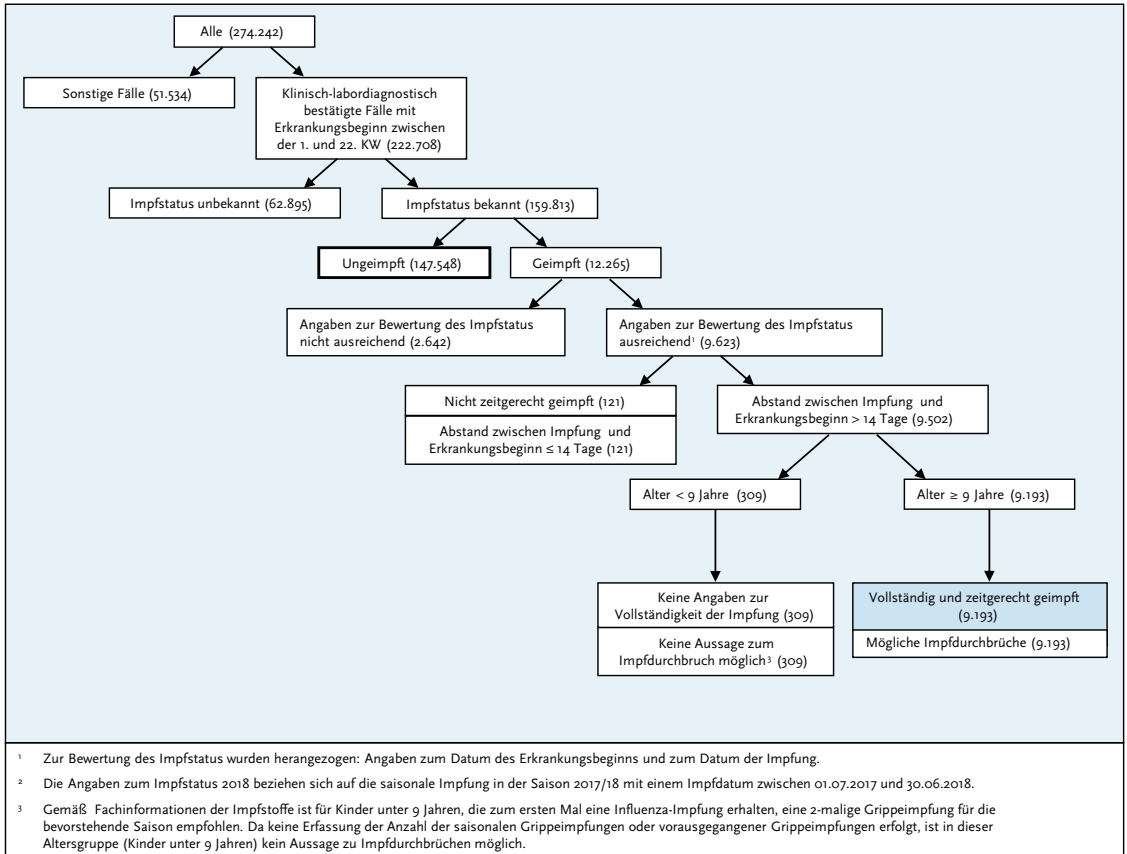
Für die Saison 2017/18 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- ▶ Influenza-A(H1N1)-Komponente: ein A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-A(H3N2)-Komponente: ein A/Hongkong/4801/2014 (H3N2)-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-B-Komponente: ein B/Brisbane/60/2008-ähnliches Virus (Victoria-Linie)

Für quadrivalente Impfstoffe wurden die Antigene der oben genannten Viren sowie ein B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus (Yamagata-Linie) empfohlen.

Von den 274.242 für 2018 übermittelten Influenza-Erkrankungen waren 222.708 klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW

Abb. 6.28.3:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=274.242)



2018. Bei 159.813 Fällen (72%) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 92% (147.548) als nicht geimpft und 7,7% (12.265) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.28.3). Im Vergleich zum Vorjahreszeitraum ist für das Jahr 2018 absolut gesehen ein Anstieg zu verzeichnen an übermittelten Fällen mit Impfanamnese. In Relation zu den Fallzahlen und zur Saison lag jedoch der Anteil der an Influenza Erkrankten mit Impfung in der Saison 2016/17 mit 10% (5.647 geimpft) etwas höher.

Die folgende Auswertung beschränkt sich auf die Fälle, die eine saisonale Impfung in der Saison 2017/18 mit einem Impfdatum zwischen dem 01.07.2017 und 30.06.2018 erhalten haben. Für 9.623 dieser Fälle lagen bewertbare Angaben zur

Impfung vor. Insgesamt 9.502 Personen waren mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden. Davon waren 9.193 Fälle 9 Jahre und älter und 309 Fälle jünger als 9 Jahre. Etwas mehr als die Hälfte der Influenza-Fälle betraf Personen ab einem Alter von 60 Jahren (5.280, 56%). Dies waren 5 Prozentpunkte weniger als im Vorjahreszeitraum.

Für Kinder unter 9 Jahren, die zum ersten Mal eine Influenza-Impfung erhalten, ist in den Fachinformationen der Impfstoffe eine 2-malige Grippeimpfung für die bevorstehende Saison empfohlen. Seit Januar 2016 wird die Anzahl der Impfungen nicht mehr erfasst. Daher kann nicht festgestellt werden, wie viele der 309 Kinder unter 9 Jahren 2-mal geimpft wurden. Wie viele der Kin-

der bereits in der vorherigen Saison gegen Influenza geimpft worden sind, ist ebenfalls unbekannt. Daher ist in dieser Altersgruppe (Kinder unter 9 Jahren) die Aussagekraft zu Impfdurchbrüchen weniger gut belegbar als bei den Erwachsenen. Bei Erwachsenen ist nach den Fachinformationen der Impfstoffhersteller eine einmalige Grippeimpfung pro Saison auch bei erstmaliger Impfung gegen Influenza ausreichend. Die 9.193 übermittelten Influenza-Fälle zwischen der 1. und der 22. Meldewoche mit einem Alter von mindestens 9 Jahren sind somit als mögliche Impfdurchbrüche zu werten.

Aufgrund des höheren Risikos für einen schweren Krankheitsverlauf rät die STIKO allen Menschen ab 60 Jahren zu einer jährlichen Influenza-Impfung, auch wenn die Influenza-Impfung bei älteren Menschen im Vergleich zu jungen Erwachsenen weniger wirksam ist. Unabhängig vom Impfstatus ist infektionshygienisches Verhalten wie die Vermeidung des engen Kontakts zu Erkrankten und häufiges Händewaschen insbesondere während der Grippewelle empfehlenswert. Die für Geschlecht, Altersgruppe, Vorliegen einer Grunderkrankung und Erkrankungswoche adjustierte Wirksamkeit der Impfung in der Saison 2017/18 gegen eine laborbestätigte Influenza wurde basierend auf den Daten aus der virologischen Surveillance der AGI als niedrig eingeschätzt und lag bei 15 % (95 %-Vertrauensbereich -15 bis 37 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 5.704 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 23.186 Erkrankungen im Alter zwischen 0 und 114 Jahren übermittelt. Durchschnittlich waren pro Ausbruch 4 Fälle beteiligt. Etwa die Hälfte (49 %) der Ausbruchsfälle gehörten zu 677 größeren Ausbrüchen mit jeweils 5 oder mehr Fällen. Der Altersmedian der im Rahmen von Ausbrüchen erkrankten Fälle mit bekanntem Alter ($n=22.841$) lag mit 32 Jahren deutlich unter dem Altersmedian aller Fälle (45 Jahre, s.o.). Fast die Hälfte (44 %) aller Ausbruchsfälle waren 0 bis 17 Jahre alt, und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bilden die häufige Meldung und Übermittlung von Ausbrüchen in Kindergärten und Schulen ab. Ursächlich ist die große Anzahl von Infektionen von Kindern, die erstmals mit Influenzaviren in Kontakt kommen und ohne vorbe-

stehende Immunität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert. Hier wurden im Vergleich zum Vorjahr jedoch deutlich weniger Fälle übermittelt. Insgesamt waren 15 % der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt (3.388 Fälle; Vorjahr: 2.467 Fälle, 27 %). Von ihnen wurde etwas mehr als die Hälfte hospitalisiert (59 %) und rund 3 % verstarben (98 Fälle). Das waren 8,7 % der Todesfälle, die 2018 als influenzabedingt verstorben übermittelt wurden (insgesamt 1.121, s. o.).

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza an den labordiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza-Erkrankungen vor. Außerdem steigt der Anteil der Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, weiter an, sobald keine Angaben zum klinischen Bild vorliegen. Diese Fälle werden jedoch in der regelmäßigen Influenzaberichterstattung des RKI zusätzlich ausgewertet. Die dargestellten Daten werden aber auch davon beeinflusst, wie viele Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit entweder in der AGI oder bei Initiativen der Bundesländer an labordiagnostisch unterstützten Surveillance-Aktivitäten sowie z. B. an Studien zu Influenza von Universitäten oder pharmazeutischen Unternehmen beteiligen. Für geografische Vergleiche auf Bundesland- oder Landkreisebene eignet sich die Inzidenz der gemäß IfSG gemeldeten Fälle aus diesem Grund nicht.

Auch der Vergleich der Inzidenzen über mehrere Jahre würde bei Influenza zu Fehlinterpretationen führen, da die oben geschilderten Initiativen teilweise nur für eine Saison durchgeführt oder neue diagnostische Netzwerke etabliert werden, die die Zahl der Fälle dann ab einer bestimmten Saison steigen lassen.

Insbesondere seit der Pandemie 2009, aber auch in den folgenden Jahren haben Krankenhäuser die labordiagnostische Absicherung einer Influenza-Erkrankung verstärkt in die Routineuntersuchungen integriert (auch im Rahmen sogenannter Multiplex-Nachweismethoden), sodass mehr hospitalisierte, an Influenza erkrankte Fälle zur Meldung gelangten und übermittelt wur-

den. Die Anteile der Hospitalisierten und der Todesfälle unter den übermittelten Fällen spiegeln daher nicht die realen Anteile in der Bevölkerung wider, sondern werden überschätzt.

Für die Bewertung der Krankheitslast und eine geografische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinelveillance der AGI erhoben werden, besser geeignet. Das Meldesystem gibt hingegen den zeitlichen Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen und die Betroffenheit der einzelnen Altersgruppen durch Influenza gut wieder. Vor dem Hintergrund sehr stark erhöhter Aktivität und der hohen Anzahl schwerer Verläufe wurde die Grippewelle in der Saison 2017/18 nach Auswertungen der AGI als außergewöhnlich schwer eingestuft.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2017/18 spiegeln eine deutlich stärkere Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr, aber auch im Vergleich zu allen vorangegangenen Influenzawellen seit Inkrafttreten des Infektionsschutzgesetzes wider. Der Erkrankungsgipfel lag hier erneut bei Kindern. Im Vergleich zum Vorjahr war jedoch auch die Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen stärker betroffen, ähnlich wie die Gruppe der Hochaltrigen (ab 80 Jahre). Grundsätzlich dominierte Influenza B (Yamagata-Linie) die Welle; lediglich unter den jüngeren Altersgruppen, die einen Arzt aufsuchten, wurde häufiger Influenza A(H1N1)pdm09 nachgewiesen. So lag der Altersmedian für Erkrankungen mit Influenza B bei 47 Jahren, für Erkrankungen mit Influenza A(H1N1)pdm09 dagegen bei 29 Jahren. Im Vergleich zur Vorjahressaison wurde ein etwas geringerer Anteil (22 %) an hospitalisierten Patienten gemeldet. Hospitalisierte Fälle wurden hauptsächlich für die Altersgruppen der 0- bis 4-Jährigen und >60-Jährigen übermittelt. Die Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen war mit 14 % jedoch stärker vertreten als im Vorjahreszeitraum. Insgesamt wurden 1.121 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, darunter waren wie in den Vorjahren die meisten Fälle älter als 69 Jahre. Der Anteil verstorbener Fälle war in der Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen jedoch deutlich höher als in 2017 (Steigerung von 4 % auf 10 %).

Insgesamt wurde eine niedrige Wirksamkeit des Impfstoffes berechnet. Ein Grund dafür war sicher, dass die hauptsächlich zirkulierenden Influenza-B-Viren aus der Yamagata-Linie nicht im mehrheitlich verimpften trivalenten, inaktivierten Influenza-Impfstoff enthalten waren. Impfdurchbrüche wurden mehrheitlich in der Altersgruppe der ab 60-Jährigen verzeichnet.

Literaturhinweise

- RKI: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2017/18*. <https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx>
- Buda S, Preuß U, Wedde M, Dürrwald R: *Wirksamkeit der Impfung gegen saisonale Influenza (Impfeffektivität)*. In: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland Saison 2017/18: 104–107*. <https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx>
- an der Heiden M, Grabenhenrich L, Buchholz U: *Mortalitätssurveillance in Berlin*. In: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland Saison 2017/18: 100–101*. <https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx>
- Lehnert R, Pletz M, Reuss A, Schaberg T: *Antiviral medications in seasonal and pandemic influenza – a systematic review*. *Dtsch Arztebl Int* 2016. doi: <https://doi.org/10.3238/arztebl.2016.0799>
- STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2018/19*. *Epid Bull* 2018; 34:348.
- Neufeind J, Wenchel R, Bödeker B, Wichmann O: *OKA-P11-Studie zur Influenza-Impfung: Impfquoten und Impfmotivation bei Klinikpersonal in der Influenza-Saison 2016/2017*. *Epid Bull* 2018; 32:313–321.
- Dürrwald R, Klessinger S, Ramani-Schulzki S, et al.: *Todesfall eines Kindes im Rahmen eines Influenza-Ausbruchs in einem Kindergarten*. *Epid Bull* 2018; 22:205–208.
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung des quadrivalenten saisonalen Influenzaimpfstoffs*. *Epid Bull* 2018; 2:19–28.
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die geänderte Empfehlung zur Anwendung von Influenza-Impfstoffen bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 2–17 Jahren*. *Epid Bull* 2017; 35:384–385.
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

Zoonotische Influenza A bei Menschen

Kurzbeschreibung

Für zoonotische Erkrankungen kommen nur Influenza-A-Viren in Frage. In Tieren zirkulieren Spezies-spezifische Influenza-A-Viren weltweit in Populationen von Vögeln, Schweinen und Pferden, wobei (Wasser-)Vögel das Hauptreservoir

bilden. In bestimmten Regionen sind auch Hunde (Südostasien, USA) und Katzen (Südostasien) von endemischen Influenza-A-Virusinfektionen betroffen. Weltweit sind bisher humane symptomatische Infektionen meist durch Virusübertragungen von Vögeln und Schweinen auf den Menschen bekannt geworden. In 2016 wurden zwei Menschen mit Influenza-A(H7N2)-Viren von Katzen infiziert, die Teil eines Influenzaausbruchs bei Katzen in den städtischen Tierheimen von New York City waren. Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekanntes Influenzaviren an den Menschen adaptieren und fortgesetzt von Mensch zu Mensch übertragbar werden. Damit haben Influenza-A-Viren, die zoonotische Erkrankungen auslösen, immer ein pandemisches Potenzial. Aus diesem Grund wird nachfolgend auf die internationale Situation bei zoonotischen Übertragungen mit aviären und porcinen Influenzaviren eingegangen.

Neben den ausführlicher beschriebenen humanen Erkrankungen durch aviäre Influenzaviren der Subtypen A(H5N1), A(H7N9), A(H5N6) und A(H9N2) sind in China auch einzelne humane Erkrankungen mit dem aviären Influenzavirus A(H10N8) identifiziert worden. Zudem hatte am 14. Februar 2018 die Nationale Gesundheits- und Familienplanungskommission (NHFPC) Chinas der WHO einen Fall einer humanen Infektion mit dem Vogelgrippevirus A(H7N4) gemeldet.

Die USA berichteten wie in den Vorjahren von zoonotischen Übertragungen mit porcinen Influenzaviren auf den Menschen.

Aviäre Influenza A(H5N1)

Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel hoch pathogenen) aviären Influenza A(H5N1) bei Wildvögeln und Hausgeflügel in mehr als 60 Ländern auf 3 Kontinenten ausgebreitet. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel. In mehreren außereuropäischen Ländern gab es Cluster mit mindestens 2 epidemiologisch verbundenen menschlichen Fällen, die größtenteils auf eine gemeinsame Exposition zu Geflügel zurückgeführt wurden. Es ist allerdings wahrscheinlich, dass vereinzelt Übertragungen von Mensch zu Mensch stattgefunden haben.

Die WHO bestätigte, dass von 2003 bis Februar 2019 (Datenstand: 14.03.2019) bei 860 Personen (aus 16 Ländern) aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen wurde und davon 53% (454 Fälle) verstarben. Die höchsten Fallzahlen wurden von 2004 bis 2005 in Vietnam, von 2006 bis 2008 in Indonesien und von 2009 bis 2016 in Ägypten verzeichnet. Im Jahr 2018 wurde kein Fall an aviärer Influenza gemeldet; der letzte Fall wurde am 27.09.2017 gemeldet (Datenstand: 14.03.2019). Bisher war die Letalität der in Ägypten identifizierten Fälle niedriger als in anderen Ländern. Die von Jahr zu Jahr schwankende Letalität kann teilweise durch eine jeweils unterschiedliche geografische Verteilung der verschiedenen zirkulierenden Influenza A(H5N1) Virusstämme (Clades) sowie der je nach Gesundheitssystem der Länder unterschiedlich schnellen Identifikation und nachfolgenden Behandlung der Fälle bedingt sein.

Aviäre Influenza A(H7N9)

Im April 2013 wurde in China bei Hühnern, Enten und zum Verzehr bestimmten Tauben sowie in Umgebungsproben von Geflügelmärkten ein neues aviäres (für Geflügel niedrig pathogenes) Influenza-A(H7N9)-Virus identifiziert, nachdem dieses Virus zunächst erstmals bei 3 schwer erkrankten Menschen in Shanghai und der Provinz Anhui nachgewiesen worden war. Anschließend wurden bis 2017 jährlich im Winterhalbjahr Erkrankungshäufungen mit humanen Infektionen durch Influenza-A(H7N9)-Viren in China gemeldet. Während der fünften Welle, die vom 01.10.2016 bis zum 30.09.2017 gedauert hatte, berichtete die WHO von 766 menschlichen Infektionen mit dem asiatischen A(H7N9)-Virus und damit die bisher größte A(H7N9)-Epidemie. Im Februar 2017 wurde erstmals von Nachweisen eines neuen Influenza-A(H7N9)-Virus in China berichtet, das für Geflügel hochpathogen ist. Während der fünften Erkrankungswelle in der Saison 2016/17 wurden 25 humane Fälle identifiziert, die mit dem hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Virus infiziert waren. Unterschiede in der Krankheitsschwere der humanen Fälle zwischen niedrig und hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Viren wurden bisher nicht gezeigt. Die Letalität nach einer Influenza-A(H7N9)-Infektion hatte sich nicht wesentlich verändert, sie lag bisher je nach Erkrankungswelle zwischen 32 % und 44 %.

Seit 2013 wurden der WHO insgesamt 1.568 laborbestätigte Fälle von Infektionen mit aviären Influenza-A(H7N9)-Viren gemeldet (Datenstand: 08.04. 2019), darunter mindestens 615 (39 %) Todesfälle. Bisher wurde im siebten Winterhalbjahr, welches von Oktober 2018 bis April 2019 geht, von einem humanen Fall mit Influenza A(H7N9) Anfang April 2019 berichtet. Im sechsten Winterhalbjahr wurden nur noch 3 humane A(H7N9) Fälle berichtet, im Gegensatz zu den Erkrankungshäufungen in den Vorjahren.

Eine begrenzte Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde nur in Einzelfällen beobachtet, zu einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen ist es bisher aber nicht gekommen. Ein Großteil der Fälle geht auf Kontakt mit infiziertem Geflügel oder verunreinigter Umgebung wie z. B. Geflügelmärkte zurück. Um die Ausbreitung von Infektionen zu begrenzen, hatte die chinesische Regierung Ende 2017 landesweit ein Impfprogramm für Geflügel gestartet. Dieses Impfprogramm scheint nicht nur die Verbreitung des Erregers im Geflügel vermindert zu haben, sondern führte wohl auch zu dem drastischen Rückgang der Zahl humaner Fälle.

Das Risiko einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen wird weiterhin als gering bewertet.

Aviäre Influenza A(H5N6)

Möglicherweise bedingt durch die intensivierete Influenzasurveillance in China wegen des Auftretens von humanen Fällen mit Influenza A(H7N9), wurden insgesamt 23 labordiagnostisch bestätigte humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) aviärer Influenza A(H5N6) von 2014 bis zum 16.03.2019 in China identifiziert und an die WHO berichtet, darunter 7 Todesfälle. Der letzte Fall wurde am 23.11.2018 gemeldet.

Aviäre Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2)-Viren und ihre Reassortanten stellen eine zunehmende Bedrohung für Vögel und Menschen in China dar. In den Jahren 2009 bis 2013 sind in China mehrere neuartige Influenza-A-Subtypen mit ursprünglich aus Influenza A(H9N2)-Viren stammenden Genen entstanden. Aviäre Influenzaviren des Subtyps A(H9N2) selbst haben ebenfalls in den letzten Jahren vereinzelt zu humanen Erkrankungen, in den allermeis-

ten Fällen bei Kindern in Asien, geführt. Im Jahr 2018 wurden von China 7 humane A(H9N2)-Fälle gemeldet, im Jahr 2019 waren es bisher 2 Fälle. Seit Dezember 2015 wurden in China insgesamt 26 A(H9N2)-Fälle in Menschen an die WHO berichtet (Stand 03.04.2019). Die Symptome in den bisher beschriebenen Fällen sind eher mild und ähnelten denen einer saisonalen Influenza.

Porcine Influenza

Die in Schweinen nachgewiesenen Influenza-A-Viren (porcine Viren) gehören zu den gleichen Subtypen, die auch bei Menschen zirkulieren. Um deutlich zu machen, dass ein Mensch mit einem porcinen Virus infiziert wurde, werden Schweine-Influenzaviren aus menschlichen Proben mit dem Kürzel „v“ für Variante gekennzeichnet: A(H1N1)v, A(H3N2)v. Die Krankheitsschwere ist oft mit einer saisonalen Grippeerkrankung vergleichbar. In Schweinen sind Influenzaviren weltweit endemisch und können ebenfalls eine Atemwegssymptomatik verursachen.

Seit den 1950er Jahren wurden weltweit mehr als 500 Fälle von porciner Influenza bei Menschen registriert, der Großteil davon seit 2005 in den USA. Viele der Patienten hatten Kontakt zu Schweinen – häufig auf Landwirtschaftsmessen, die in den USA in den Sommer- und Herbstmonaten stattfinden. Zwischen Juni und August 2018 wurden in 4 Staaten (Kalifornien, Michigan, Ohio und Indiana) von der US Centers for Disease Control and Prevention (CDC) 14 porcine Influenzavirus-Infektionen bei Menschen gemeldet, von denen 13 Influenza A(H1N2)v und 1 Influenza A(H3N2)v waren. Die Mehrheit der Patienten (13) erkrankte nach Exposition gegenüber Schweinen auf einer Landwirtschaftsmesse.

Auch in Australien wurde im Jahr 2018 ein Influenza-A(H3N2)v-Fall gemeldet. Die Patientin hatte ebenfalls eine Landwirtschaftsmesse besucht.

In Deutschland wurden zwischen 2007 und 2011 bisher insgesamt 5 Fälle mit porciner Influenzavirus-Infektion vom Nationalen Referenzzentrum für Influenza bestätigt.

Situation in Deutschland

In Deutschland müssen seit dem 01.05.2016 Verdachts-, Erkrankungs- und Todesfälle von zoonotischer Influenza beim Menschen gemäß der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

gemeldet werden. Beim Eingang einer Verdachtsmeldung von zoonotischer Influenza am Gesundheitsamt sollte unverzüglich eine Übermittlung gemäß § 12 IfSG erfolgen. Das RKI hat für humane Fälle mit Influenza-A(H₅N₁)- und Influenza-A(H₇N₉)-Virusinfektion jeweils eine Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung veröffentlicht. Bei einigen wenigen humanen Verdachtsfällen von Influenza A(H₇N₉), die gemeldet und gemäß § 12 Abs. 1 IfSG an das RKI übermittelt wurden, konnte das Nationale Referenzzentrum für Influenza den Verdacht auf aviäre Influenzavirus-Infektion nach Analyse der Patientenproben ausschließen. In Deutschland wurden wie in den Vorjahren keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt. Die humanen Fälle mit porciner Influenzavirus-Infektion aus den Jahren 2007 bis 2011 sind im Epidemiologischen Bulletin 39/2011 näher beschrieben.

In Vögeln in Deutschland wurde nach einzelnen Ausbrüchen bis 2009 im November 2014 erstmals wieder hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) in einer Geflügelhaltung festgestellt. Das bis dahin in Europa noch nie identifizierte HPAI-A(H₅N₈)-Virus wurde nachfolgend auch in Geflügelbeständen in den Niederlanden und im Vereinigten Königreich, sowie im Januar 2015 in weiteren Geflügelbeständen in Deutschland nachgewiesen. Ab November 2016 war das HPAI-A(H₅N₈)-Virus (sowie die lokalen Reassortanten A(H₅N₂) und A(H₅N₆)) erneut bei Wildvögeln und Geflügel in fast allen Teilen Deutschlands und in zahlreichen Ländern Europas nachgewiesen worden, im Frühsommer 2017 ist diese Epidemie allerdings wieder zurückgegangen. Der letzte HPAI-Nachweis in Vögeln in Deutschland wurde am 21.03.2018 von Schleswig-Holstein gemeldet. Es handelte sich um einen Fall von HPAI A(H₅N₆) in einer kleinen Geflügelhaltung auf einer Hallig.

Literaturhinweise

- ECDC (2019): *Surveillance report: Avian influenza overview November 2018 – February 2019*. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-report-avian-influenza-overview-november-2018-february-2019>
- WHO (2019): *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface*. www.who.int/influenza/human_animal_interface/HAI_Risk_Assessment/en

Friedrich-Loeffler-Institut: *Ungekürzte Risikobewertung zu Einschleppung und Auftreten von HPAIV H₅ vom 08.11.2017*. www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00006669/HPAI_Risikobewertung_2017-11-08.pdf

RKI: *Zoonotische Influenza*. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html

RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.29 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **12.907**
- ▶ Abnahme der Erkrankungszahl um 23 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern und Jugendlichen mit einem Maximum bei Säuglingen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 73 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 606 Ausbrüche mit 1.945 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Keuchhusten ist eine hochansteckende respiratorische Infektionskrankheit, die durch das gramnegative Bakterium *Bordetella pertussis*, seltener durch *B. parapertussis*, verursacht wird. Nach unspezifischen, erkältungsähnlichen Symptomen von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallartige Husten, der häufig mit Atemnot und Erbrechen einhergeht und erst nach mehreren Wochen bis Monaten abklingt. Bei Jugendlichen und Erwachsenen ist das klinische Bild häufig weniger stark ausgeprägt. Bei Säuglingen können klinisch Apnoen im Vordergrund stehen. Komplikationen wie Lungenentzündungen, Atelektasen, Mittelohrentzündungen, seltener zerebrale Krampfanfälle oder Enzephalopathien treten vor allem bei Säuglingen auf. Gegen *B. pertussis* stehen verschiedene Totimpfstoffe zur Verfügung. Eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Tab. 6.29.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	453	2 %	363	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	16.401	63 %	12.544	62 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6.698	26 %	5.263	26 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.483	10 %	2.046	10 %
alle	26.035	100 %	20.216	100 %
Referenzdefinition (B+C)	16.854	65 %	12.907	64 %

Falldefinition

Von 20.216 im Jahr 2018 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 7.309 (36 %) nicht die Referenzdefinition, da Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren. Dieser Anteil hat sich im Vergleich zum Vorjahr (35 %) kaum geändert und ist mit 42 % (6.579 von 15.607 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 16 % (729 von 4.606 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 12.907 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 23 % ab (2018: 12.907; 2017: 16.854). Die Keuchhusten-Erkrankungen traten im gesamten Jahresverlauf auf, jedoch wesentlich häufiger im I. Quartal mit 35 % aller Erkrankungen (s. Abb. 6.29.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 20 Erkr./100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in den 5 östlichen Bundesländern sowie in Bayern

Abb. 6.29.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 (n=12.907) im Vergleich mit den Vorjahren

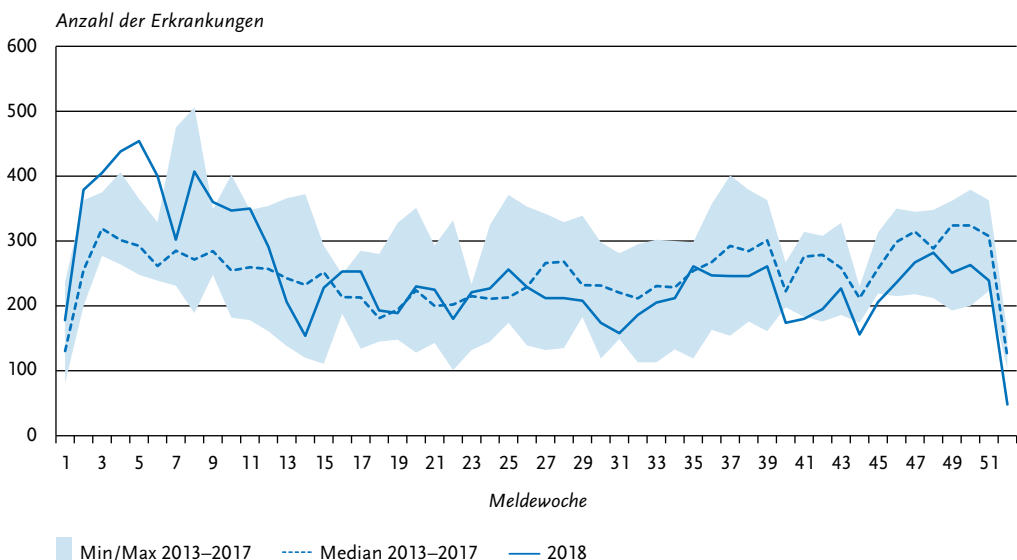
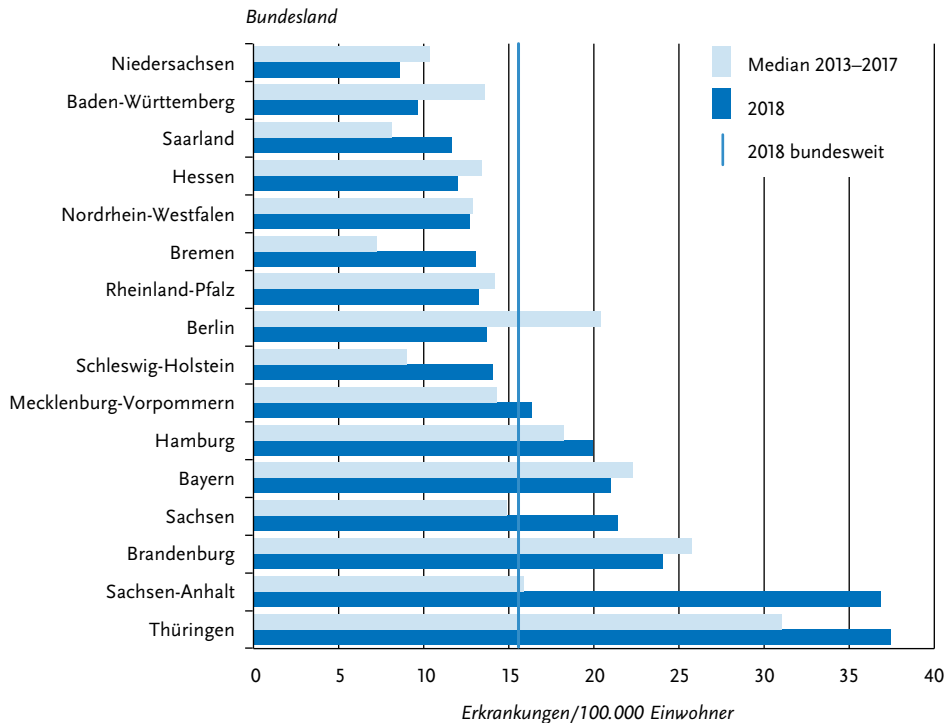


Abb. 6.29.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=12.905)



und Hamburg über diesem Wert und in den übrigen Bundesländern darunter (s. Abb. 6.29.2). Die Inzidenz stieg insbesondere in Sachsen-Anhalt, Bremen, Schleswig-Holstein, Sachsen, dem Saarland und Thüringen deutlich im Vergleich zu den Vorjahren an.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 7.042 Erkrankungen (55 %) vor (7.069 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (97 % der Nennungen).

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten mit 46 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen auf. Die zweithöchste Inzidenz fand sich bei den 10- bis 14-jährigen Kindern mit 41 Erkr./100.000 Einw. Die restlichen Altersgruppen unter den Kindern und Jugendlichen wiesen zwar vergleichsweise geringere, aber durchweg Inzidenzen von über 24 Erkr./100.000

Einw. auf, während diese bei den Erwachsenen im Alter ab 20 Jahren zwischen 6 (bei den über 79-Jährigen) und 15 Erkr./100.000 Einw. (bei den 40- bis 49-Jährigen) lag.

Insgesamt lag die Inzidenz bei weiblichen Personen mit 17 Erkr./100.000 Einw. höher als bei männlichen (14 Erkr./100.000 Einw.). Nur bei Säuglingen sowie (geringfügig) bei den 1- und 2-Jährigen waren männliche Personen stärker betroffen (s. Abb. 6.29.3).

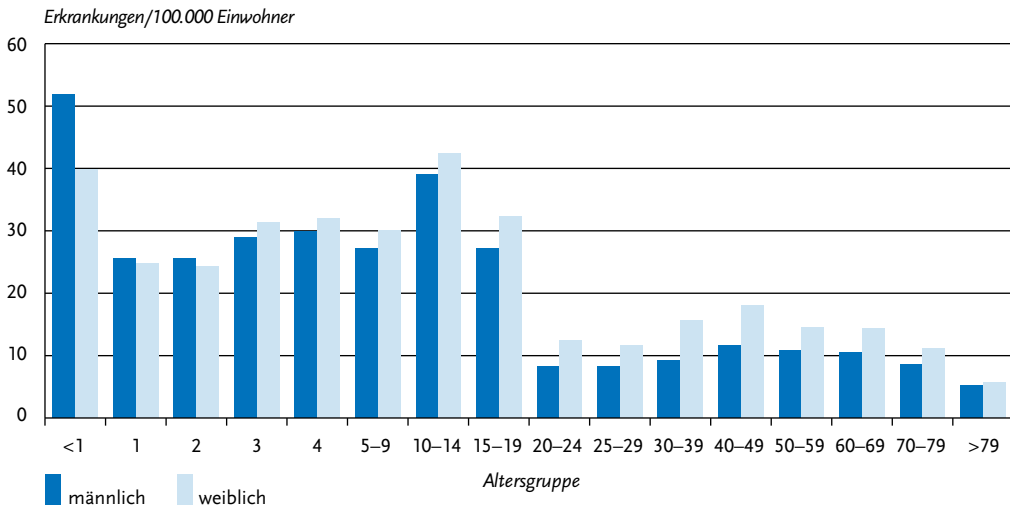
Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 11.870 (92 %) der 12.907 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 90 %). Davon waren ähnlich wie im Vorjahr 96 % *B. pertussis* und 4 % *B. parapertussis*.

Klinische Aspekte

Für 11.558 Erkrankte (90 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 621 (5 %) aufgrund ihrer Erkrankung im Kranken-

Abb. 6.29.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=12.862)



haus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 53 % (180 von 341) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er bei 6 %, bei 2- bis 69-Jährigen zwischen 1 und 5 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 11 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 14 %. Apnoen wurden bei 63 (17 %) der 362 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Keuchhusten übermittelt.

Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 4 Impfdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten.

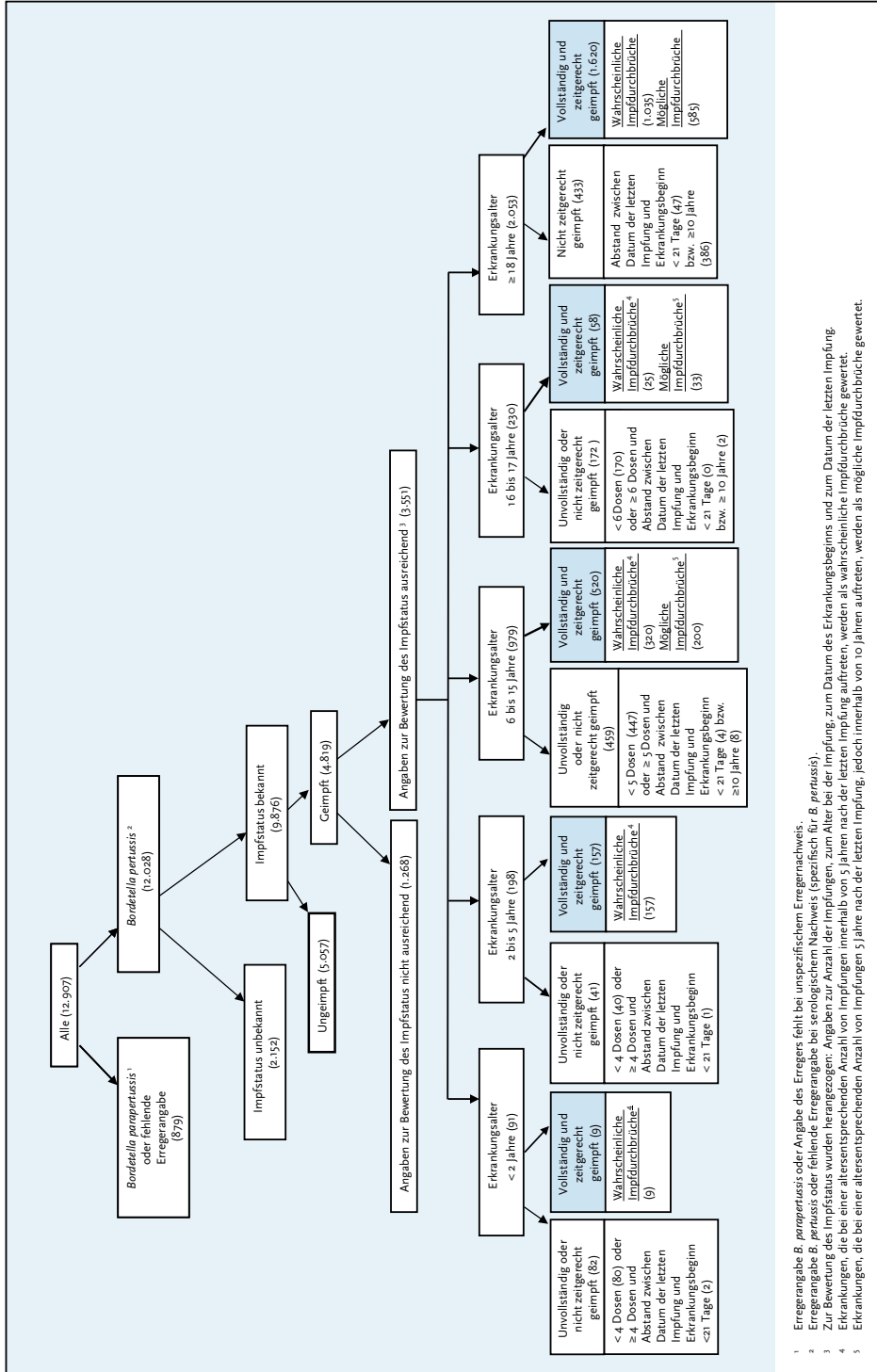
Zudem empfiehlt sie Auffrischimpfungen im Vorschul- und Jugendalter sowie für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap). Die Entscheidung, ob bei einem beobachteten Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf diesen Empfehlungen, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tab. 6.29.2 zeigt für verschiedene Altersgruppen die Mindestanzahl erforderlicher Impfdosen, die den Empfehlungen der STIKO entsprechen, wenn zeitgerecht geimpft wurde. Aktuelle Daten deuten darauf hin, dass die erwartete Dauer des Immunschutzes ab dem Zeitpunkt der letzten Impfung beim größten Teil der Geimpften zwischen 5–10 Jahren liegt, wobei der Immunschutz erst 3 Wochen nach der letzten

Tab. 6.29.2:
Anzahl empfohlener Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs nach derzeit gültigem STIKO-Impfkalender und erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung nach Lebensalter.

Alter	< 2 Jahre	2–5 Jahre	6–15 Jahre	16–17 Jahre	≥ 18 Jahre
Anzahl empfohlener Impfdosen	4	≥ 4	≥ 5	≥ 6	≥ 7*
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	5 Jahre	5 Jahre	5–10 Jahre	5–10 Jahre	5–10 Jahre

* bei Erwachsenen wird angenommen, dass bereits eine Impfdosis im Erwachsenenalter ausreichend ist

Abb. 6.29-4: Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=12.907)



1 Erregerangabe *B. parapertussis* oder Angabe des Erregers fehlt bei unspezifischem Erregernachweis.
 2 Erregerangabe *B. pertussis* oder fehlende Erregerangabe bei serologischem Nachweis (spezifisch für *B. pertussis*).
 3 Zur Bewertung des Impfstatus wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Alter bei der Impfung, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
 4 Erkrankungen, die bei einer altersentsprechenden Anzahl von Impfungen innerhalb von 5 Jahren nach der letzten Impfung auftraten, werden als wahrscheinliche Impfdurchbrüche gewertet.
 5 Erkrankungen, die bei einer altersentsprechenden Anzahl von Impfungen 5 Jahre nach der letzten Impfung, jedoch innerhalb von 10 Jahren auftraten, werden als mögliche Impfdurchbrüche gewertet.

Impfung als zuverlässig gilt. Für die Bewertung des Impfstatus wurde das Zeitfenster für den erwarteten Immunschutz nach der letzten Impfung in zwei 5-Jahres-Abschnitte unterteilt, um die Unsicherheit bei der Schutzdauer zu berücksichtigen. Erkrankungen, die – bei einer altersentsprechenden Anzahl von Impfungen – innerhalb von 5 Jahren nach der letzten Impfung auftraten, werden als wahrscheinliche und die, die nach einem Abstand von 5–10 Jahren auftraten, als mögliche Impfdurchbrüche gewertet. Bei Erwachsenen wird angenommen, dass sie nicht mehr immunologisch naiv gegen Pertussis sind und bereits eine Impfdosis ausreichend für einen Immunschutz ist.

In die Bewertung der Impfdurchbrüche wurden nur Erkrankungen eingeschlossen, für die eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag, oder solche mit fehlender Erregerangabe, für die ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag (insges. 12.028 Erkrankungen) (s. Abb. 6.29.4). Dieser Nachweis ist spezifisch für *B. pertussis*. Da *B. parapertussis* nicht impfpräventabel ist, wurden Erkrankungsfälle mit der Erregerangabe »*B. parapertussis*« sowie mit fehlender Erregerangabe, für die kein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag, ausgeschlossen (879 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungsfällen lag für 9.876 (82 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 5.057 (51 %) nicht geimpft und 4.819 (49 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfdosen oder das Datum der letzten Impfung bzw. das Alter bei der letzten Impfung bei 1.268 (26 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur von 3.551 (74 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 8.608 Erkrankten bewertbar (5.057 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein und 3.551 Erkrankte mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von den bewertbaren als geimpft übermittelten Erkrankten wurde bei 2.364 der Impfstatus als vollständig und zeitgerecht bewertet; es handelt sich daher um wahrscheinliche (Erkrankung innerhalb von 5 Jahren nach der letzten Impfung) bzw. mögliche (Erkrankung 5–10 Jahren nach der letzten Impfung) Impfdurchbrüche.

Ausbrüche

Insgesamt traten 1.945 der 12.907 (15 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 606 Ausbrüchen auf. Von diesen Ausbrüchen umfassten 523 weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.274 Erkrankungen) und 83 mindestens 5 Erkrankungen (insgesamt 671 Erkrankungen). Bei den 83 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag für 59 (71 %) eine Angabe zum Umfeld vor. Am häufigsten traten Ausbrüche mit mehr als 5 Erkrankungen in Privathaushalten (28; 47 %), Schulen (21; 36 %), gefolgt von Kindergärten (9; 15 %) und Wohnstätten (1; 2 %) auf. Bei den Ausbrüchen mit weniger als 5 Erkrankungen wurden vor allem Privathaushalte (377; 85 %), Schulen (32; 7 %) und Kindergarten- oder Horteinrichtungen (19; 4 %) häufig genannt.

Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, der die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition nicht erfüllte (s. Tab. 6.29.1), bleibt mit 36 % sehr hoch. Möglicher Grund ist, dass eine regelgerechte Meldung nach IfSG durch Labore häufiger erfolgt als bei Ärzten. Infolgedessen werden Zusatzermittlungen bezüglich klinischer Kriterien durch die Gesundheitsämter notwendig, die nicht immer erfolgreich sind. Möglicherweise ist bei Ärzten vor allem in den westlichen Bundesländern die Meldepflicht für Keuchhusten immer noch nicht so bekannt wie in den östlichen Bundesländern, wo Meldepflichten beruhend auf Landesverordnungen schon länger bestehen. Aufgrund des hohen Meldeaufkommens ist die Ermittlung der klinischen Kriterien für die Gesundheitsämter zudem mit hohem Aufwand verbunden. Schließlich könnte es sich bei serologischen Nachweisen ohne Symptombangabe möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen und nicht um akute Erkrankungen handeln.

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 8 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; im Vorjahr hatte dieser Anteil noch bei 10 % gelegen und somit hat sich hier die Datenqualität leicht verbessert. Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Parapertussis-Erkrankungen mit 4 % weiterhin nur einen kleinen Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus.

Bei einem hohen Anteil (18 %) der übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen fehlte die An-

gabe des Impfstatus. Zudem waren bei 26 % der als geimpft übermittelten Erkrankungen die Angaben nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen diese Angaben möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Ferner wurde bei 112 (4,7 %) der 2.364 Fälle, die als ausreichend geimpft eingestuft wurden, ein einmaliger serologischer Nachweis innerhalb von 12 Monaten nach der Impfung als einziger labordiagnostischer Nachweis angegeben, obwohl ein serologischer Nachweis bei dieser Konstellation entsprechend den Empfehlungen des ECDC nicht aussagekräftig ist. Bei diesen Fällen handelt es sich möglicherweise um falsch-positive Diagnosen, wodurch die Anzahl der wahrscheinlichen Impfdurchbrüche in dieser Auswertung überschätzt wird. In der seit 2015 gültigen Falldefinition befindet sich ein entsprechender Hinweis zur Bewertung der Diagnostik am Gesundheitsamt.

Fazit

Die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland ist mit 16 Erkr./100.000 Einw. weiterhin sehr hoch, ist jedoch im Vergleich zum Vorjahr zurückgegangen. Besonders stark betroffen sind weiterhin Säuglinge (46 Erkr./100.000 Säuglinge), die häufig hospitalisiert werden müssen und ein hohes Risiko für Komplikationen tragen. Vermutlich führen Probleme bei der Ermittlung oder Erfassung von klinischen Kriterien dazu, dass die Inzidenz insgesamt unterschätzt wird, da 36 % der Keuchhusten-Übermittlungen zwar labordiagnostisch gesichert waren, jedoch die Kriterien des klinischen Bildes – und daher die Referenzdefinition nicht erfüllten. Die Inzidenz war in den östlichen Ländern höher als im bundesweiten Durchschnitt. Dies liegt möglicherweise an den vollständigeren Übermittlungen und könnte auf eine Verzerrung der epidemiologischen Situation im Surveillance-System hindeuten.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen (67 %) steht im Einklang mit früheren Beobachtungen aus den östlichen Bundesländern und neueren Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der an Pertussis-Erkrankten – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht

geimpft (73 %) und hätte daher zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

- Poethko-Müller C, Kuhnert R, Gillesberg Lassen S, Siedler A: *Durchimpfung von Kindern und Jugendlichen in Deutschland: Aktuelle Daten aus KiGGS Welle 2 und Trends aus der KiGGS-Studie*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:410–421.
- Böhme M, Voigt K, Balogh E, et al.: *Pertussis vaccination status and vaccine acceptance among medical students: multicenter study in Germany and Hungary*. BMC Public Health 2019. doi: 10.1186/s12889-019-6516-8
- Kennerknecht N, Riffelmann M, Voelker U, Wirsing von König CH: *Pertussis surveillance by small serosurveys of blood donors*. Epidemiol Infect 2018; 146:1807–1810.
- Weinberger R, Riffelmann M, Kennerknecht N, et al.: *Long-lasting cough in an adult German population: incidence, symptoms, and related pathogens*. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 2018; 37:665–672.
- Schielke A, Takla A, von Kries R, Wichmann O, Hellenbrand W: *Marked under-reporting of pertussis requiring hospitalization in infants as estimated by capture-recapture methodology, Germany, 2013–2015*. Pediatr Infect Dis J 2018; 37:119–125.
- Haller S, Dehnert M, Karagiannis I, et al.: *Effectiveness of routine and booster pertussis vaccination in children and adolescents, federal State of Brandenburg, Germany, 2002–2012*. Pediatr Infect Dis J 2015; 34:513–519.
- Bödeker B, Remschmidt C, Müters S, Wichmann O: *Influenza, tetanus, and pertussis vaccination coverage among adults in Germany*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:174–181.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. Epid Bull 2019; 18:147–153.
- STIKO: *Überprüfung der Impfempfehlung für eine einmalige Pertussis(ap)-Impfung im Erwachsenenalter (Stand: 15.3.2019)*. Epid Bull 2019; 15:125–127.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.
- Hellenbrand W, Wichmann O, Liese J, et al.: *Drei Jahre bundesweite Keuchhusten-Meldepflicht. Erfahrungsaustausch zwischen ÖGD, Ärzteschaft und beteiligten Laboren zur Identifizierung von Maßnahmen zur Verbesserung der Surveillance*. Epid Bull 2017; 21:187–197.
- Schönfeld V, Hellenbrand W: *Untersuchung eines Keuchhusten-Ausbruchs bei Kindern mit hohen Impfquoten in Kiel*. Epid Bull 2017; 6:55–60.
- RKI-Ratgeber (2017). www.rki.de/ratgeber

6.30 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **1.810**
- ▶ Fallzahlen seit 2014 auf ähnlich hohem Niveau
- ▶ 72% der Erkrankungen mit Infektionsland Deutschland
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- ▶ 29 Ausbrüche mit 100 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die Kryptosporidiose ist eine Darminfektion, die durch Parasiten der Gattung *Cryptosporidium* verursacht wird. *C. parvum* wird von infizierten Menschen und Tieren, z. B. Hunden, Katzen, Rindern und Schafen, mit dem Kot ausgeschieden. *C. hominis* kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. Bei der Spezies *C. hominis*, die häufiger Ausbrüche beim Menschen verursacht, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Die Übertragung der Erreger erfolgt fäkal-oral, über verunreinigtes Wasser oder kontaminierte Lebensmittel. Normalerweise heilt die Erkrankung nach oft wochenlang anhaltenden Bauchschmerzen und Durchfällen von selbst aus, allerdings kann es bei abwehrgeschwächten Patienten zu schweren chronischen und unter Umständen tödlichen Verläufen kommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.30.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 1.810 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme gegenüber dem Vorjahr um 6%. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 2,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und entsprach damit in etwa dem Median der 5 Vorjahre (2,1).

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2018 zeigte sich diese Saisonalität in einer erhöhten Zahl von Erkrankungen im Zeitraum von Anfang August bis Ende Oktober (s. Abb. 6.30.1).

Geografische Verteilung

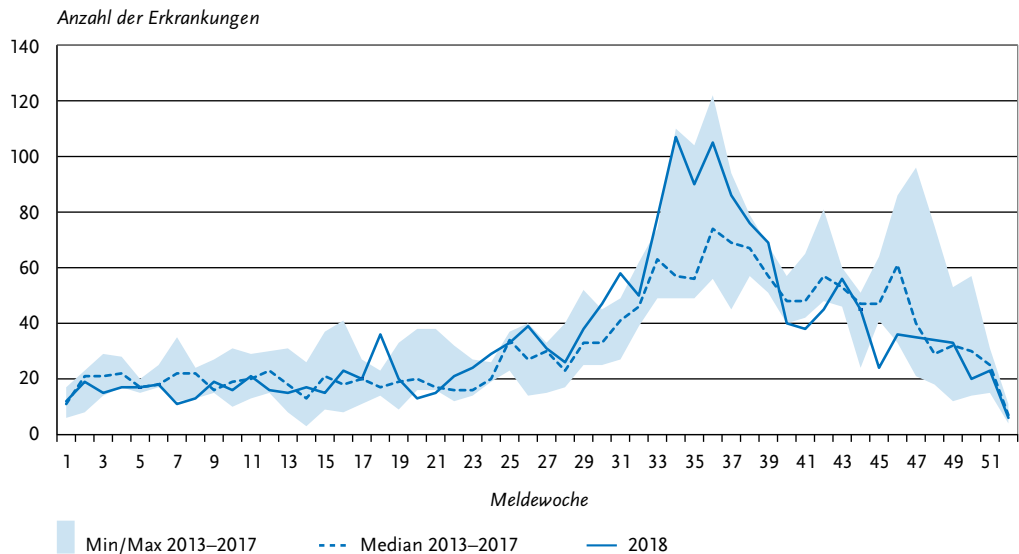
Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während das Saarland (1,0 Erkr./100.000 Einw.), Baden-Württemberg und Schleswig-Holstein (jeweils < 1,0 Erkr./100.000 Einw.) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (7,7), Sachsen (4,8) und Sachsen-Anhalt (4,7) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In 8 Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2018 über dem Median der 5 Vorjahre. Die stärksten relativen Zunahmen wurden in Bremen (71%), Hamburg (64%), Baden-Würt-

Tab. 6.30.1:

Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	14	1%	37	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.695	90%	1.773	88%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	32	2%	37	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	132	7%	160	8%
alle	1.873	100%	2.007	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.709	91%	1.810	90%

Abb. 6.30.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 (n=1.810) im Vergleich mit den Vorjahren



temberg (42%), Rheinland-Pfalz (41%) und Nordrhein-Westfalen (34%) verzeichnet. Die relative Abnahme der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahren war in Hessen (24%), Brandenburg (21%), Berlin (17%) und Schleswig-Holstein (16%) am größten (s. Abb. 6.30.2). In Brandenburg, Nordrhein-Westfalen, Thüringen, Berlin, Hamburg, Sachsen-Anhalt, Sachsen und Mecklenburg-Vorpommern lag die Inzidenz im Jahr 2018 über der bundesweiten Inzidenz (2,2) (s. Abb. 6.30.2).

Bei 1.129 Erkrankungen (62%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.151 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 71% der Nennungen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren die Türkei (40 Nennungen), Spanien (33), Ägypten (26) und Italien (25).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern unter 10 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (11,1 bzw. 10,8 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 52% der Erkrankten waren weiblich (s. Abb. 6.30.3). Bei den 3- und 4-Jährigen war die Inzidenz bei Jungen

(9,0) deutlich höher als bei Mädchen (6,2). Dagegen waren die Inzidenzen in den Altersgruppen der 5- bis 9-Jährigen und der 20- bis 39-Jährigen bei den Mädchen (7,2) bzw. Frauen (3,8) deutlich höher als bei Jungen (5,3) bzw. Männern (2,4).

Klinische Aspekte

Bei 1.807 der übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 95% der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 74% der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2018 wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Kryptosporidiose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 29 Ausbrüche mit insgesamt 100 Erkrankungen übermittelt (2017: 22 Ausbrüche mit 55 Erkrankungen), das entspricht 6% der übermittelten Kryptosporidiosen. 26 der 29 Ausbrüche wurden mit weniger als 5 Erkrankungen übermittelt, bei 3 Ausbrüchen waren 5 oder mehr Personen betroffen. Der größte übermittelte Ausbruch umfasste 28 Erkrankungen und betraf Kinder einer Kindertagesstätte und einer Schule in Thüringen. Die Kinder hatten bei einem Bauern-

Abb. 6.30.2:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=1.810) im Vergleich mit den Vorjahren

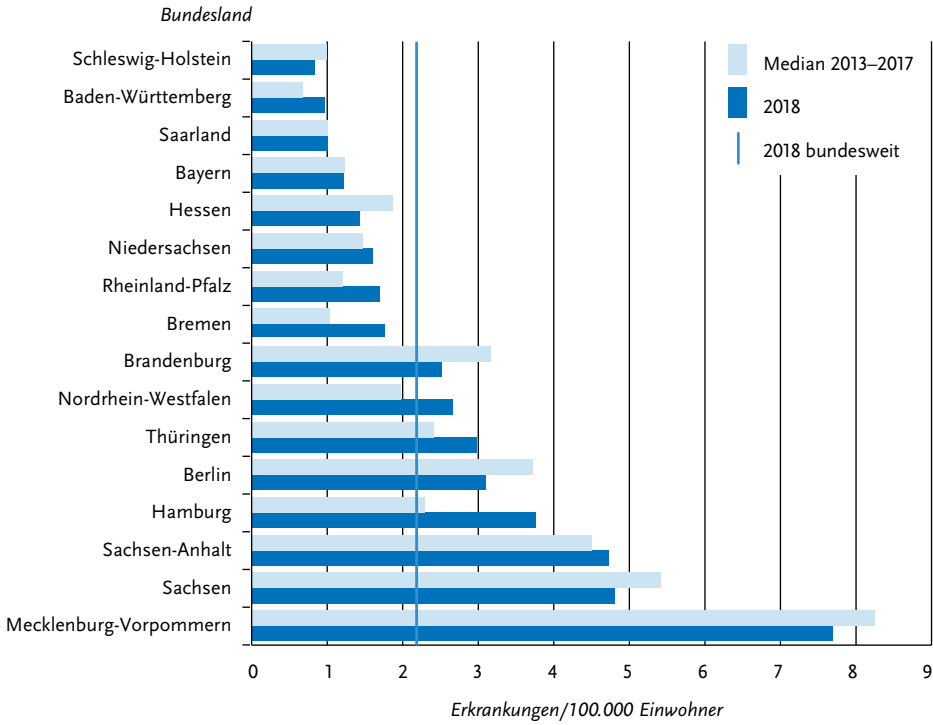
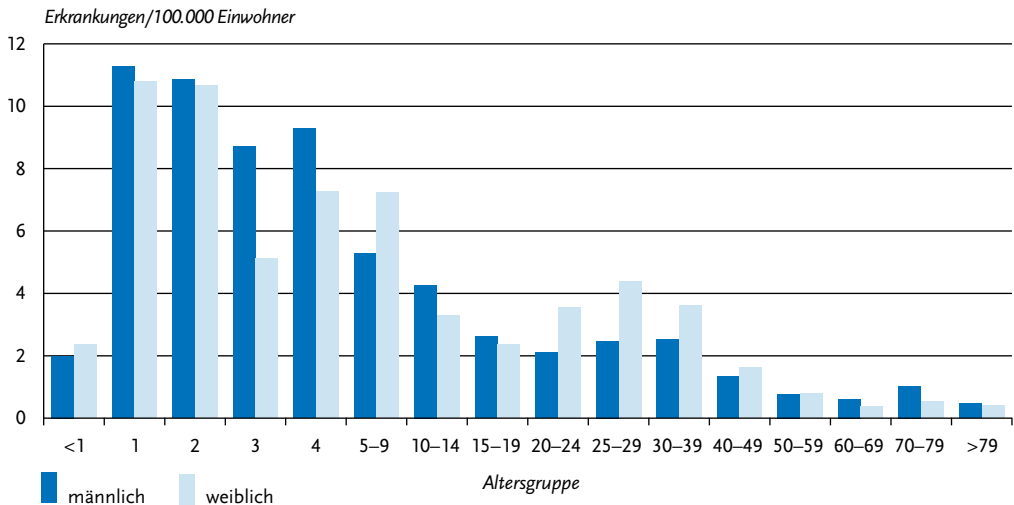


Abb. 6.30.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=1.797)



hofbesuch Kälber gestreichelt und Rohmilch getrunken, die wahrscheinlich unzureichend erhitzt worden war.

Datenqualität

Man muss damit rechnen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallssymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer Untererfassung der Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe auszugehen ist. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen im Vergleich zu Kindern teilweise erklären.

Seit dem 29.03.2013 sind alle humanpathogenen *Cryptosporidium*-Spezies meldepflichtig. Die in der Routinediagnostik gängigen Methoden (Antigennachweis, mikroskopischer Nachweis, Nukleinsäurenachweis) erlauben keine Differenzierung der *Cryptosporidium*-Spezies.

Fazit

In den Jahren von 2012 bis 2014 war eine deutliche Zunahme der übermittelten Kryptosporidiosen zu verzeichnen. Seit 2014 bewegt sich die Zahl der Erkrankungen mit leichten Schwankungen auf einem ähnlich hohen Niveau.

Literaturhinweise

- Cacciò SM, Chalmers RM: *Human cryptosporidiosis in Europe*. Clin Microbiol Infect 2016; 22:471–480.
- Gertler M, Dürr M, Renner P, et al.: *Outbreak of cryptosporidium hominis following river flooding in the city of Halle (Saale), Germany, August 2013*. Journal 2015; www.biomedcentral.com/1471-2334/15/88
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.31 Läuserückfallfieber

Kurzbeschreibung

Läuserückfallfieber wird durch *Borrelia recurrentis* hervorgerufen. Die Bakterien werden durch Kleiderläuse von Mensch zu Mensch übertragen. Einfache Hygienemaßnahmen, insbesondere Kleiderwechsel und -reinigung, sowie die Vermeidung von zu engen Unterbringungs- und Wohnverhältnissen verhindern die Ausbreitung. Für den Krankheitsverlauf sind wiederholte fiebrige Episoden charakteristisch.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt, im Jahr 2016 waren es 5 Erkrankungen und 45 Erkrankungen im Jahr 2015. Bei den Erkrankten im Jahr 2015/2016 handelte es sich um Asylsuchende vom Horn von Afrika, die über Libyen nach Europa gekommen waren. Davor wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst.

Läuserückfallfieber ist endemisch in Äthiopien, Eritrea, Somalia und im Sudan, tritt jedoch vor allem in Form von saisonalen Ausbrüchen auf. Obwohl auch 2017 und 2018 Asylsuchende aus diesen Ländern nach Deutschland gekommen sind, wurden nur 2015 und 2016 Erkrankungen in Deutschland gemeldet.

Literaturhinweise

- Fingerle V, Ackermann N, Belting A, et al.: *Zur aktuellen Situation des Läuserückfallfiebers*. Hyg Med 2016; 41:D174-D178.
- Antinori S, Mediannikov O, Corbellino M, et al.: *Louse-Borne Relapsing Fever (Borrelia recurrentis) in a Somali Refugee Arriving in Italy: A Re-emerging Infection in Europe?* PLoS Negl Trop Dis 2016; doi: 10.1371/journal.pntd.0004522
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al.: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) diagnosed in 15 refugees from northeast Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015*. Euro Surveill 2015. doi:10.2807/1560-7917.ES.2015.20.42.30046

6.32 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **1.443**
- ▶ Seit Jahren kontinuierliche Zunahme der gemeldeten Erkrankungszahlen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Erwachsenen – insbesondere Männern – ab einem Alter von 50 Jahren
- ▶ Saisonaler Verlauf mit höheren Erkrankungszahlen in den Sommer- und Herbstmonaten

Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Man unterscheidet das Pontiac-Fieber, das durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die Legionärskrankheit, die mit einer Lungenentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Menschen mit chronischen Erkrankungen sowie ältere Menschen und Raucher. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerhaltiger Aerosole (generiert durch häusliche oder öffentliche Wassersysteme wie z. B. Duschen, Whirlpools oder durch industrielle Anlagen wie z. B. Verdunstungskühlanlagen). Ferner kann eine Infektion auch durch die (Mikro-)Aspiration von kontaminiertem Wasser erfolgen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch ist bis auf einen Einzelfall bisher nicht dokumentiert worden.

Epidemiologisch werden im privaten und beruflichen Umfeld erworbene, reiseassoziierte und in Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen erworbene Legionellosen unterschieden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.32.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Zeitlicher Verlauf

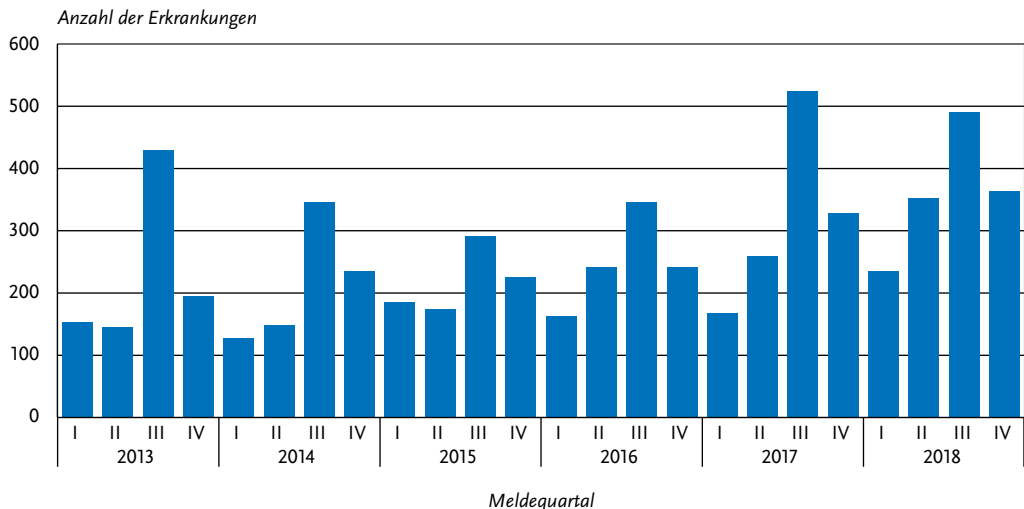
Im Jahr 2018 wurden insgesamt 1.443 Legionellosen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.280 Erkrankungen) wurden somit 163 Erkrankungen mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahl um 13 % entspricht. Dieser könnte auf veränderte Klimabedingungen, eine veränderte Demografie (mehr ältere Menschen) oder ein stärkeres diagnostisches Bewusstsein im Krankenhausbereich zurückzuführen sein.

Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.32.1). Die generell höheren Erkrankungszahlen in den Sommer- und Herbstmonaten sind sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen zurückzuführen. Bei ersteren spielen vermutlich höhere Wassertemperaturen eine Rolle, die das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen, bei letzteren dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in den Sommermonaten und den damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Hotelaufenthalte).

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.278	87 %	1.441	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	131	9 %	116	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	51	3 %	62	4 %
alle	1.462	100 %	1.621	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.280	88 %	1.443	89 %

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018 (n=6.373)



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 1,5). Die höchste Inzidenz wurde mit 3,3 Erkr./100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.32.2). Mit Ausnahme vom Saarland und Bremen war die Inzidenz 2018 in allen Bundesländern zum Teil deutlich höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre.

Bei 917 (64 %) der 1.443 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 69 % (685 von 986) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland am häufigsten angegebene Land war – wie schon im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 72 Nennungen, gefolgt von Österreich und Spanien mit jeweils 25 Nennungen und der Türkei und Griechenland mit jeweils 18 Nennungen (s. Tab. 6.32.2).

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere in höherem Alter – übermittelt, während Kinder und junge Erwachsene bis zu einem Alter von 24 Jahren nur geringfügig betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg mit zunehmendem Alter an. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 62,5 Jahren.

Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern 2,5-mal so hoch als bei Frauen (Inzidenz 2,5 vs. 1,0). Dieser Unterschied tritt aber erst ab einem Alter von 30 Jahren auf (s. Abb. 6.32.3).

Tab. 6.32.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2018 (Mehrfachnennungen möglich, 917 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	685	69 %
Italien	72	7 %
Österreich	25	3 %
Spanien	25	3 %
Türkei	18	2 %
Griechenland	18	2 %
Polen	13	1 %
Frankreich	13	1 %
Kroatien	11	1 %
Niederlande	7	1 %
Vereinigte Arabische Emirate	7	1 %
Andere	92	9 %
Summe	986	100 %

Abb. 6.32.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=1.443) im Vergleich mit den Vorjahren

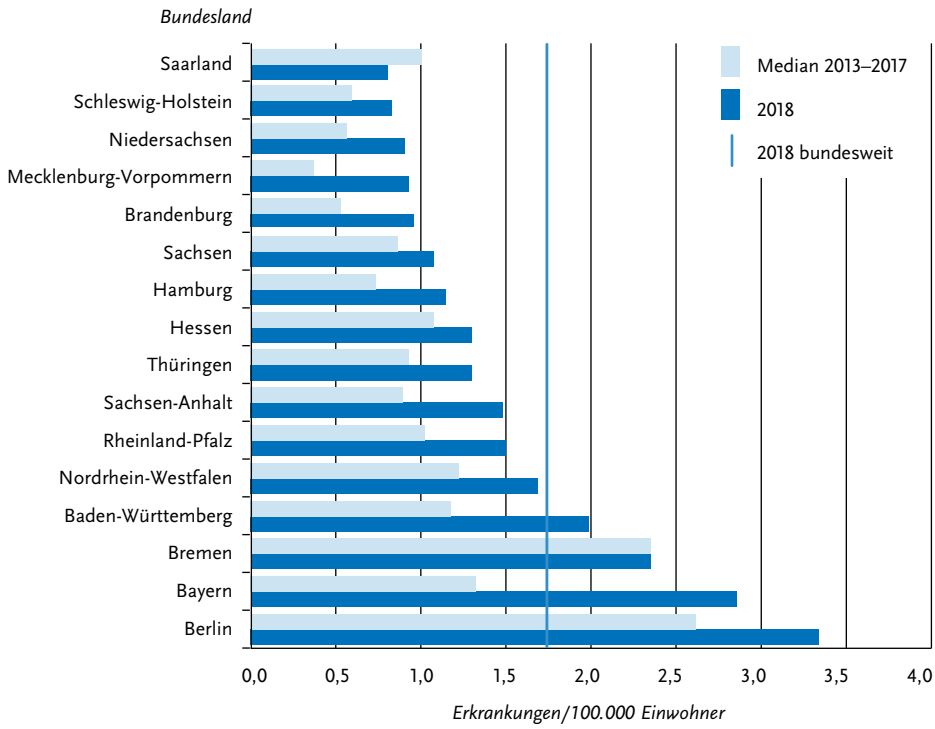
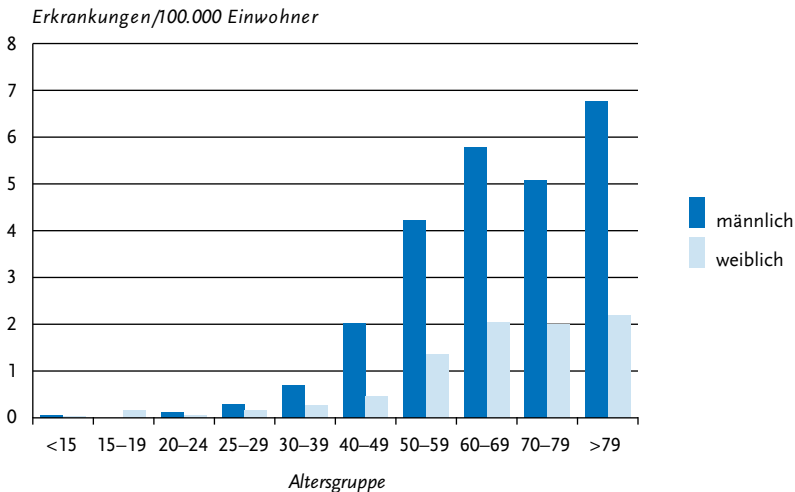


Abb. 6.32.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=1.440)



Nachgewiesene Erreger

Für 1.414 (98 %) der 1.443 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 521 (37 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 893 Erkrankungen (63 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 883 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Fünf Erkrankungen (< 1 %) wurden von der Spezies *L. longbeachae* verursacht und für 5 weitere Erkrankungen (< 1 %) wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt.

Von den 883 *L.-pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 401 (45 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 345 Erkrankungen (86 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor, die Serogruppe 2 wurde 2-mal genannt, die Serogruppen 4, 6, 7, 10 und 13 wurden jeweils einmal genannt. Bei 44 Erkrankungen wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (bei 40 Erkrankungen inklusive Serogruppe 1 und bei 4 Erkrankungen exklusive Serogruppe 1). Für 5 weitere Erkrankungen wurde die Angabe »andere Serogruppe« übermittelt.

Klinische Aspekte

Von 1.424 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 63 Patienten (45 Männer, 18 Frauen) infolge der Legionellen-Pneumonie. Dies entspricht einer Letalität von 4 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität unverändert geblieben (2017: Letalität 4 %; 52 Todesfälle unter 1.263 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Bei 820 der insgesamt 1.443 Erkrankungen (57 %) konnten anhand der übermittelten Angaben eine der 4 möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 623 der 1.443 Erkrankungsfälle (43 %) lagen indes keine Angaben zur möglichen Exposition in den 2 bis 10 Tagen vor Erkrankungsbeginn vor. Diese Fälle wurden der Kategorie »privates/berufliches Umfeld« zugewiesen.

Mit insgesamt 1.051 Fällen (73 %) steht damit die Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle (davon 428 Fälle (30 %) mit übermittelter Angabe »privates/berufliches Umfeld«; 623 Fälle (43 %) aufgrund erfolgter manueller Zuordnung (siehe oben)). An zweiter Stelle folgten reiseassoziierte Erkrankungen bei Personen, die sich im Zeitintervall der wahrscheinlichen Infektion (Expositionsperiode) in einem Hotel oder einer ähnlichen Reiseunterkunft aufgehalten hatten (305 Erkrankungen; 21 %). Bei 51 Erkrankungen (4 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 36 Erkrankungen (2 %) ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung.

Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, um 2 % gestiegen (2017: 905 Fälle; 71 %), dabei hat sich hier vor allem die absolute Zahl der konkret als »privates/berufliches Umfeld« übermittelten Fälle von 292 auf 428 Fälle erhöht, während die Zahl der Fälle, die dieser Kategorie – aufgrund fehlender Expositionsangaben – manuell zugewiesen wurde (siehe oben), annähernd gleich geblieben ist (2017: 613 Fälle; 2018: 623 Fälle). Bei den reiseassoziierten Erkrankungen sind die absoluten Erkrankungszahlen von 269 auf 305 Erkrankungen leicht gestiegen, während der entsprechende Anteil mit 21 % jedoch gleich geblieben ist. Die registrierte Zahl der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist im Vergleich zum Vorjahr von 65 (5 %) auf 51 Fälle (4 %) geringfügig gesunken. Gleiches gilt auch für Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einem Pflegeheim (2017: 41 Fälle; 2018: 36 Fälle).

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden dem RKI 10 Häufungen übermittelt: Ein größeres Ausbruchsgeschehen mit insgesamt 6 klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen ereignete sich im August 2018 im Raum Bochum/NRW. Bei allen Erkrankungen war eine Exposition im privaten/beruflichen Umfeld angegeben worden. Nähere Informationen zur Infektionsquelle und ob diese identifiziert werden konnte, wurden nicht übermittelt.

Bei weiteren 9 Häufungen handelte es sich um kleine Cluster mit jeweils 2 Erkrankungen. Sechs dieser 9 Cluster waren reiseassoziiert. Hier

hatten sich die Erkrankten vor Erkrankungsbeginn in der gleichen Reiseunterkunft aufgehalten. Neben den Fällen aus Deutschland waren darüber hinaus auch weitere Fälle aus anderen europäischen Ländern aufgetreten, die sich in derselben Unterkunft aufgehalten hatten und im Rahmen des europäischen Legionellen-Netzwerkes ELSDNet bekannt geworden waren, so dass die jeweiligen reiseassoziierten Cluster auf internationaler Ebene einen größeren Umfang von bis zu 6 Fällen aufwiesen.

Bei 2 weiteren Clustern wurde die Infektionsquelle im privaten bzw. beruflichen Umfeld vermutet. Ein Cluster war mit einem Pflegeheim assoziiert, in dem ein Heimbewohner und ein Pfleger erkrankten.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen – trotz kontinuierlich weiter steigender Fallzahlen – nur einen Bruchteil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren. Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Lungenentzündung zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Jedoch ist anzunehmen, dass in der Praxis zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden und es somit zu einer hohen Untererfassung kommt. Nach Schätzungen des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) geht man jährlich von etwa 15.000 bis 30.000 Fällen von Legionärskrankheit aus.

Obwohl bekannt ist, dass *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 bei Menschen in Europa zu den meisten Legionellosen führt, ist die Häufigkeitsverteilung der Spezies und Serogruppen stark dadurch beeinflusst, dass in der klinischen Praxis vorwiegend Labortests zur Anwendung kommen, die auf diese Serogruppe ausgerichtet sind.

Nach wie vor lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier werden nur bei knapp 60 % der Fälle Angaben zum Expositionsort gemacht. Ferner lassen

die Meldedaten bislang keine Aussage über gesicherte Infektionsquellen zu, da entsprechende Ergebnisse zum epidemiologischen Abgleich von Umwelt- und Patientenproben bislang noch nicht standardisiert erfasst und übermittelt werden.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorie E) ist mit 4 % (62 Fälle) im Jahr 2018 annähernd gleich geblieben (2017: 3 %; 51 Fälle). Im Vergleich zu früheren Jahren ist dieser Anteil aber nach wie vor vergleichsweise hoch.

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt vor allem bei Erwachsenen vor. Die Inzidenz steigt mit zunehmendem Alter an und Männer haben ein höheres Erkrankungsrisiko als Frauen. Nach den vorliegenden Daten wird die Legionärskrankheit hauptsächlich ambulant im privaten und beruflichen Umfeld erworben oder im Rahmen einer Reise und den damit verbundenen Aufenthalten in entsprechenden Reiseunterkünften. Aber auch der stationäre Aufenthalt in einem Krankenhaus oder einem Pflegeheim kann – insbesondere für ältere Menschen mit vorhandenen Grunderkrankungen oder einem geschwächten Immunsystem – ein erhöhtes Infektionsrisiko darstellen.

Im Jahr 2018 ist die Anzahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr weiter angestiegen. Saisonalität, Geschlechts- und Altersverteilung blieben hierbei in etwa gleich. Die meisten Häufungen traten in Form kleiner Cluster auf; etwa die Hälfte waren reiseassoziiert.

Angeichts der hohen Unterschätzung der Fallzahlen, aber auch mit Blick auf eine adäquate antibiotische Behandlung und insbesondere bei der Möglichkeit einer im Krankenhaus erworbenen Legionärskrankheit, sollte bei einer Lungenentzündung immer auch eine spezifische Labor diagnostik auf Legionellen veranlasst werden.

Da die Legionärskrankheit nur in der Umwelt erworben und nicht von Mensch zu Mensch übertragen wird, sollte prinzipiell immer versucht werden, die Infektionsquellen zu ermitteln, um durch die Einleitung geeigneter Schutzmaßnahmen weiteren Erkrankungen vorbeugen zu können. Insbesondere in Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen sollte angesichts der besonders vulnerablen Population auf mögliche Fälle von Legionärskrankheit geachtet werden und schon beim

Auftreten eines einzelnen Falles eine umgehende epidemiologische Untersuchung zur Aufdeckung und Beseitigung der Infektionsquelle eingeleitet werden. Um die klinischen Isolate mit den entsprechenden Umweltproben abgleichen und so den Zusammenhang mit einer Infektionsquelle herstellen zu können, sollten Legionellen aus klinischem Material (tiefe Atemwegsprobe, z. B. Sputum oder Trachealsekret) in Kultur angezüchtet werden. Bei vorliegenden und aussagekräftigen Patientenproben ist es sinnvoll, auch in den in Frage kommenden Wassersystemen vermuteter Infektionsquellen nicht nur die Legionellen-Konzentration zu bestimmen, sondern auch eine Typisierung anzustreben. Die Notwendigkeit eines solchen Abgleichs haben die in den vergangenen Jahren aufgetretenen größeren Ausbrüche von ambulant erworbenen Legionellen-Pneumonien eindrücklich gezeigt: Nur durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es möglich, ursächliche Infektionsquellen zu identifizieren.

Literaturhinweise

- Beauté J: *Legionnaires' disease in Europe, 2011 to 2015*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.27.30566
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.
- Buchholz U, Reber F, Lehfeld AS, et al.: *Wahrscheinlicher Fall einer Reinfektion durch Legionella pneumophila*. Epid Bull 2019; 11:1–5.
- Brodhun B, Prahm K, Lück C, Haas W, Buchholz U: *Deutschland spielt eine wichtige Rolle in der Prävention reiseassoziierteter Fälle von Legionärskrankheit – Teilnahme Deutschlands am ELDSNet*. Epid Bull 2018; 36:391–399.
- RKI: *Legionärskrankheit in Deutschland (2001 bis 2013)*. Epid Bull 2015; 13:95–106.
- RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.33 Lepra

Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium leprae* hervorgerufen. Nach einer Inkubationszeit von 9 Monaten bis zu 20 Jahren können verschiedenartige klinische Symptome auftreten. Diese umfassen Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Das Frühstadium wird als indeterminierte Lepra bezeichnet. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde keine Erkrankung an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im 2017 wurde ein Fall von lepromatöser Lepra verzeichnet.

Literaturhinweise

- Kreibich S, Puchner KP, Straub C, Schweinhorst-Stich EM: *Welt-Lepra-Tag 2019: Ein Jahr vor dem Ende der globalen Lepra-Strategie 2016–2020: Gelingt der erhoffte Durchbruch?* Epid Bull 2019; 4:29–33.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475.

6.34 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 117
- ▶ Abnahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um etwa 9 %
- ▶ Saisonaler Verlauf mit Erkrankungsgipfel zwischen August und Oktober
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 25 und 29 Jahren
- ▶ Gut 40 % der Erkrankungen wahrscheinlich in Deutschland erworben

Kurzbeschreibung

Pathogene Bakterien der Gattung *Leptospira* sind die Erreger der weltweit verbreiteten Leptospirose, deren natürliche Wirte neben Ratten und Mäusen

Tab. 6.34.1:
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	129	87%	117	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	3%	7	5%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	14	9%	10	7%
alle	148	100%	134	100%
Referenzdefinition (B+C)	129	87%	117	87%

auch zahlreiche weitere Haus-, Nutz- und Wildtiere sind. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt hauptsächlich durch den direkten oder mittelbaren Kontakt (z. B. durch Kontakt mit verunreinigtem Wasser) mit dem Urin infizierter Tiere, in seltenen Fällen auch durch kontaminiertes Blut oder Gewebe. Häufig verläuft die Infektion beim Menschen als unspezifische, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten regelmäßig auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung (Hämorrhagien), Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.34.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 117 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit um 9,3% niedriger als im Vorjahr, lag aber, mit Ausnahme des Jahres 2017, über dem Niveau derjenigen Vorjahre, in denen keine größeren Ausbrüche aufgetreten waren. Die Jahre 2007 und 2014 waren von je einem größeren Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.34.1).

Zwischen August und Oktober 2018 wurden 39% der Erkrankungen übermittelt. Die höchsten Fallzahlen traten im August (16) und September (18) auf.

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern traten Erkrankungen auf, wobei die höchste Inzidenz in Hamburg verzeichnet wurde (0,3 Erkr./100.000 Einw.). Für 92 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 99 Nennungen). Deutschland wurde bei 44% der Nennungen als Infektionsland angegeben (2017: 58%). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Mittel- und Südamerika (21 Nennungen) und Asien (14) erworben.

Demografische Verteilung

Insgesamt 79 Erkrankte (68%) waren männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen mit einer Inzidenz von 0,4 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen am höchsten (0,3). Im Jahr 2018 wurden keine Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren übermittelt.

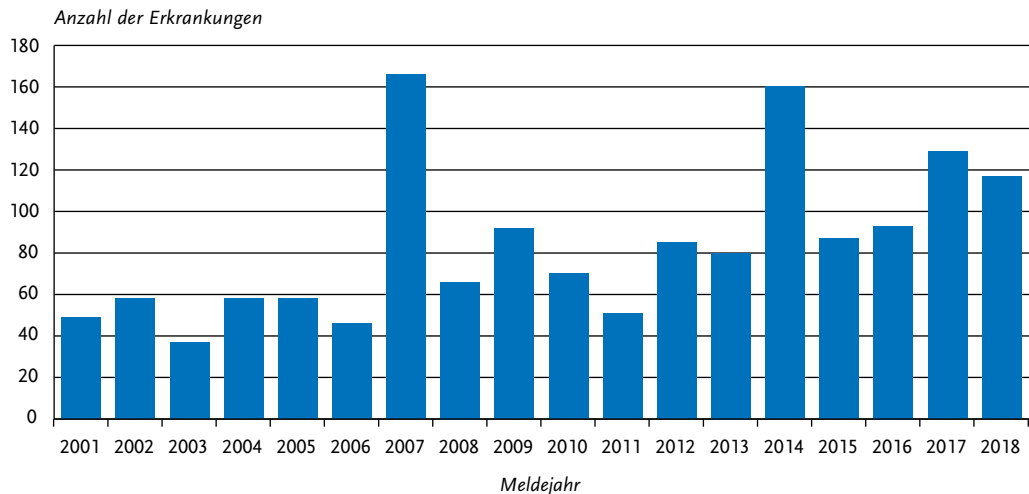
Nachgewiesene Erreger

Bei 20 Erkrankungen (17%) lagen Angaben zu einem Serovar vor. Bei 2 dieser Erkrankungen wurde *Leptospira interrogans* Serovar Icterohaemorrhagiae, bei jeweils einer Erkrankung Serovar Pomona, Canicola und Grippotyphosa genannt. Bei den übrigen 15 Erkrankungen wurde als Serovar „andere/sonstige“ angegeben.

Klinische Aspekte

Für 115 Leptospirose-Erkrankungen (98%) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 310

Abb. 6.34.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (84% der Erkrankungen) und Fieber (79%). Bei 30% der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 25% Husten, bei 25% Ikterus und bei 11% Dyspnoe übermittelt. Des Weiteren wurden bei 6% der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 6% Hämorrhagien und bei 2% eine Myokarditis übermittelt. Es wurden 4 Todesfälle im Zusammenhang mit einer Leptospirose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden keine Leptospirose-Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Bei den meisten Erkrankungen ist keine sichere Identifizierung des Erregers durch Anzucht der Bakterien erfolgt, daher reichen die Angaben zur Häufigkeit der einzelnen nachgewiesenen Serovare in den Meldedaten nicht aus, um die Verteilung der deutschlandweit zirkulierenden Leptospiren-Serovare zu bewerten. Die Untererfassung für Leptospirose-Erkrankungen ist aufgrund der Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig milden Krankheitsverläufe wahrscheinlich erheblich.

Fazit

Alle Erkrankungen traten sporadisch auf, keine Erkrankung wurde einem Ausbruch zugeordnet. Leptospirose-Erkrankungen wurden in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet. Dies ist eventuell auf eine erhöhte ärztliche Aufmerksamkeit und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen.

Literaturhinweise

- Brockmann SO, Ulrich L, Piechotowski I, et al.: *Risk factors for human Leptospira seropositivity in South Germany*. Springerplus 2016. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5069215/pdf/40064_2016_Article_3483.pdf
- Goris M, Boer K, Duarte T, Kliffen S, Hartskeerl R: *Human leptospirosis trends, the Netherlands, 1925–2008*. Emerg Infect Dis 2013. doi: 10.3201/eid1903.11260
- Desai S, van Treeck U, Lierz M, et al.: *Resurgence of field fever in a temperate country: an epidemic of leptospirosis among seasonal strawberry harvesters in Germany in 2007*. Clin Infect Dis 2009; 15:691–697.
- Jansen A, Schöneberg I, Frank C, Alpers K, Schneider T, Stark K: *Leptospirosis in Germany, 1962–2003*. Emerg Infect Dis 2005. doi: 10.3201/eid107.041172
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.35 Listeriose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 701
- ▶ Nach Jahren ansteigender Fallzahlen 2018 das erste Mal rückläufig
- ▶ Höchste Inzidenzen bei unter Einjährigen und Männern ab 60 Jahren
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassozierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Von August 2018 bis Februar 2019 großer Ausbruch mit 109 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines erkrankten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren oder abwehrgeschwächten Patienten auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen (Sepsis) und Entzündungen der Hirnhäute (Meningitis) oder des Gehirns (Enzephalitis) kommen. Die Übertra-

gung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Konsum kontaminierter Lebensmittel.

Falldefinition

Die Referenzdefinition erfüllen labordiagnostisch bestätigte Fälle bei Nachweis des Erregers aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Ebenso erfüllen klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen die Referenzdefinition, auch bei nicht-invasiven Erkrankungen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.35.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 701 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,8 Fällen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Gegenüber dem Vorjahr (769 Fälle) hat die Zahl der Listeriosen um 9 % abgenommen und ist damit auf dem gleichen Stand wie 2016. Die meisten Fälle wurden im III. Quartal übermittelt (241; 34 %) (s. Abb. 6.35.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,6 Fällen/100.000 Einw. in Rheinland-Pfalz und die höchste Inzidenz mit 1,4 im Saarland verzeichnet. Die Inzidenzen in Berlin, Bremen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland, Sachsen, Sachsen-Anhalt, und Schleswig-Holstein lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.35.2). Dreizehn Bundesländer verzeichneten

Tab. 6.35.1: Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition*, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	14	2 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	621	81 %	592	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	72	9 %	54	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	63	8 %	55	8 %
alle	770	100 %	702	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	769	100 %	701	100 %

* Änderung der Falldefinitionen 2015. Im Jahr 2018 ist ein Fall gemäß alter Falldefinition (Version vor 2015) erfasst worden und erfüllt daher nicht die Referenzdefinition.

Abb. 6.35.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018

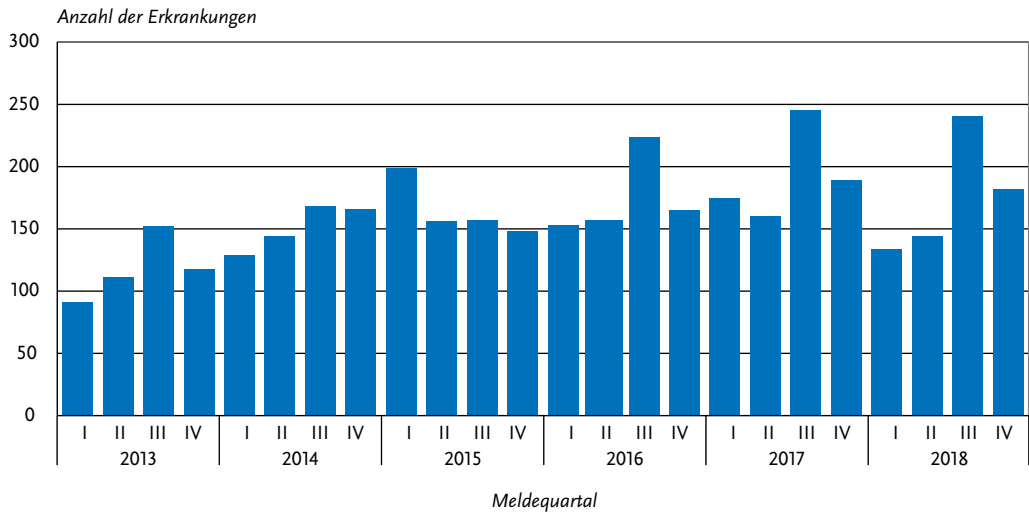
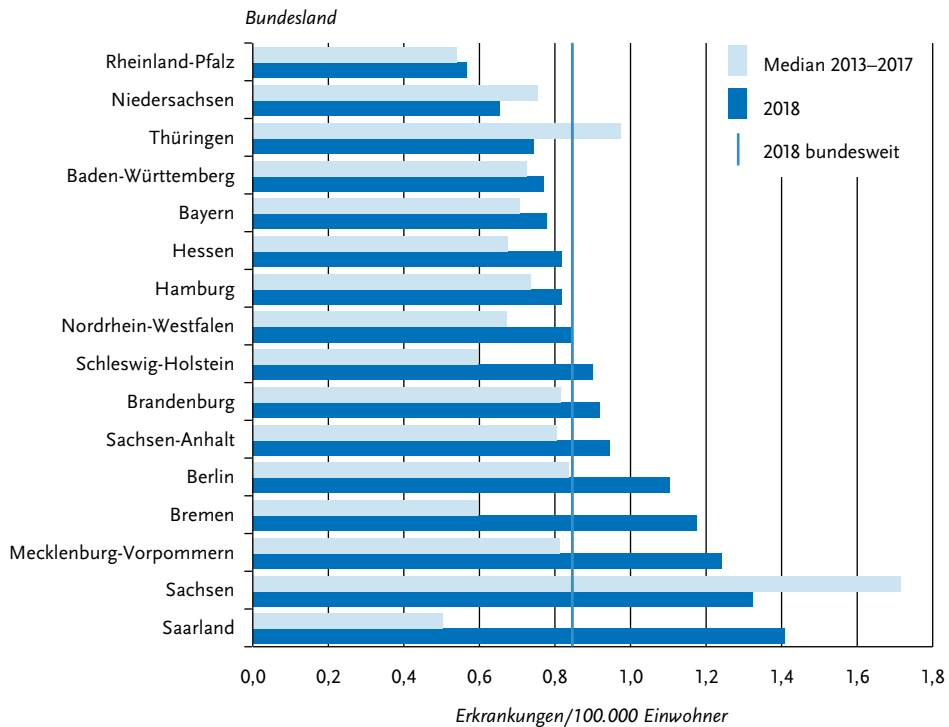


Abb. 6.35.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=701)



im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz. Besonders hoch war der Anstieg in Berlin, Bremen, Mecklenburg-Vorpommern und im Saarland.

Für 373 Erkrankungen (53 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2018 wurden 659 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 272 Frauen (41 %) und 385 Männer (58 %), bei 2 Patienten wurde das Geschlecht nicht angegeben. Die Inzidenz stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,4 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen bis auf 4,6 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.35.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 60 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 20 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 18 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Bei 4 Frauen wurde die Krankheitsform nicht angegeben. Es konnten 12 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden, wobei aus dem Kommentarfeld ersichtlich ist, dass aufgrund von Soft-

ware-Problemen ein Mutter-Kind-Paar doppelt übermittelt wurde. Außerdem wurden 6 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter übermittelt. Von 37 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 20 und 50 Jahren waren 20 Schwangerschafts-Listeriosen (54 %).

Nachgewiesene Erreger

Für 312 (45 %) lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; 163-mal wurde das Serovar 4b, 110-mal das Serovar 1/2a und 39-mal das Serovar 1/2b übermittelt.

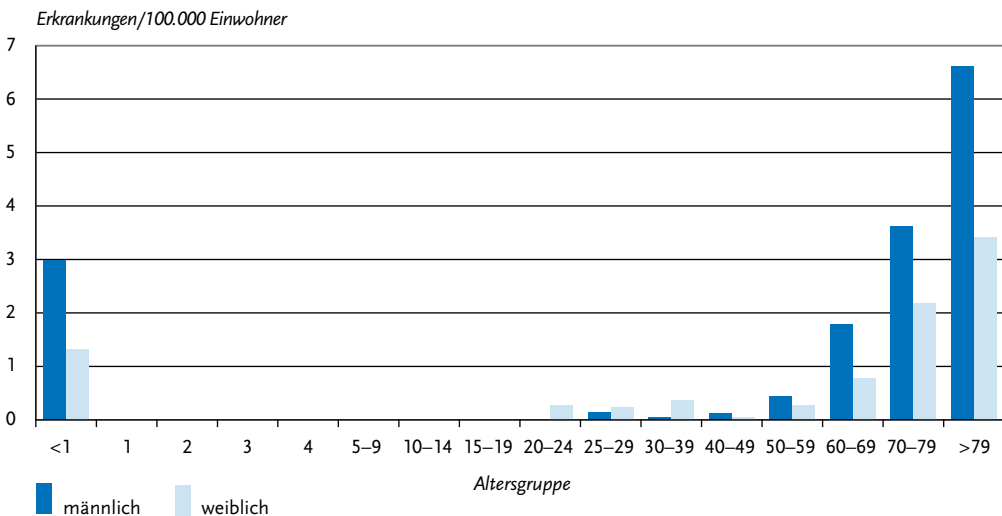
Klinische Aspekte

Bei 183 (28 %) der 659 nicht-schwangerschaftsassozierten invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 92 (14 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Elf der 20 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (55 %) gaben grippeähnliche Symptome und Fieber an. Eine Frau mit Schwangerschafts-Listeriose hatte eine Sepsis. Unter den 20 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurden bei 2 Fällen eine Totgeburt, bei 5 eine Frühgeburt und bei 3 eine Fehlgeburt angegeben.

Eine symptomatische Listerien-Infektion lag bei 11 (73 %) der 15 lebend geborenen Neugeborenen vor: 6 (40 %) zeigten ein septisches Krank-

Abb. 6.35.3: Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=698)



heitsbild, 3 (20 %) eine Meningitis oder Enzephalitis, 4 (27 %) eine Atemstörung, bei einem Neugeborenen (7%) war eine Haut-, Bindehaut- oder Schleimhautläsion angegeben und bei 2 Kindern (13 %) eine Granulomatosis infantiseptica (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 32 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2017: 31). Unter diesen waren 29 nicht-schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 3 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2018 bei 5%. Die Listeriose ist damit die meldepflichtige Krankheit mit der zweithöchsten Letalität, nach der *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf.

Ausbrüche

Bei einem 2018 beobachteten Ausbruch von Listeriose-Erkrankungen mit identischem Sequenztyp (Whole genome sequencing) der *L.-monocytogenes*-Isolate konnte ein Fleischprodukt als sehr wahrscheinliche Ursache identifiziert werden. Innerhalb dieses Geschehens wurden 109 Fälle zwischen August 2018 und dem 31.03.2019 verzeichnet, davon 87 Fälle im Jahr 2018.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Steigende Fallzahlen führen daher auch zu einer signifikanten Erhöhung der durch Listerien bedingten Krankheitslast in der deutschen Bevölkerung. Die Inzidenz der im Jahr 2018 übermittelten Listeriosen ist nach einem jahrelang ansteigenden Trend, rückläufig. In Relation zu den Fallzahlen seit 2001 kann sie aber weiterhin als hoch bewertet werden.

Literaturhinweise

- Kleta S, Hemmerls JA, Dieckmann R, et al.: *Molecular Tracing to Find Source of Protracted Invasive Listeriosis Outbreak, Southern Germany, 2012–2016*. Emerg Infect Dis 2017. doi: 10.3201/eid2310.161623
- Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: *Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015*. Euro Surveill 2015. doi:
- Preußel K, Milde-Busch A, Schmich P, Wetzstein M, Stark K, Werber D: *Risk factors for sporadic nonpregnancy associated listeriosis in Germany – immunocompromised patients and frequently consumed ready-to-eat products*. PLoS One 2015; 10:e0142986.
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.36 Malaria



- ▶ Fälle 2018: 896
- ▶ Im Jahr 2018 wie schon 2016 und 2017 Rückgang der *P.-vivax*-Infektionen
- ▶ Anteil der *P. falciparum*-Infektionen gegenüber 2017 unverändert
- ▶ 95% der Infektionen in Afrika erworben

Kurzbeschreibung

Malaria wird durch Plasmodien genannte parasitäre Einzeller verursacht. Die verschiedenen Plasmodienarten werden typischerweise durch Mücken übertragen. Malaria wird überwiegend in Afrika, deutlich seltener in Asien, Ozeanien oder Lateinamerika erworben. Charakteristisch für Malaria-Erkrankungen ist Fieber. Die gefährlichste Form, Malaria tropica (*Plasmodium falciparum*), kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

Fallkriterien

Die an das RKI gemeldeten Fälle wurden in die Statistik aufgenommen, sofern der Labornachweis nicht ausschließlich serologisch (d. h. durch Antikörperbestimmung) erfolgte. Außerdem wurden nur die Fälle mit Wohnsitz in Deutschland berücksichtigt. Auf der Basis dieser Fallkriterien wurden für das Jahr 2018 insgesamt 896 Malaria-Fälle (1,1 Fälle pro 100.000 Einwohner; Vorjahr: 957 Fälle) gemeldet.

Zeitlicher Verlauf

In den Jahren 2014 und 2015 war ein deutlicher Anstieg der Fallzahl gegenüber den Vorjahren zu verzeichnen gewesen (1.007 und 1.061 Fälle). Seit 2016 ist die Fallzahl leicht rückläufig, aber im Vergleich zu den Jahren vor 2014 noch deutlich erhöht (s. Abb. 6.36.1).

Die Anzahl der monatlich diagnostizierten Malaria-Fälle lag 2018 zwischen 50 Fällen im März und 115 Fällen im August.

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.36.2). Für Hamburg wurde

Abb. 6.36.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

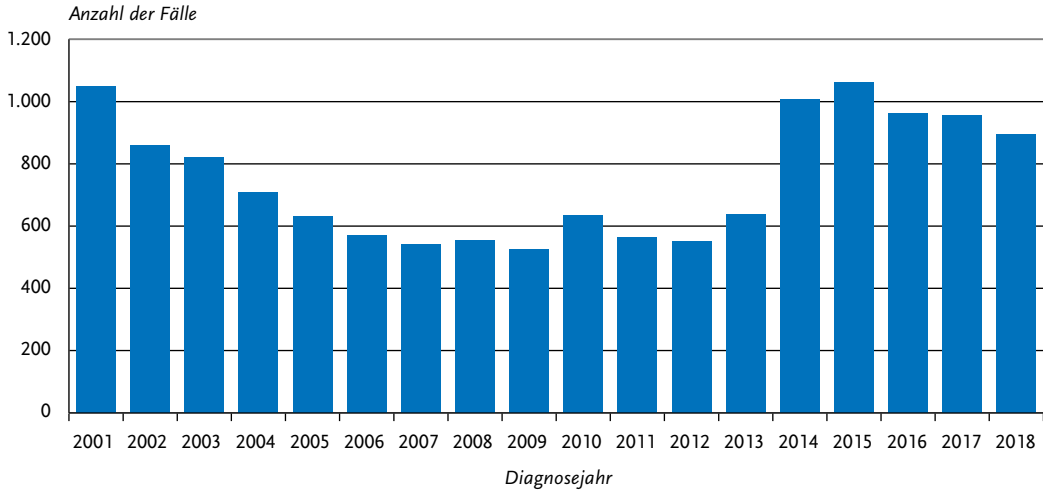
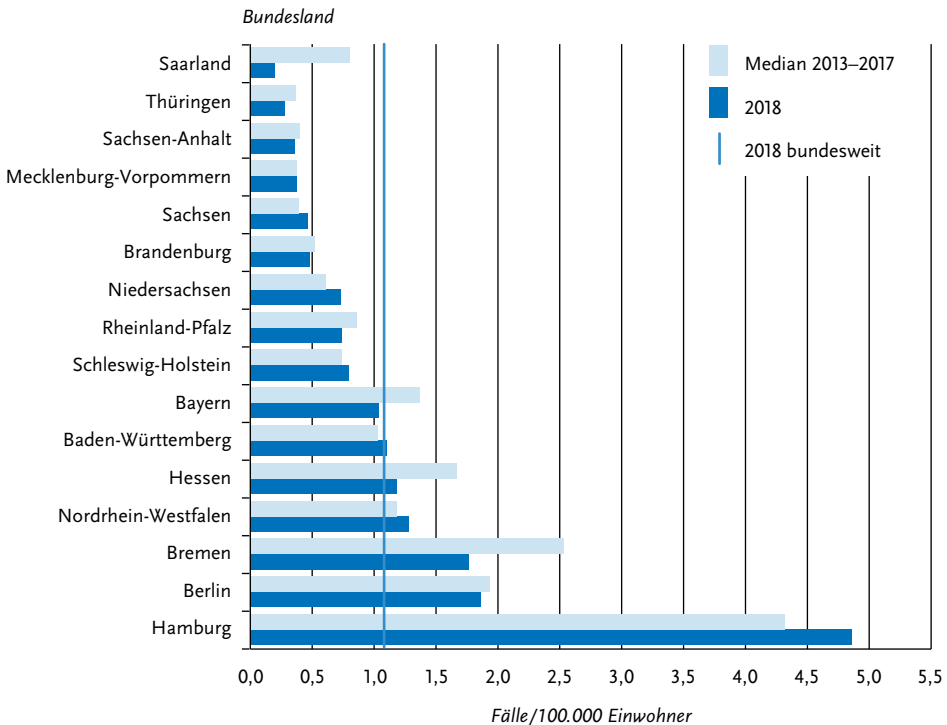


Abb. 6.36.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=894) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.36.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2018 (n=646)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nigeria	136	21%
Kamerun	110	17%
Ghana	81	13%
Togo	55	9%
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	30	5%
Guinea	18	3%
Burkina Faso	17	3%
Benin	16	2%
Sierra Leone	16	2%
Uganda	16	2%
Anderere	151	23%
Summe	646	100%

eine Inzidenz von 4,9 Fällen pro 100.000 Einwohner ermittelt (n=89), für Berlin von 1,9 (n=69) und für Bremen von 1,8 (n=12). Die niedrigsten Inzidenzen traten mit 0,3 Fällen/100.000 Einw. in Thüringen (n=6) und mit 0,2 Fällen/100.000 Einw. im Saarland (n=2) auf.

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 646 Fälle (72 %) angegeben. Der weitaus größ-

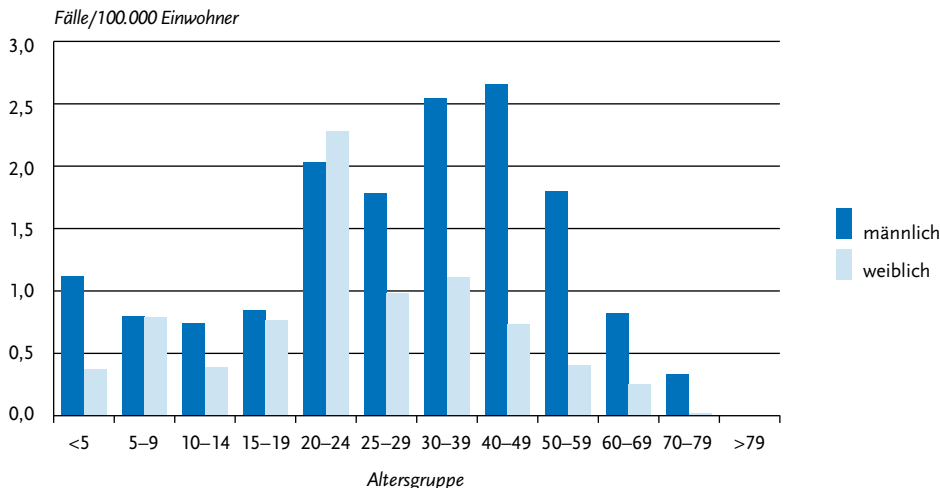
te Teil der Nennungen (616; 95 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.36.1). Wie in den Vorjahren wurden Nigeria, Kamerun und Ghana am häufigsten genannt. Die Zahl der in Asien erworbenen Infektionen war mit 15 Fällen gegenüber 32 Fällen im Jahr 2017 weiter rückläufig; am häufigsten genannt wurde Afghanistan mit 7 Fällen (2017: 9 Fälle), während Pakistan nur noch einmal (2017: 9 Fälle) genannt wurde. Infektionsländer außerhalb Afrikas und Asiens wurden bei 15 Fällen angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wies mit 2,2 Fällen/100.000 Einw. die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen auf. Jungen und Männer hatten insgesamt eine 2,5-mal höhere Inzidenz als Mädchen und Frauen, wobei die Inzidenz bei den 40- bis 49-jährigen Männern mit 2,7 Fällen/100.000 Einw. am höchsten war (s. Abb. 6.36.3).

Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjahren ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- oder Präventionsverhalten sowie auf unterschiedliche Personengruppen unter den aus Malaria-Endemiegebieten neu nach Deutschland Einreisenden zurückzuführen.

Abb. 6.36.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=875)



Tab. 6.36.2:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2018 (n=859)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	698	81,0 %
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	50	5,8 %
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	45	5,2 %
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	33	3,8 %
Mischinfektion	20	2,3 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	12	1,4 %
<i>Plasmodium knowlesi</i>	1	0,1 %
Summe	859	100,0 %

Nachgewiesene Erreger

Unter den 859 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (96 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 698 Fällen (81%; 2017: 749 Fälle, 81%) am häufigsten diagnostiziert. Wie im Vorjahr lag an zweiter Stelle *P. vivax* mit 50 Fällen (2017: 73 Fälle), gefolgt von *P. ovale* (45 Fälle), *P. malariae* (33 Fälle), Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers; 12 Fälle) und *P. knowlesi* (1 Fall). Bei 20 Fällen wurde eine Mischinfektion angegeben (s. Tab. 6.36.2). Wie im Vorjahr war die Anzahl von *P. vivax*-Infektionen stark rückläufig. Die Anzahl gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen war nach einem Anstieg im Vorjahr leicht rückläufig bei konstantem Anteil an allen gemeldeten Erregernachweisen.

Klinische Aspekte

Für 3 der im Jahr 2018 gemeldeten Malaria-Fälle wurde ein tödlicher Verlauf berichtet. Es handelt sich um 3 Frauen im Alter von 40 bis 61 Jahren, die alle eine Infektion mit *P. falciparum* hatten. Infektionsländer waren Ghana, Kenia und Ruanda.

Datenqualität

Für 655 Fälle (73 %; Vorjahr: 76 %) lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 239 Fälle nur der Laborbogen, für 2 Fälle nur der Arztbogen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland sind in der Regel nur im Arztbogen vorhanden.

Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle war 2018 gegenüber 2017 leicht rückläufig. Die 2017 beobachtete Zunahme der *P. falciparum*-Infektionen hat sich nicht fortgesetzt. Die 2014 und 2015 deutlich erhöhte Zahl von *P. vivax*-Infektionen hat sich weiter verringert. Der bereits seit 2016 beobachtete Rückgang von *P. vivax*-Infektionen ist durch eine im Vergleich zu 2014 und 2015 verminderte Anzahl von nach Deutschland einreisenden Personen aus Herkunftsländern erklärbar, in denen *P. vivax* endemisch vorkommt.

Literaturhinweise

- Froeschl G, Nothdurft HD, von Sonnenburg F, et al.: *Retrospective clinical case series study in 2017 identifies Plasmodium knowlesi as most frequent Plasmodium species in returning travellers from Thailand to Germany*. Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.29.1700619
- Vygen-Bonnet S, Stark K: *Changes in malaria epidemiology in Germany, 2001-2016: a time series analysis*. Malar J 2018. doi: 10.1186/s12936-018-2175-y
- Vygen-Bonnet S, Wilking H, Stark K: *Malaria und Chikungunya: Auf Reiseanamnese achten*. Dt Arztebl 2017; 114:A2098/B-1767/C-1730.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467-475. RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.37 Masern



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 543
- ▶ Inzidenz: 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Weiterhin höchste Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren
- ▶ 73 Ausbrüche mit 320 Erkrankungen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Kurzbeschreibung

Masern sind eine nur beim Menschen epidemiologisch relevant vorkommende hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen übertragen wird und durch Fieber, Entzündung der oberen Atem-

Tab. 6.37.1:
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

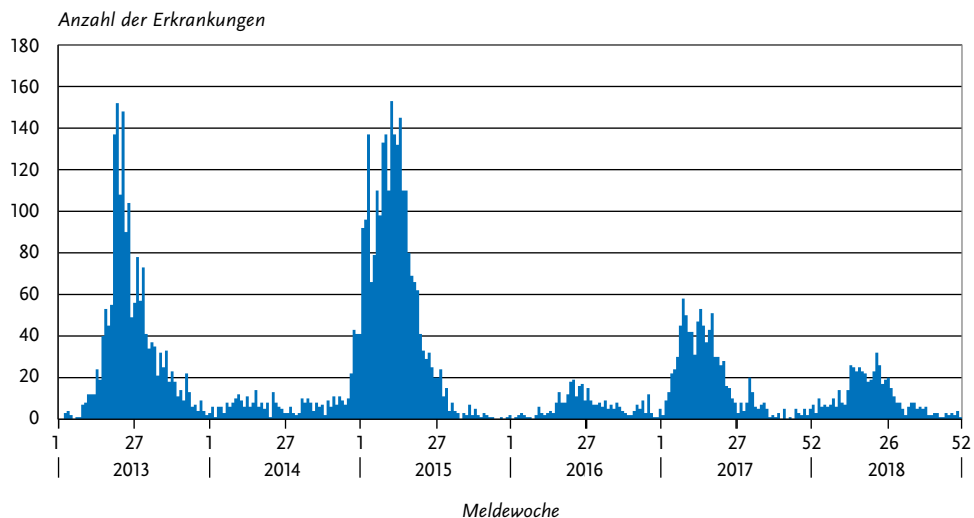
Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	29	3 %	33	5 %
klinisch-epidemiologisch (B)	257	25 %	53	8 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	643	62 %	457	68 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	85	8 %	116	17 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	23	2 %	18	3 %
alle	1.037	100 %	677	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	929	90 %	543	80 %

wege und einen typischen Hautausschlag gekennzeichnet ist. Gefürchtet sind Komplikationen wie Mittelohr-, Lungen- oder Gehirnentzündung. Impfungen bieten einen effektiven Schutz. Die Elimination der Masern ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Eine Elimination liegt vor, wenn in Deutschland eine endemische Übertragung der Masern über mindestens 12 Monate nicht mehr zu beobachten ist. Dafür muss bei mindestens 95 % der Bevölkerung eine ausreichende Immunität vorliegen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1). Im Jahr 2018 wurden 677 Fälle übermittelt, von denen 543 der Referenzdefinition entsprechen. Die Falldefinition für die Masern wurde im Jahr 2015 geändert und orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischen Bild ist in den letzten Jahren gestiegen. Dieser Anstieg ist möglicherweise auch auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2013 bis 2018



mit einem sekundären Impfvorsagen und abgeschwächter Symptomatik zurückzuführen.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden 543 Masern-Erkrankungen übermittelt. Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen schwankt von Jahr zu Jahr zum Teil erheblich. Im Vergleich zu 2017 (n=929) wurden im Jahr 2018 weniger Fälle übermittelt. Während die Fallzahl im Jahr 2015 eine der höchsten seit 2001 war, war die Anzahl der im Jahr 2016 übermittelten Masern-Erkrankungen eine der niedrigsten. Es zeigte sich auch 2018 der für Masern typische saisonale Verlauf mit den höchsten Erkrankungszahlen im ersten Halbjahr (besonders in der 3. bis 29. Meldewoche) (s. Abb. 6.37.1).

Geografische Verteilung

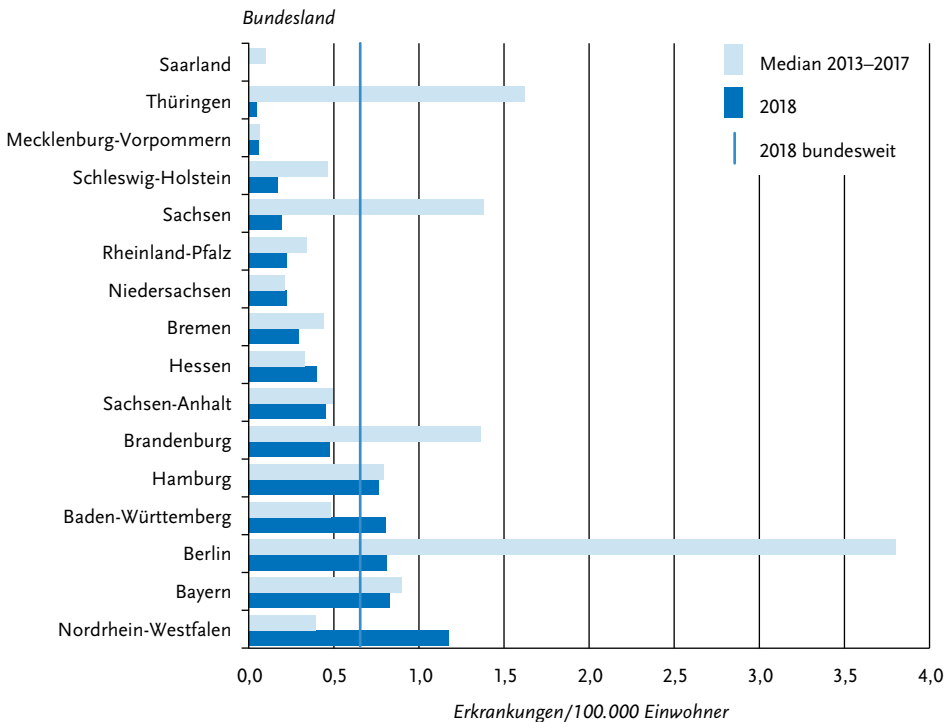
Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit

niedriger als im Jahr 2017 (1,1) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (1,1). In Nordrhein-Westfalen (1,2), Bayern, Berlin, Baden-Württemberg und Hamburg (je 0,8) lag die Inzidenz über der bundesweiten Inzidenz. In allen anderen Bundesländern lag sie darunter. Die Inzidenzen in Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg, Hessen und Niedersachsen lagen 2018 über dem Median der letzten 5 Vorjahre.

Eine Inzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einw., die von der WHO als ein Indikator für ein mögliches Erreichen der Masernelimination angesehen wird, wurde 2018 erneut in Mecklenburg-Vorpommern wie auch im Saarland und in Thüringen erreicht (s. Abb. 6.37.2).

Rund 39 % der 543 Masern-Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen übermittelt (n=211), gefolgt von Bayern mit 20 % (n=108) und Baden-Württemberg mit 16 % aller Fälle (n=89). Sechs Bundesländer übermittelten dagegen im

Abb. 6.37.2: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=543) im Vergleich zu den Vorjahren



Jahr 2018 je weniger als 10 Fälle und das Saarland übermittelte im Jahr 2018 keinen Masernfall.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 443 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 461 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (84 % der Nennungen; n=388). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden die Ukraine und Thailand (je n=9) sowie Italien, Rumänien, Serbien, Kosovo und Kroatien angegeben (je n=4).

Demografische Verteilung

Wie schon in den Vorjahren wurde die höchste altersspezifische Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren beobachtet. Sie lag bei Kindern im ersten Lebensjahr bei 4,7 Erkr./100.000 Einw und bei den Einjährigen bei 4,8 Erkr./100.000 Einw. Für die 2-Jährigen wurde eine Inzidenz von 2,5, bei den 3-Jährigen von 1,7 und 4-Jährigen von 1,8 berechnet. Für die 5- bis 9-Jährigen lag sie bei 1,3, für die 10- bis 14-Jährigen bei 1,5 und für die 15- bis 19-Jährigen bei 1,6. In den höheren Altersgruppen nahm die Inzidenz mit steigendem Alter ab und reichte von 1,4 bei den 20- bis 24-Jährigen und 1,1 bei den 25- bis 29-Jährigen, 0,7 bei den 30- bis 39-Jährigen und 0,4 bei den 40- bis 49-Jährigen bis 0,1 bei den 50- bis

59-Jährigen (s. Abb. 6.37.3). In den Altersgruppen von 60 Jahren und darüber wurden Daten von insgesamt 2 Masern-Fällen übermittelt.

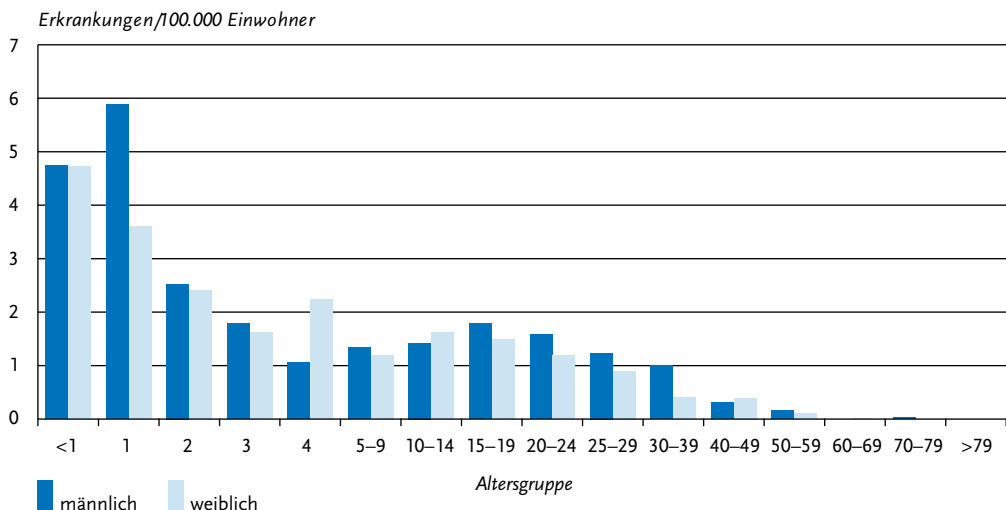
In der Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen traten 31 % der Erkrankungen auf (2017: 42 %; 2016: 47 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 2-Jährigen bei rund 57 % (2017: 61 %). Weit über die Hälfte der Erkrankungen (69 %; 2017: 58 %) traten bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. Von allen Masern-Erkrankungen entfielen rund 23 % (2017: 21 %) auf die Altersgruppe der 10- bis 19-Jährigen und 36 % (2017: 30 %) auf die Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen. Rund 7 % waren zwischen 40 und 49 Jahre alt (2017: 5 %) und 4 % der an Masern Erkrankten über 50 Jahre alt (2017: 3 %).

Im Jahr 2018 wurde für Jungen und Männer eine etwas höhere Masern-Inzidenz als für Mädchen und Frauen errechnet (0,8 versus 0,6).

Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung (n=228) lag bei 42 % und damit etwas höher als im Jahr 2017 (40 %). Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variierte nach Alter. So wurden im Berichtsjahr 51 % (2017: 48 %) der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder (38 von 75) sowie 27 % (2017:

Abb. 6.37.3: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=542)



26 %) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren (57 von 214) hospitalisiert. Von Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 52 % (133 von 254; 2017: 52 %).

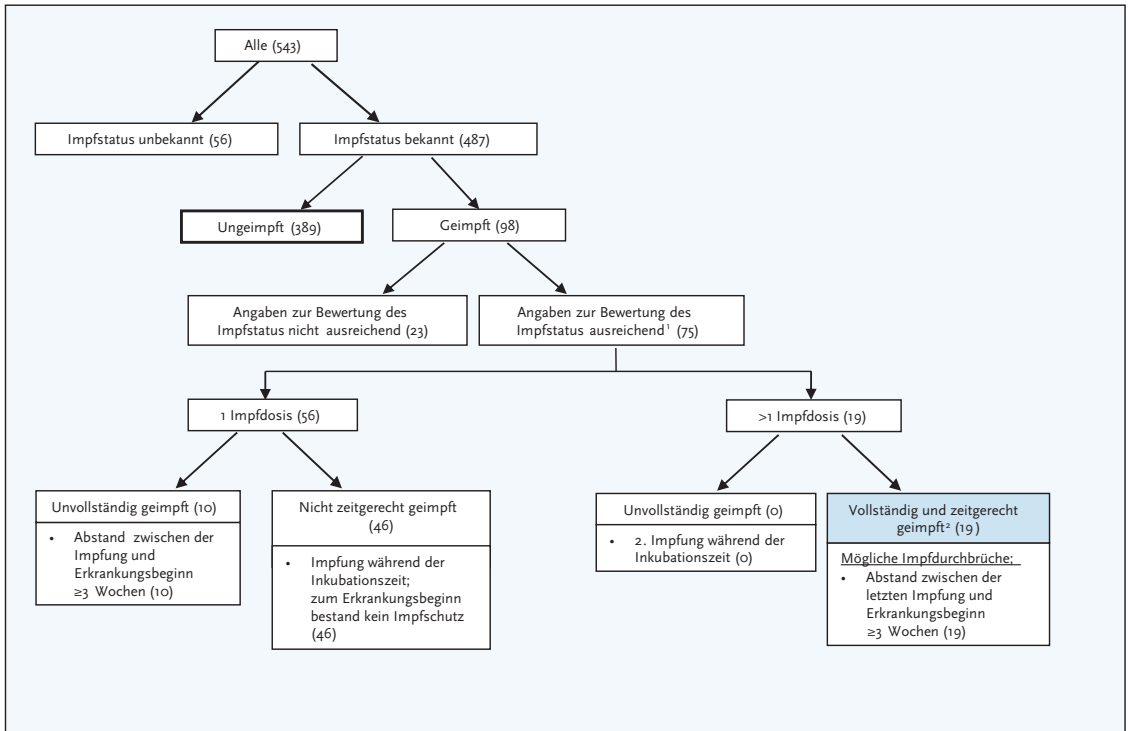
Für 400 der 543 Erkrankten lagen Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 381 Patienten (95 %, 2017: 93 %) keine Komplikationen angegeben. Eine Enzephalitis/Meningitis trat im Rahmen der akuten Masern-Erkrankung im Jahr 2018 nicht auf. Bei 9 der 400 Erkrankungen (2 %, 2017: 3 %) wurde eine Lungenentzündung und bei 2 Patienten (0,5 %, 2017: 1 %) eine Mittelohrentzündung im Verlauf der Masern-Erkrankung dokumentiert. Zudem waren ebenfalls 2 Erkrankungen mit einer Darmkomplikation vergesellschaftet. Sechs Patienten wiesen weitere Komplikationen nicht näher beschriebener Art auf. Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis

(SSPE) ist nicht meldepflichtig. Aus diesem Grund liegen dem RKI für dieses Krankheitsbild keine Daten vor. Todesfälle im Rahmen der akuten Erkrankung wurden im Jahr 2018 nicht dokumentiert.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (vorzugsweise Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Die 2. Impfung ist kein Booster. Nach der 2. Dosis entwickeln in der Regel auch diejenigen Personen eine Immunität, bei denen aus unterschiedlichen Gründen nach einer ersten Impfdosis kein Immunschutz aufgebaut wurde. Die erste Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten empfohlen (siehe

Abb. 6.37-4: Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=543)



¹ Zur Bewertung des Impfstatus wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
² Siehe dazu auch Hinweise im Text.

STIKO-Empfehlungen). Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 2. Masern-Mumps-Röteln-Impfung mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung im Alter von 15 bis 23 Monaten. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Geburtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Die STIKO hat im Jahr 2010 zudem Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgesprochen. Als Grundsatz gilt, dass nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) bewertbar sind. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen ist sehr unsicher und wird nicht empfohlen.

Von den 543 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 487 (90 %) bekannt. Von diesen wurden 98 (20 %) als geimpft und 389 (80 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.37.4). Bei 75 geimpften Fällen lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vor.

Bei 46 von 56 einmalig Geimpften mit bekanntem Impfdatum stand die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang zur Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen vor Erkrankungsbeginn), was für Kontrollmaßnahmen zur Verhinderung von weiteren Fällen spricht (postexpositionelle Impfung). Bei 10 Patienten mit einmaliger Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend jedoch Jahre, zurücklag, kann ein unzureichender Impfschutz aufgrund einer nicht erfolgten zweiten Impfung angenommen werden. Nur 10 Patienten befanden sich im ersten bzw. 2. Lebensjahr, bei allen weiteren Patienten hätte man durch eine nach STIKO-Empfehlungen rechtzeitige 2. Impfung höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können.

Bei 19 von 24 mehr als einmal geimpften Fällen lag ein Impfdatum vor. Bei allen 19 zweifach Geimpften kann nach einer vollständigen und zeitgerechten Impfung von einem primären oder sekundären Impfversagen ausgegangen werden.

Um Impfdurchbrüche, d. h. Masern-Erkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, sicher feststellen zu können, sollte unbedingt bei allen geimpften Patienten die Erkrankung labordiagnostisch gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei lediglich klinisch bestätigten

geimpften Fällen ohne Labornachweis ist die Maserndiagnose unsicher. Von den 19 vollständig und zeitgerecht geimpften Fällen im Jahr 2018 waren 15 laborbestätigt und 4 nur klinisch bestätigt worden.

Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Monate andauernden, auch bundeslandübergreifenden Transmissionsketten.

Im Jahr 2018 wurden 73 Ausbrüche mit 320 dazugehörigen Fällen (59 % aller Fälle) übermittelt. Im Vorjahr wurden 58 Ausbrüche mit 762 Fällen verzeichnet (82 % aller Fälle).

Im Jahr 2018 umfassten 59 Ausbrüche jeweils weniger als 5 Fälle und 14 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle (davon 4 Ausbrüche mit mehr als 10 Fällen). Diesen 14 Ausbrüchen wurden insgesamt 172 Fälle zugerechnet. Ausbrüche wurden aus 10 Bundesländern (außer Thüringen, Schleswig-Holstein, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Bremen und dem Saarland) übermittelt. Die meisten Ausbrüche wurden in Nordrhein-Westfalen ($n=21$) und Bayern ($n=18$) dokumentiert. Drei Ausbrüche traten in mehreren Bundesländern auf.

Der größte Ausbruch mit insgesamt 39 Fällen nach Referenzdefinition begann im März 2018 in einem Landkreis in Baden-Württemberg und breitete sich nachfolgend auf weitere Kreise in Baden-Württemberg und in 2 weitere Bundesländer (Berlin und Rheinland-Pfalz) aus. Zwei weitere größere Ausbrüche wurden mit jeweils 31 und 24 Fällen in Nordrhein-Westfalen zusammengefasst. Obwohl Ausbrüche auch in Gemeinschaftseinrichtungen und medizinischen Einrichtungen wie Krankenhäusern ($n=4$) beschrieben wurden, nahm der größte Anteil der Ausbrüche im familiären Umfeld seinen Anfang ($n=32$). Drei Ausbrüche begannen aufgrund einer Exposition in einem Flugzeug, Bus oder in der Bahn.

Eine Genotypisierung bei mindestens einem Fall eines Ausbruches wurde bei nur 47 der 73 Ausbrüche (64 %) vorgenommen. Eine Bestimmung der Variante des zirkulierenden Genotyps der Masernviren ist wichtig, um die Herkunft der Viren und das Ausmaß der Verbreitung dieser Transmissionskette abschätzen zu können.

Datenqualität

Eine laboridiagnostische Untersuchung von Verdachtsfällen ist sehr wichtig, da bei einer vergleichsweise niedrigen Inzidenz der Masern in Deutschland und bei häufigem Auftreten von nur einigen oder sporadisch erfassten Fällen der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern diagnose sehr niedrig ist. Der Anteil an klinisch-laborbestätigten Fällen lag mit 84 % erfreulicherweise höher als in den Vorjahren (2017: 62 %, 2016: 75 %) und übertrifft die von der WHO geforderten 80 %. Eine Laboruntersuchung sollte besonders bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften erfolgen.

Bei einigen Fällen wurde eine „Antigenbestimmung im Blut“ als durchgeführte Laboruntersuchung zur Bestätigung eines Verdachtes auf Masern angegeben. Es wird vermutet, dass diese Laboruntersuchung mit der Serologie verwechselt wurde. Die „Antigenbestimmung im Blut“ ist eine Spezialuntersuchung zum Nachweis der Masernviren im Blut. Sie ist teuer und erfolgt in der Regel nicht routinemäßig. Die serologische Bestätigung einer akuten Masernerkrankung wird mit Anklippen der Items „IgM-Antikörpernachweis“ oder „IgG-Antikörpernachweis (deutliche Änderung zwischen zwei Proben)“ dokumentiert.

Bei 201 der 543 übermittelten Erkrankungen (37 %, 2017: 23 %, 2016: 18 %) war eine Genotypisierung veranlasst worden. Auch hier fand erneut eine Steigerung im Vergleich zu den letzten Jahren statt. Die vom Nationalen Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln (NRZ) an die Gesundheitsämter gemeldeten Ergebnisse zu vorliegenden Sequenzvarianten der Masernviren werden in der Melde- und Übermittlungssoftware erfasst, damit im Rahmen der epidemiologischen Surveillance valide Analysen zu Transmissionsketten vorgenommen werden können. Diese ist besonders bei lediglich sporadisch erfassten Masern-Fällen von hoher Relevanz. Die Einschätzung der Länge von Transmissionsketten ist unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des Standes der Elimination der Masern in Deutschland. Ergebnisse der Genotypisierung sollten bitte stets nachgetragen und übermittelt werden. Bei 100 Erkrankungen erfolgte die Angabe »andere/sonstige«. Aufgrund der vorliegenden Systematik der Meldesoftware ist es jedoch möglich, explizit

jede vorliegende Sequenzvariante in der Software zu dokumentieren.

Die epidemiologische Analyse der Herkunft der Masern und möglicher Expositionen, insbesondere im Ausland, ist entscheidend, um importierte Masern zu erkennen und import-assoziierte Fälle besser zuordnen und Transmissionsketten verfolgen zu können. Bei den hochkontagiösen Masern ist es zuweilen eine Herausforderung, die Herkunft der Infektion zu identifizieren. Eine Analyse der letzten 7 bis 21 Tage vor Beginn der Symptome auf mögliche Kontakte zu an den Masern Erkrankten und eine Reiseanamnese sind für eine optimale Untersuchung eines aufgetretenen Masern-Falles unerlässlich.

Vollständige Angaben zu bereits durchgeführten Impfungen sind entscheidend, um korrekte Einschätzungen zu eventuell vorliegenden Impfdurchbrüchen und zur Wirksamkeit der Impfungen, insbesondere zur Einschätzung einer nachlassenden Immunität vornehmen zu können.

Angesichts des hohen Anteils der Hospitalisierten im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen sehr wahrscheinlich. So wurden insgesamt 228 von 543 Masern-Erkrankungen (42 %) im Krankenhaus behandelt, Komplikationen jedoch nur bei 19 Erkrankungen näher spezifiziert. Zu 143 der 543 Masern-Erkrankungen (26 %, 2017: 18 %) waren Angaben zu möglichen Komplikationen nicht erhoben worden bzw. nicht ermittelbar.

Fazit

Für das Jahr 2018 wurde eine Masern-Inzidenz von 0,7 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2017: 1,1). Die von der WHO vorgegebene richtungweisende Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einw. zur Dokumentation erfolgreicher Schritte hin zu einer nahenden Masern-Elimination wurde damit nicht erreicht.

Wie in den Vorjahren weisen Kinder in den ersten Lebensjahren die höchsten Inzidenzen auf, eine Altersgruppe, die von Komplikationen besonders betroffen ist. Die Inzidenz bei Kindern unter 12 Monaten zeigt, dass die Herdenimmunität weiterhin nicht ausreicht, um eine Ausbreitung der Masern in dieser Altersgruppe zu verhindern und diejenigen wirksam zu schützen, die selbst (noch) nicht geimpft werden können. Neben einem eigenen Schutz ist besonders auch für diese Alters-

gruppen die Impfung bei Jugendlichen und Erwachsenen von Bedeutung. Weit über die Hälfte der Erkrankungen wurde in den Altersgruppen der 10-Jährigen und älter erfasst, knapp 40 % aller Fälle waren zwischen 20 und 39 Jahre alt.

Der hohe Anteil an kleinen Ausbrüchen mit unter 5 Fällen zeigt, dass durch unverzügliche Maßnahmen der lokalen Behörden Transmissionsketten schnell unterbrochen wurden. Es könnte aber auch heißen, dass die Transmissionsketten nicht ausreichend verfolgt und Fälle und Ausbrüche ausgelöst durch eine spezifische Sequenzvariante nicht zusammengefasst werden.

Die Notwendigkeit der schnellstmöglichen Nachholimpfung bei Kindern und Jugendlichen, auch bei Kindern und Jugendlichen mit Migrationshintergrund aus der Europäischen Union, die in ihrer Heimat nicht geimpft worden waren, und bei jungen Erwachsenen entsprechend den Impfeempfehlungen der STIKO ist dringend geboten, um lange Transmissionsketten in Deutschland zu verhindern.

Literaturhinweise

- Muscat M, Ben Mamou MC, Singh S, de Kat C, Jankovic D, Huseynov S: *Eliminierung der Masern aus der Europäischen Region der WHO – Herausforderungen bleiben*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:440–449.
- Bitzegeio J, Majowicz S, Matysiak-Klose D, Sagebiel D, Werber D: *Estimating age-specific vaccine effectiveness using data from a large measles outbreak in Berlin, Germany, 2014/15: evidence for waning immunity*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.171800529
- Orenstein WA, Hinman A, Nkwane B, Olive JM, Reingold A: *Measles and Rubella Global Strategic Plan 2012–2020 midterm review*. Vaccine 2018. doi: 10.1016/j.vaccine.2017.09.026
- Larson, H., de Figueiredo A, Karafillakis E, Rawal M: *State of Vaccine Confidence in the EU 2018*. https://ec.europa.eu/health/sites/health/files/vaccination/docs/2018_vaccine_confidence_en.pdf
- Rieck T, Matysiak-Klose D, Hellenbrand W, et al.: *Umsetzung der Masern- und Pertussisimpfempfehlungen für Erwachsene, Analyse von Daten des bundesweiten Monitorings der KV-Impfsurveillance*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:422–432.
- Muscat M, Ben Mamou MC, Singh S, de Kat C, Jankovic D, Huseynov S: *Eliminierung der Masern aus der Europäischen Region der WHO – Herausforderungen bleiben*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:440–449.
- Santibanez S, Hübschen JM, Ben Mamou MC, et al.: *Molecular Surveillance of measles and rubella in the WHO European Region: New challenges in the elimination phase*. Clin Microbiol Infect 2017; 23:516–523.
- Betsch C, Böhm R: *Detrimental effects of introducing partial compulsory vaccination: experimental evidence*. Eur J Public Health 2015. doi: 10.1093/eurpub/ckv154
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. Epid Bull 2019; 18:147–153.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.
- Matysiak-Klose D, Santibanez S: *Aktuelle Epidemiologie der Masern in Deutschland*. Epid Bull 2018; 33:325–330.
- Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance – Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. Epid Bull 2018; 1:1–14.
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe bei Risikopersonen*. Epid Bull 2017; 2:17–25.
- RKI: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland werden jährlich auf der Website des RKI veröffentlicht*. www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html;jsessionid=0468B27A88490E75692EE7CD0DA326EF.1_cid390
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.38 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 295
- ▶ Leichte Zunahme der Fallzahlen im Jahr 2018
- ▶ Anstieg der Todesfälle auf 34 (Vorjahr: 23)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern, gefolgt von Jugendlichen
- ▶ 3 Häufungen mit je 2 Fällen
- ▶ Wirksame Schutzimpfungen gegen die Serogruppen A,B,C,W und Y verfügbar

Kurzbeschreibung

Meningokokken sind Bakterien der Art *Neisseria meningitidis*. Sie werden durch Tröpfchen übertragen und können eine akute, teilweise perakut verlaufende Erkrankung hervorrufen, die sich vor allem als Meningitis oder Sepsis manifestiert. Folge eines besonders fulminanten septischen Verlaufs ist das mit hämorrhagischen Nekrosen (Purpura fulminans) einhergehende Waterhouse-Friderichsen-Syndrom (WFS). Die Letalität der invasiven Meningokokken-Infektionen beträgt 5 bis 10 %. Meningokokken werden in verschiedene Sero-

Tab. 6.38.1:

Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition*, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	2	1%	6	2%
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	275	95%	280	95%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	3%	8	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	1%	1	0%
alle	288	100%	295	100%
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	287	100%	295	100%

* Von den invasiven Meningokokken-Infektionen, die nur klinische Angaben hatten (Falldefiniationskategorie A), erfüllte 2017 ein Erkrankter nicht die Kriterien für das spezifische klinische Bild.

gruppen unterteilt, von denen in Deutschland bisher überwiegend die Serogruppen B und C vorkamen. Seit Juli 2006 ist eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff für alle Kinder im zweiten Lebensjahr von der Ständigen Impfkommission (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie oberflächenproteinbasierte Impfstoffe gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Infektion empfohlen.

Falldefinition

Seit dem Jahr 2015 erfüllen auch an einer invasiven Meningokokken-Infektion Erkrankte ohne Labornachweis des Erregers bzw. ohne epidemiologische Bestätigung (Falldefiniationskategorie A) die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist (s. Tab. 6.38.1). Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefiniationskategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 erfüllten insgesamt 295 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefini-

tion, 3 % mehr als im Vorjahr. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem über 40 % aller invasiven Meningokokken-Infektionen des Jahres 2018 auftraten (s. Abb. 6.38.1). Auch in den 5 Vorjahren (von 2013 bis 2017) traten jeweils circa ein Drittel (29 bis 37 %) aller Infektionen im I. Quartal auf.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,4 Erkr./100.000 Einw.) und schwankte in den Bundesländern zwischen 0,1 (Bremen) und 0,7 Erkr./100.000 Einw. (Hamburg). Gegenüber dem Median der 5 Vorjahre nahm die Inzidenz in den meisten Bundesländern ab oder lag auf ähnlichem Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.38.2). Nur in Hamburg und Sachsen kam es zu einem deutlicheren Anstieg, allerdings bei insgesamt niedrigen Erkrankungszahlen.

Von den 245 (83 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 232 (95 %) ausschließlich Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland genannt. In 10 Fällen wurde ein anderes Land als einziges wahrscheinliches Infektionsland angegeben: jeweils zweimal die Russische Föderation und Spanien und jeweils einmal Australien, Belgien, Marokko, Österreich, Schweden und die Vereinigten Staaten.

Abb. 6.38.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2013 bis 2018 (n=1.830)

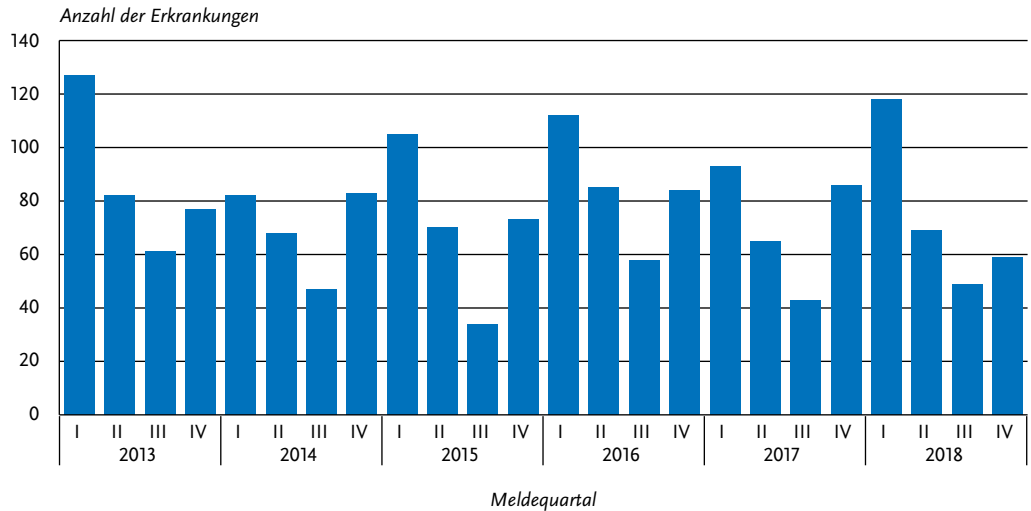
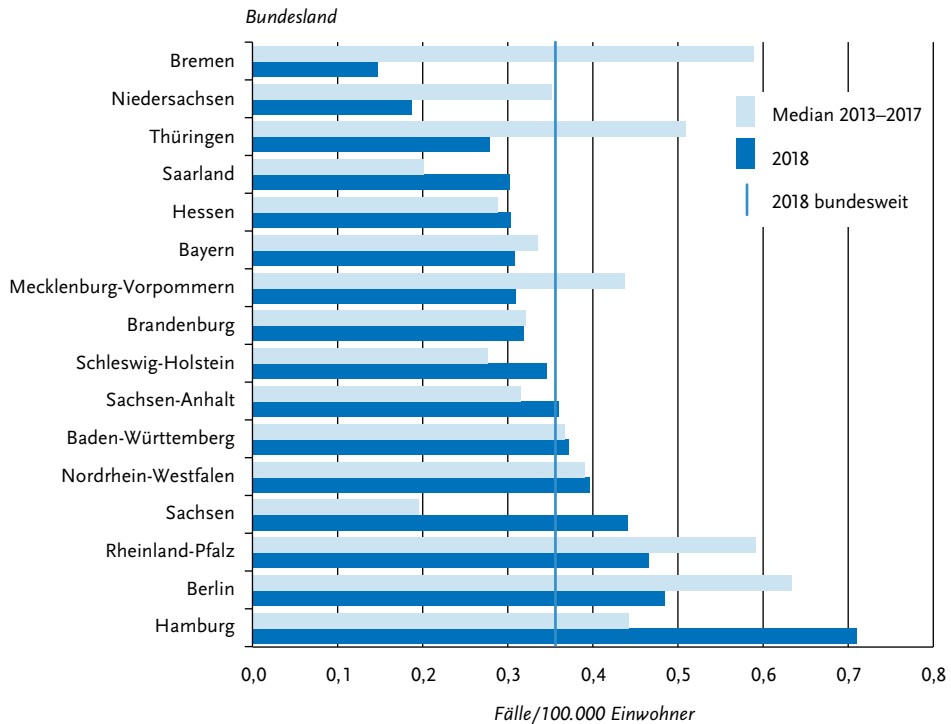


Abb. 6.38.2:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=295) im Vergleich mit den Vorjahren



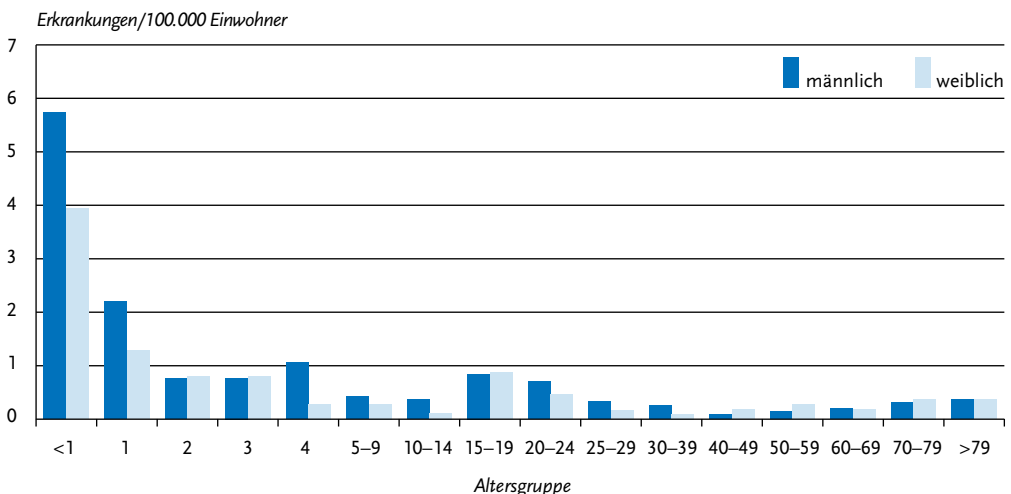
Tab. 6.38.2:
Serogruppen-Verteilung der Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2018 (n=237 mit Angabe der Serogruppe)

Erreger	Anzahl	Anteil
Serogruppe B	139	58,6 %
Serogruppe Y	34	14,3 %
Serogruppe C	31	13,1 %
Serogruppe W	30	12,7 %
Serogruppe A	1	0,4 %
Serogruppe Z	1	0,4 %
Serogruppe WY	1	0,4 %
Summe	237	100,0 %

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten Lebensjahren auf, insbesondere bei Säuglingen (5,0 Erkr./100.000 Einw.) und Einjährigen (1,8 Erkr./100.000 Einw.). Ein zweiter, kleinerer Gipfel bestand in der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen (0,9 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem (0,4 Erkr./100.000 Einw.) und weiblichem Geschlecht (0,3 Erkr./100.000 Einw.) nur geringfügig (s. Abb. 6.38.3).

Abb. 6.38.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=294)



Nachgewiesene Erreger

Für 237 (80 %) der 295 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 82 %). Die Tabelle 6.38.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist mit 139 Fällen (59 %) für die Mehrzahl der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen verantwortlich (Vorjahr: 138 (59 %)); gefolgt von der Serogruppe Y mit 34 (14 %) Fällen (Vorjahr: 35 (15 %)). Die Serogruppe C wurde bei 31 (13 %) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen nachgewiesen (Vorjahr: 39 (17 %)) und die Serogruppe W bei 30 (13 %) (Vorjahr: 21 (9 %)). Bei je einem Fall wurden Meningokokken der Serogruppe A, (WY) bzw. Z nachgewiesen.

Seit 2006 wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C empfohlen. Die folgende Analyse bezieht sich auf die Altersgruppe der ein bis 11-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Von den 48 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe war bei 40 (83 %) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag 2018 mit einem Fall bei 3 % (Vorjahr: 5 %, 2 Fälle). Im Jahr 2006 hatte dieser Anteil noch bei 28 % gele-

gen. Während invasive Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe insgesamt um zwei Drittel (67 %) abnahmen (2018: 36 Fälle gegenüber 2006: 109 Fälle), sind die invasive Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C sogar um 98 % (2018: ein Fall gegenüber 2006: 43 Fälle.) zurückgegangen. Zusammen mit an anderer Stelle veröffentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rückgang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Infektionen bei Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten für eine hohe Wirksamkeit der Meningokokken-C-Impfung.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild wurden bei 291 der 295 invasiven Meningokokken-Infektionen (99 %) gemacht. Nach diesen Angaben lagen bei 150 (52 %) Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 142 (49 %) ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 61 (21 %) Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 30 (10 %) Fällen und Purpura fulminans bei 13 (4 %) Fällen angegeben.

Insgesamt 35 invasive Meningokokken-Infektionen wurden als verstorben übermittelt, davon sind 34 an der gemeldeten Krankheit verstorben und ein Erkrankter aufgrund anderer Ursache. Die Letalität lag somit bei 12 % (Vorjahr: 8 %). Die Letalität bei Fällen mit der Serogruppe B lag 2018 bei 9 % (2017: 7 %), und bei Fällen mit der Serogruppe C bei 10 % (2017: 10 %). Von den Fällen mit der Serogruppe W bzw. Y starben 6 bzw. 3 an der invasiven Meningokokken-Infektion (Letalität 20 % bzw. 9 %).

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im zweiten Lebensjahr empfohlen. Dazu stehen 3 monovalente Konjugat-Impfstoffe zur Verfügung, die ab dem Alter von 2 Monaten zugelassen sind. Ab dem Alter von einem Jahr ist lediglich eine Impfdosis erforderlich. Wird bereits im Säuglingsalter geimpft, sind im ersten Lebensjahr 2 Impfdosen im Abstand von 2 Monaten erforderlich, mit einer Auffrischimpfung im 2. Lebensjahr. Konjugat-Impfstoffe gegen die

Serogruppen A, C, W und Y sind zur Impfung ab dem Alter von 6 Wochen bzw. 2 Jahren zugelassen. In der Vergangenheit wurden zur Impfung gegen die Serogruppen A und C bzw. A, C, W und Y auch Polysaccharid-Impfstoffe verwendet, die jedoch im Alter unter 2 Jahren nur begrenzt wirksam sind. Die Grundimmunisierung besteht aus einer Impfdosis; Auffrischimpfungen werden für Konjugat-Impfstoffe bislang nicht, für Polysaccharid-Impfstoffe nach 3 bis 5 Jahren empfohlen. Die Impfung gegen die Serogruppe B ist bislang von der STIKO nur für Risikopersonen empfohlen worden; sie kann jedoch als zugelassener Impfstoff in Anspruch genommen werden und wird von der Sächsischen Impfkommision in Sachsen für Kinder bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 6 Monaten 3 Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten. Bei Kindern zwischen 6 und 24 Monaten sind 3 Dosen notwendig; bei allen anderen Altersgruppen lediglich 2 Dosen. Bei dem Impfstoff Trumenba® (zugelassen ab 10 Jahren) besteht eine Grundimmunisierung wahlweise aus 2 oder 3 Dosen (Details s. Fachinformationen). Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 236 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 56 Fällen (24 %) die Angabe zum Impfstatus (darunter 30 von 139 Fällen der Serogruppe B, 8 von 31 Fällen der Serogruppe C, 10 von 30 Fällen der Serogruppe W und 8 von 34 Fällen der Serogruppe Y). Auch bei 19 von 58 Fällen ohne Angabe der Serogruppe war der Impfstatus unklar.

Von den 109 übermittelten Fällen der Serogruppe B mit Informationen zum Impfstatus wurde bei 17 eine Impfung angegeben; bei 15 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen Serogruppe C, bei einem Fall um eine Impfung gegen die Serogruppe B und bei einem weiteren Fall konnte die Art der Impfung nicht ermittelt werden. Der Erkrankte mit der Meningokokken-B-Impfung war einmalig gegen diese Serogruppe geimpft und erkrankte mehr als 3 Jahre nach dieser Impfung. Von den 23 Fällen der Serogruppe C mit Angabe zum Impfstatus hatte ein Erkrankter eine Meningokokken-C-Impfung erhalten (monovalenter Meningokokken-C-Konju-

gat-Impfstoff, einmalig, mehr als 7 Jahre vor Beginn der Erkrankung). Von den 20 Fällen der Serogruppe W mit Angabe zum Impfstatus waren 2 geimpft, von denen einer eine Meningokokken-C-Impfung erhalten hatte. Für den zweiten Erkrankten lagen keine Informationen zum Impfstoff vor. Von den 26 Fällen der Serogruppe Y mit Angabe zum Impfstatus hatte ein Fall eine Meningokokken-C-Impfung erhalten.

Soweit die Daten vorliegen, gab es im Jahr 2018 bei den übermittelten invasiven Meningokokken-Erkrankungen keine möglichen Impfdurchbrüche.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden 3 Häufungen mit je 2 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Diese Häufungen betrafen die Serogruppe C (2) und die Serogruppe Y (1).

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren nahezu vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit Angaben zur Serogruppe lag jedoch bei nur 80 % – eine weitere Verschlechterung gegenüber den Vorjahren. Ferner fehlten Angaben zum Impfstatus bei 24 % der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen. Eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus ist zur Überwachung der Effekte durch die seit 2006 empfohlene Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich, auch für die Impfungen mit den neueren Impfstoffen gegen Meningokokken der Serogruppe B. Es ist bekannt, dass die Impfantikörper nach einer Impfung mit den Konjugatimpfstoffen gegen die Serogruppen ACWY mit der Zeit abnehmen, insbesondere wenn vor dem Alter von 10 Jahren geimpft wurde; sodass gelegentliche Impfdurchbrüche auftreten können. Ein diesbezüglicher Anstieg wäre ein wichtiger Hinweis für die Notwendigkeit einer Auffrischimpfung; er kann jedoch nur bei Vorliegen des Impfstatus sowie der Serogruppe erkannt werden. Gesundheitsämter sollten meldende Labore auf die Möglichkeit hinweisen, sowohl Isolate als auch Nativmaterial am NRZ für Meningokokken diesbezüglich unentgeltlich untersuchen zu lassen. Eine hohe Datenqualität vor allem in Bezug auf die zirkulieren-

den Stämme und die Erhebung der Impfangaben bei dieser schwerwiegend verlaufenden Infektion bleibt eine wesentliche Grundlage für die Prüfung und mögliche Anpassung zu den von der STIKO empfohlenen Impfungen gegen Meningokokken.

Fazit

Die Gesamtinzidenz invasiver Meningokokken-Infektionen nahm im Jahr 2018 im Vergleich zum Vorjahr leicht zu. Eine deutliche Zunahme gab es bei der Serogruppe W. Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 zeigen die Daten in der primären Impfzielgruppe der ein- bis 11-jährigen Kinder einen starken Rückgang der Infektionen durch die Serogruppe C, der zudem deutlich ausgeprägter ist als der Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe B.

Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der invasiven Meningokokken-Infektionen wie auch der Impfquoten in der Bevölkerung ist für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischungsimpfungen unerlässlich.

Literaturhinweise

- Krone M, Gray S, Abad R, et al.: *Increase of invasive meningococcal serogroup W disease in Europe, 2013 to 2017*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.14.1800245
- Tenenbaum T, Hellenbrand W, Schrotten H: *Impfstoffe gegen Meningokokken für das Kindesalter*. Monatsschr Kinderheilkd 2019. doi: 10.1007/s0012-018-0635-7
- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2018)*. www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/berichte-meningokokken/daten-2018
- Whittaker R, Dias JG, Ramliden M, et al.: *The epidemiology of invasive meningococcal disease in EU/EEA countries, 2004–2014*. Vaccine 2017. 10.1016/j.vaccine.2017.03.007
- Knol MJ, Hahné SJM, Lucidarme J, et al.: *Temporal associations between national outbreaks of meningococcal serogroup W and C disease in the Netherlands and England: an observational cohort study*. The Lancet Public Health 2017. doi: 10.1016/S2468-2667(17)30157-3
- Christensen H, Irving T, Koch J, et al.: *Epidemiological impact and cost-effectiveness of universal vaccination with Bexsero® to reduce meningococcal group B disease in Germany*. Vaccine 2016. doi: 10.1016/j.vaccine.2016.04.004

STIKO: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2018/2019. *Epid Bull* 2018; 34:335–382.

AG Meningokokken B der STIKO: Aktualisierte Stellungnahme der STIKO am RKI zum Stand der Bewertung einer Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe B (Stand 20.12.2017). *Epid Bull* 2018; 3:35–44.

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

Berger T, Kassirer M, Aran AA: *Injectional anthrax – new presentation of an old disease*. *Euro Surveill* 2014. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.32.20877

Grunow R, Verbeek L, Jacob D, et al.: *Injektionsmilzbrand – neu aufgetretene Fälle bei Heroinabhängigen*. *Dtsch Arztebl Int* 2012; 49:843–848.

RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.39 Milzbrand

Kurzbeschreibung

Milzbrand (auch als Anthrax bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Bacillus anthracis* verursacht. Am Anfang der Ansteckungskette stehen normalerweise pflanzenfressende Säugetiere (Nutz- oder Wildtiere). Abhängig vom Ansteckungsweg können beim Menschen die Haut (Hautmilzbrand), die Lunge (Lungenmilzbrand) oder der Darm (Darmmilzbrand) betroffen sein. Zusätzlich wurde das Krankheitsbild des Injektionsmilzbrandes beschrieben, bei dem es nach Injektion kontaminierter Substanzen zu einer schweren Weichteilinfektion im Bereich der Injektionsstelle kommen kann. Unbehandelt verläuft Milzbrand häufig tödlich. Der Milzbrand-Erreger ist wegen seiner Eignung für bioterroristische Anschläge seit 2001 in das öffentliche Interesse gerückt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebrauchern übermittelt; ein Patient verstarb. Diese 4 Erkrankungen standen, ebenso wie 2 Erkrankungen in den Jahren 2009/2010 in Deutschland, im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchern. Vor 2009 war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

Literaturhinweise

Keim P, Grunow R, Vipond R, et al.: *Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years*. *EBioMedicine* 2015; 2:1613–1618.

6.40 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 2.424
- ▶ Seit 6 Jahren deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei männlichen Erwachsenen über 79 Jahren

Kurzbeschreibung

Staphylococcus aureus ist ein bakterieller Erreger, der natürlicherweise auf Haut und Schleimhäuten von Mensch und Tier vorkommen kann. Er verursacht ein weites Spektrum von Erkrankungen, das von Haut- und Weichteilinfektionen (z. B. Furunkel, Wundinfektionen), Abszessbildungen in nahezu allen Körperregionen, Lungenentzündung bis hin zu schweren systemischen Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika ausgebildet, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierten Tieren (z. B. Schweinen) auf den Menschen.

Meldepflichtig gemäß IfSG ist der direkte Nachweis von MRSA in Blutkulturen oder Liquor. Übermittelt werden alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen unabhängig vom klinischen Bild, diese erfüllen gleichzeitig die Referenzdefinition. Der Nachweis von Krankheitserregern in der Blutkultur wird als Bakteriämie bezeichnet und ist nicht in jedem Fall mit einer Sepsis verbunden.

Tab. 6.40.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.502	88 %	2.104	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	152	5 %	143	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	181	6 %	177	7 %
alle	2.835	100 %	2.424	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	2.835	100 %	2.424	100 %

Faldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.40.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 2.424 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 15 % weniger als im Vorjahr (2.835). Die Inzidenz in Deutschland betrug 2,9 Fälle pro 100.000 Einwohner und ist damit im Jahr 2018 im Vergleich zum Vorjahr

Abb. 6.40.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=2.424) im Vergleich mit den Vorjahren

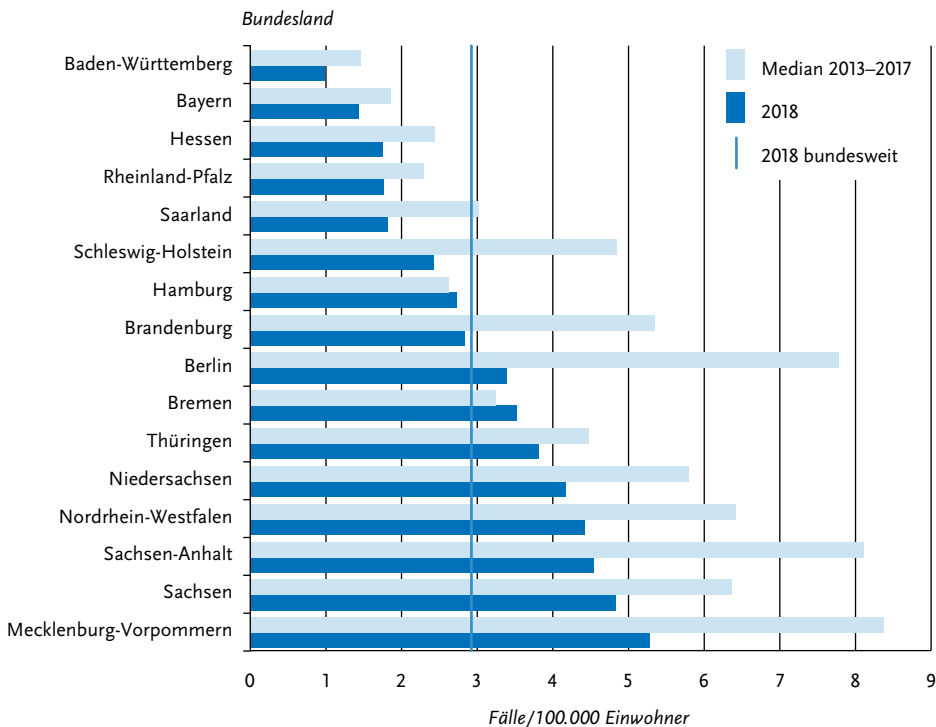
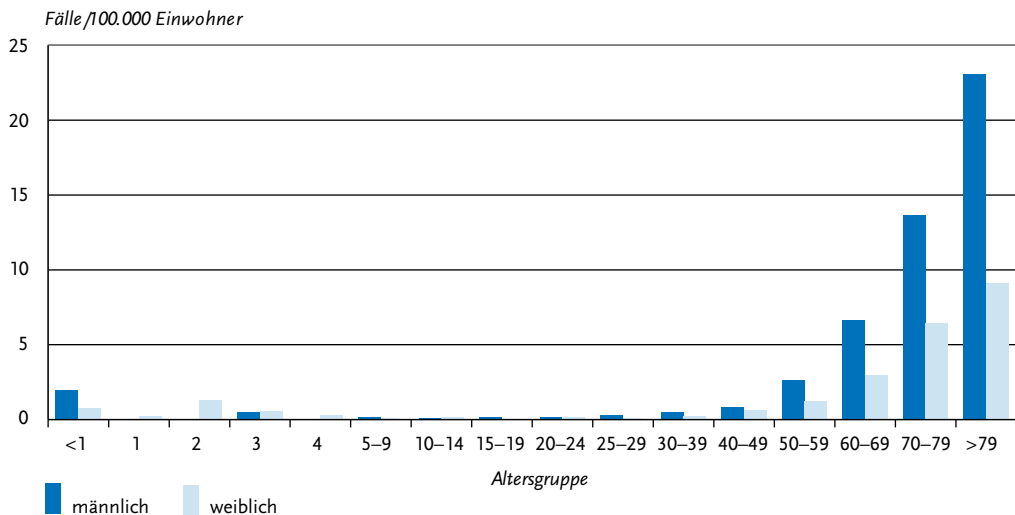


Abb. 6.40.2:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=2.414)



(3,4) gesunken. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten.

Geografische Verteilung:

Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 1,0 (Baden-Württemberg) und 5,3 (Mecklenburg-Vorpommern) Infektionen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.40.1). Die Gründe für die regionalen Unterschiede können durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 14,3 Infektionen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 9,8. Insgesamt 82% der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (1,5) auf (s. Abb. 6.40.2). Mit einer Inzidenz von 3,7 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (2,1).

Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99% aus Blutkulturen. Bei 19 (1%) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 6 von diesen 19 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 2.175 der übermittelten Infektionen lagen klinische Angaben vor. Bei 1.564 (72%) der Infektionen mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 1.660 (76%) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 28% der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt, gefolgt von MRSA-Infektionen der Haut und Weichteile (14%) und des Respirationstrakts (13%).

Es wurden 184 Todesfälle (7,7% von 2.390 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Patienten häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob der Patient an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist. Die Nachverfolgungs-

zeit im Hinblick auf den klinischen Verlauf bzw. einer möglichen Todesfolge ist nicht bekannt, geht aber in der Regel nicht über den Krankenhausaufenthalt hinaus.

Datenqualität

Die Daten aus der MRSA-Meldepflicht erlauben eine bevölkerungsbezogene Abschätzung der schweren, invasiv verlaufenden MRSA-Infektionen. Mit MRSA-Bakteriämien als Indikator für die Gesamtbelastung aller MRSA-Infektionen im Krankenhaus können Entwicklungen und Trends in Häufigkeit und Verteilung aufgezeigt werden. Zu beachten ist aber, dass die Situation von weniger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wurde auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Infektionen ist möglich, wenn z. B. keine adäquate Blutkultur-Diagnostik erfolgt oder bedingt durch eine empirisch durchgeführte antibiotische Therapie die kulturelle Isolierung des Erregers nicht gelingt. Hierbei ist zu beachten, dass die Anzahl der durchgeführten Blutkulturen pro Patiententage in Deutschland in den letzten Jahren angestiegen ist. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Fazit

Aufgrund zunehmender MRSA-Infektionen wurden ab 2008 im Rahmen einer nationalen Strategie im großen Umfang Maßnahmen zur Prävention und Kontrolle von MRSA in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen durchgeführt. Seit 2012 sinkt die Inzidenz der übermittelten MRSA-Infektionen. Ob die eingeführten Maßnahmen ursächlich für den Rückgang der übermittelten MRSA-Infektionen verantwortlich sind, lässt sich durch die Meldedaten allein jedoch nicht klären. Die epidemiologische Situation nichtinvasiver MRSA-Infektionen oder von MRSA im ambulanten Bereich wird nicht widerspiegelt. Ebenso können Gründe für die regionalen Unterschiede

und zwischen den Geschlechtern durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

Literaturhinweise

- Jurke A, Daniels-Haardt I, Silvis W, et al.: *Changing epidemiology of methicillin-resistant Staphylococcus aureus in 42 hospitals in the Dutch–German border region, 2012 to 2016: results of the search-and-follow-policy*. Euro Surveill 2019. 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.15.1800244
- Layer F, Strommenger B, Cuny C, Klingenberg A, Eckmanns T, Werner G: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2017 aus der Sicht des NRZ für Staphylokokken und Enterokokken*. J Environ Occup Health Sci 2018; 23:393–400.
- Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J: *Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016–2017*. BMC Public Health 2018. doi: 10.1186/s12889-018-5971-y
- Walter J, Noll I, Feig M, et al.: *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 2017; doi: 10.1186/s12879-017-2271-6
- Becker K, Schaumburg F, Fegeler C, Friedrich AW, Kock R: *Staphylococcus aureus from the German general population is highly diverse*. Int J Med Microbiol 2017; 307:21–27.
- Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten Staphylococcus aureus-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:696–732.
- Walter J, Haller S, Blank H, Eckmanns T, Abu Sin M, Hermes J: *Incidence of invasive methicillin-resistant Staphylococcus aureus infections in Germany, 2010 to 2014*. Euro Surveill 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.46.30067
- Layer F, Strommenger B, Cuny C, et al.: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016*. Epid Bull 2018; 5:57–62.
- RKI: *Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit S. aureus und Enterokokken*. Epid Bull 2016; 22:191–193.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.41 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 534
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 530 bis 840 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- ▶ 75 % der Mumps-Erkrankten sind 15 Jahre und älter
- ▶ Nahezu jeder 10. männliche Mumps-Fall mit Orchitis
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (72 Erkrankungen)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (24 %), die die Referenzdefinition aufgrund fehlender oder unzureichender Angaben zum klinischen Bild nicht erfüllen

Kurzbeschreibung

Mumps (Parotitis epidemica), umgangssprachlich auch Ziegenpeter genannt, ist eine akute, hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20 bis 30 %) oder doppelseitige (70 bis 80 %) entzündliche Schwellung der Ohrspeicheldrüse

(Parotitis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung können eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach einer Mumps-Infektion besteht in der Regel eine lebenslange Immunität. 1976 wurde erstmalig eine Empfehlung zur Mumps-Impfung von der Ständigen Impfkommision (STIKO) ausgesprochen. Seit 2001 gilt die aktuell bestehende STIKO-Impfempfehlung, die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zu verabreichen, gefolgt von der zweiten Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß IfSG für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus. Da die bundesweite Meldepflicht für Mumps erst im Frühjahr 2013 in Kraft getreten ist und Melde-daten nicht für das gesamte Jahr 2013 vorliegen, werden nur Daten seit 2014 für den Vergleich mit den Vorjahren herangezogen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.41.1).

Tab. 6.41.1:
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	219	25 %	197	28 %
klinisch-epidemiologisch (B)	18	2 %	22	3 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	416	48 %	315	45 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	102	12 %	63	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	114	13 %	106	15 %
alle	869	100 %	703	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	653	75 %	534	76 %

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden 534 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Nachdem 2017 mit 653 Erkrankungen bereits ein 12%-iger Rückgang im Vergleich zum Vorjahr beobachtet werden konnte, ist die Zahl der Erkrankungen 2018 damit um weitere 18 % zurückgegangen. Die Zahl der übermittelten Mumps-Erkrankungen erreichte damit den niedrigsten jährlichen Stand seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht im Jahr 2013. Das bisherige jährliche Maximum wurde im Jahr 2014 mit 835 Fällen gemessen. Mumps-Erkrankungen traten das gesamte Jahr auf; monatlich wurden zwischen 37 bis 59 Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2018 zeigten die Mumps-Erkrankungen einen nur gering ausgeprägten saisonalen Verlauf mit einer leicht erhöhten Fallzahl in den Wintermonaten (s. Abb. 6.41.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die östlichen Bundesländer Sachsen, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und Sachsen-Anhalt sowie Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg und Berlin, blieben mit ihren bundeslandspezifischen Inzidenzen unterhalb der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.41.2). Einen deutlichen Rück-

gang der Inzidenz im Vergleich zur medianen Inzidenz der Vorjahre beobachtet man in Berlin, Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Hamburg und Nordrhein-Westfalen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 311 Erkrankungen vor (insgesamt 313 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 283 von 313 (90 %) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben.

Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-Jährigen (1,3 Erkr./100.000 Einw.), bei den 5- bis 9-Jährigen (1,6) und bei den 20–24-Jährigen (1,1) verzeichnet. Die Inzidenz geht bei den höheren Altersgruppen nahezu kontinuierlich zurück und betrug bei den über 25-jährigen Erwachsenen fortlaufend < 1 Erkr./100.000 Einw. Drei Viertel (75 %) der Personen, für die eine Mumps-Erkrankung übermittelt wurde, waren 15 Jahre und älter. Bei über 69-Jährigen traten Mumps-Erkrankungen nur selten auf (s. Abb. 6.41.3). Geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden nur bei Kindern unter 10 Jahren. Bei den < 5-Jährigen lag die Inzidenz für Jungen bei 1,7 und für Mädchen bei 0,9 und bei den 5- bis 9-Jährigen lag die Inzidenz für

Abb. 6.41.1: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2018

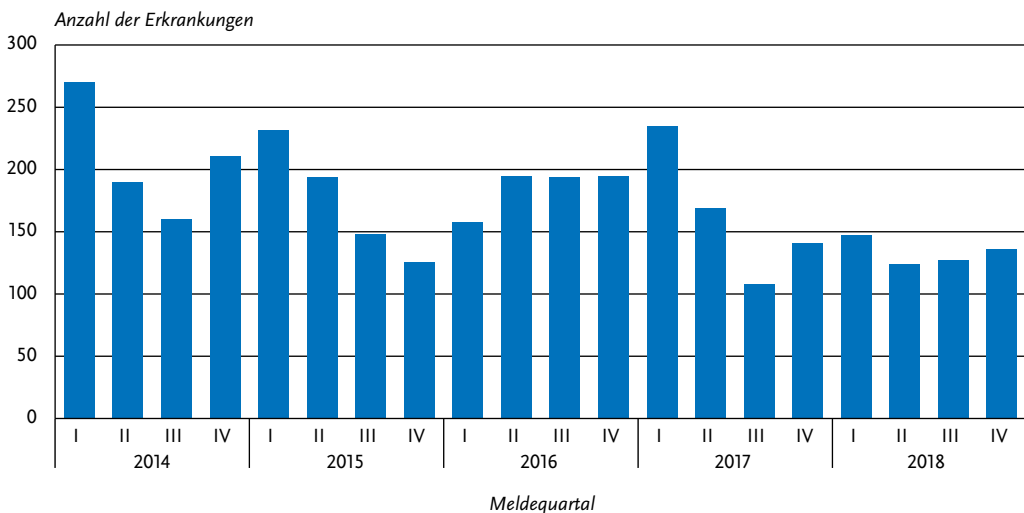


Abb. 6.41.2:

Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=534)

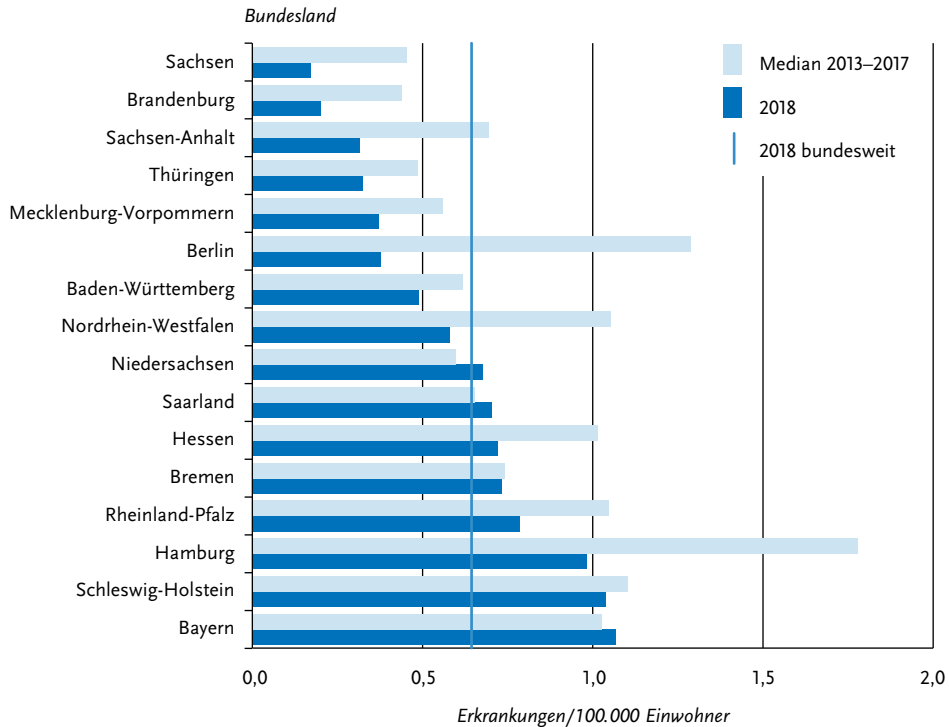
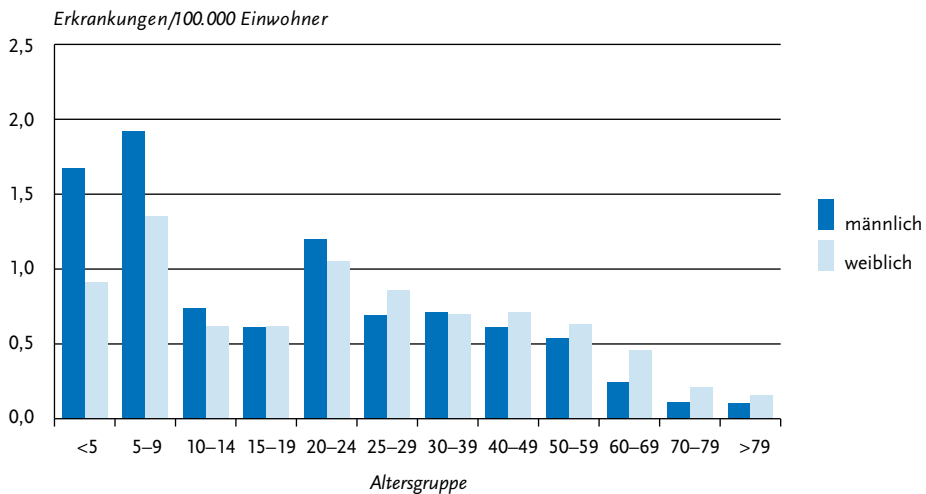


Abb. 6.41.3:

Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=532)



Jungen bei 1,9 und für Mädchen bei 1,4. Ansonsten ist die Mumps-Inzidenz in Deutschland bei Mädchen und Frauen etwa genauso hoch wie bei Jungen und Männern (0,6 und 0,7).

Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, wiesen 506 (95%) Fälle auf. Folgende Symptome, die zum unspezifischen klinischen Bild der Mumps-Erkrankung gehören und nur in Zusammenhang mit dem labordiagnostischen Nachweis die Referenzdefinition erfüllen, wurden mit abnehmender Häufigkeit angegeben: Fieber 215-mal (40%), Orchitis 22-mal (8,2% der Jungen und Männer), Hörverlust 8-mal (1,5%), Pankreatitis 8-mal (1,5%), Meningitis 3-mal (0,6%) und Enzephalitis 2-mal (0,4%).

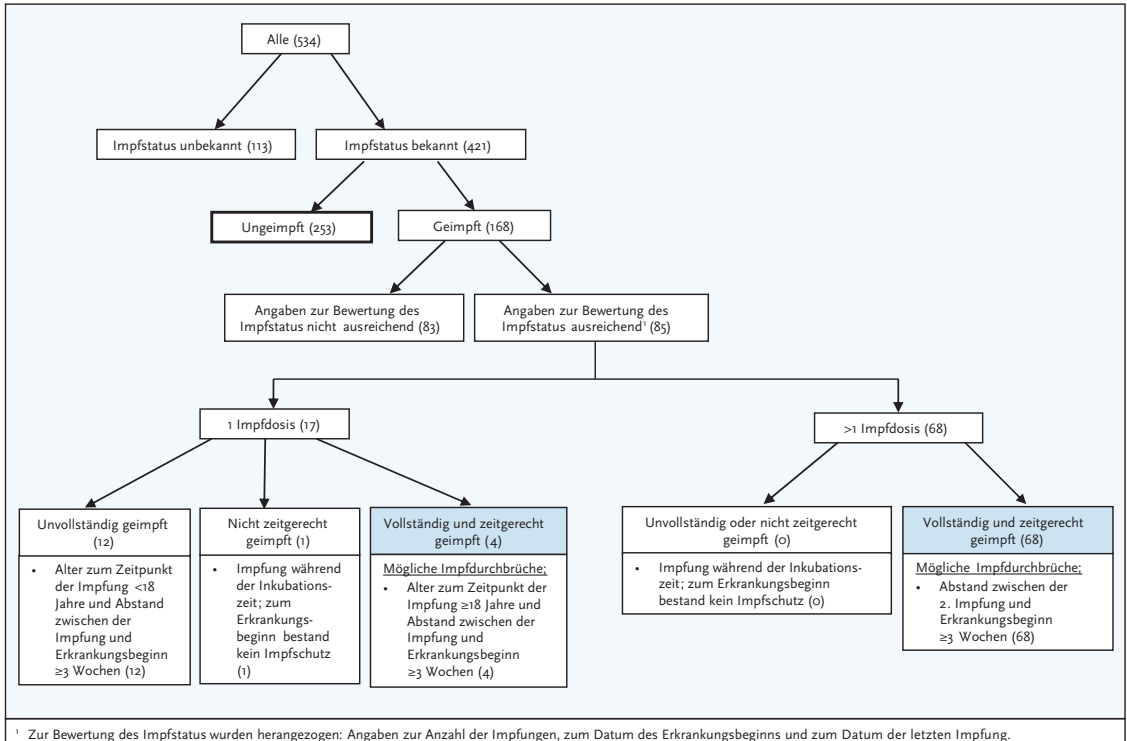
Im Jahr 2018 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff) erfolgen. Seit 2001 gilt die aktuelle STIKO-Empfehlung, wonach die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten und die 2. Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten verabreicht werden soll. Zwischen den Impfstoffdosen soll ein Mindestabstand von 4 Wochen eingehalten werden. Fehlende Impfstoffdosen sollen bis zum 18. Geburtstag nachgeholt werden. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung 78% (49–92) und nach einer 2-maligen Impfung 88% (66–95).

Von den 534 gemeldeten an Mumps Erkrankten, war der Impfstatus bei 421 (79%) bekannt. Von diesen wurden 168 (40%) als geimpft und 253

Abb. 6.41.4: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=534)



(60%) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.41.4). Bei 85 der 168 (51%) geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: 17 Erkrankte wurden einmal geimpft, 68 Erkrankte mehr als einmal. Bei einem einmalig Geimpften wurde die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang mit der Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen) verabreicht, dies spricht für eine postexpositionelle Impfung, um weitere Übertragungen zu verhindern. 12 der einmalig Geimpften waren zum Zeitpunkt der mehr als 21 Tage (überwiegend schon viele Jahre) zurückliegenden Impfung jünger als 18 Jahre und gelten daher als unvollständig geimpft. Gemäß den Angaben zum Impfstatus waren 4 der einmalig Geimpften und 68 der 2-mal oder mehr geimpften Erkrankten vollständig und zeitgerecht geimpft worden, sodass in diesen Fällen von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden muss. Der Großteil der 2-mal oder mehr Geimpften (64 von 68; 94%), war zum Zeitpunkt der letzten Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mittel lag die letzte Impfung unabhängig von der Anzahl der erhaltenen Impfungen etwa 9,6 Jahre zurück (Median: 6,6 Jahre).

Ausbrüche

Es wurden 19 Ausbrüche mit insgesamt 45 Fällen übermittelt, dies entspricht etwa 8,4% der übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (18 von 19) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den Ausbrüchen mit ≥ 5 Fällen waren ein Ausbruch mit 5 Fällen. Dabei handelte es sich um einen Ausbruch in einer Kinderpflegeeinrichtung; keines der erkrankten Kinder war geimpft.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (24%) von labordiagnostisch bestätigten Fällen verwunderlich, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 9%) oder unbekanntem (Falldefinitions-kategorie E; 15%) klinischen Bild die Referenzdefinition nicht erfüllen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass die ärztliche Meldepflicht noch nicht hinreichend bekannt ist und zusätzlich notwendige Recherchen zur Klärung des Sachverhalts eventuell nicht durchgeführt werden

können. Zudem ist es möglich, dass auf Grund des unspezifischen Labornachweises (IgM) keine Mumps-Infektion vorliegt.

Ferner fällt auf, dass der Anteil an Fällen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 8,4% auch 2018 relativ gering war und Mumps-Erkrankungen überwiegend als Einzelfälle übermittelt wurden. Zur besseren Darstellung der Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte zukünftig versucht werden, Infektionsketten umfassender aufzuklären und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Damit es möglich ist, fortlaufend über einen Überblick über die molekularepidemiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu verfügen, sollten möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das NRZ für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 534 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer mittleren Fallzahl zwischen 500 und 1.000 Fällen. Es fällt auf, dass die Inzidenzen in den östlichen Bundesländern alle im unteren Bereich unterhalb des Bundesdurchschnitts liegen. Dies könnte Ausdruck der höheren Impfquoten in diesen Regionen sein. Bedenklich ist die hohe Anzahl ($n=72$) an möglichen Impfdurchbrüchen bei den an Mumps Erkrankten. Dieser Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht ausreichenden Schutz nach vollständiger und zeitgerechter Impfung verantwortlich sind.

Literaturhinweise

- Takla A, Böhmer MM, Klinc C, et al.: *Outbreak-related mumps vaccine effectiveness among a cohort of children and of young adults in Germany 2011*. Hum Vaccin Immunother 2014; 10:140–145.
- Koch J, Takla A: *Effekte der Masern-Mumps-Röteln (MMR)-Impfung auf die Epidemiologie von Mumps in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1305–1312.
- Takla A, Wichmann O, Klinc C, Hautmann W, Rieck T, Koch J: *Mumps epidemiology in Germany 2007-11*. Euro Surveill 2013. doi: 10.2807/1560-7917.ES2013.18.33.20557
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151–156.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.
- RKI-Ratgeber (2014). www.rki.de/ratgeber

6.42 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 77.583
- ▶ Übermittelt und dargestellt werden nur laborbestätigte Erkrankungen
- ▶ Ausgeprägte Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 539 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 5 verschiedene Genogruppen (GI–GV) unterschieden, wobei für den Menschen die Gruppen GI, GII und GIV relevant sind. Sie sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich. Die charakteristische Symptomatik besteht vor allem aus schwallartigem Erbrechen. Erkrankungen treten überwiegend saisonal mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten auf. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral (z. B. Kontakt mit kontaminierten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des Erbrechens entstehen. Infektionen können auch über kontaminierte Lebensmittel erfolgen. Häufig sind Noroviren Ursache von Ausbrüchen in Altenheimen, Krankenhäusern und Gemeinschaftseinrichtungen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.42.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden dem RKI 77.583 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (6 % mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 94 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit stieg die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (89 Erkr./100.000 Einw.), liegt aber dennoch weiterhin unter dem Median der letzten 5 Jahre (103 Erkr./100.000 Einw.).

Auch im Jahr 2018 war eine deutliche Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten zu verzeichnen. Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde im Jahr 2018 in der 3. Meldewoche mit 3.255 Erkrankungen übermittelt, die niedrigste in der 26. Meldewoche mit 378 Erkrankungen (s. Abb. 6.42.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (236 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (235), Thüringen (223), Sachsen (192) und Brandenburg (156) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Baden-Württemberg (46), Hessen (56), Bremen (68) und Bayern (68) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.42.2).

Bei 44.428 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (44.481 Nennungen, Mehrfach-

Tab. 6.42.1: Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	73.335	87 %	77.583	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.435	2 %	1.411	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	9.773	12 %	10.587	12 %
alle	84.543	100 %	89.581	100 %
Referenzdefinition (C)	73.335	87 %	77.583	87 %

Abb. 6.42.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2013 bis 2018

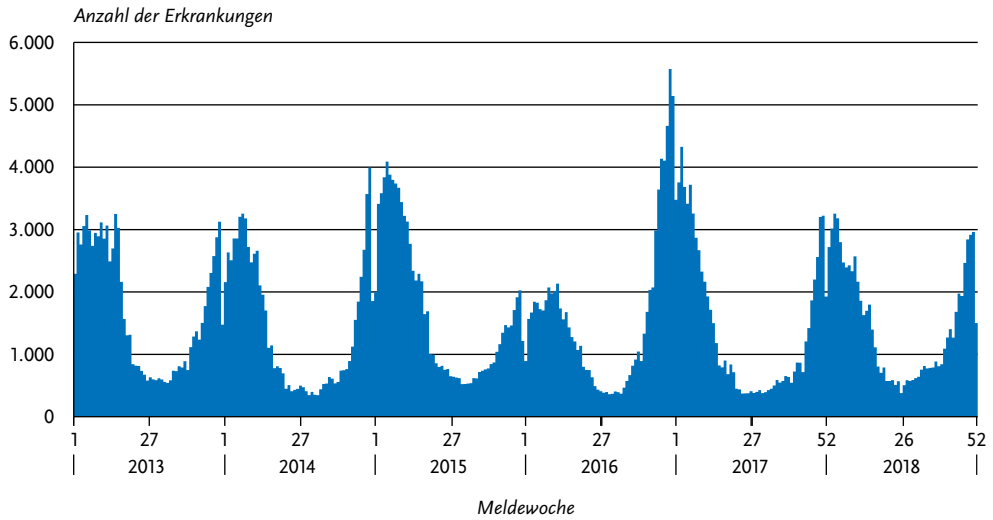
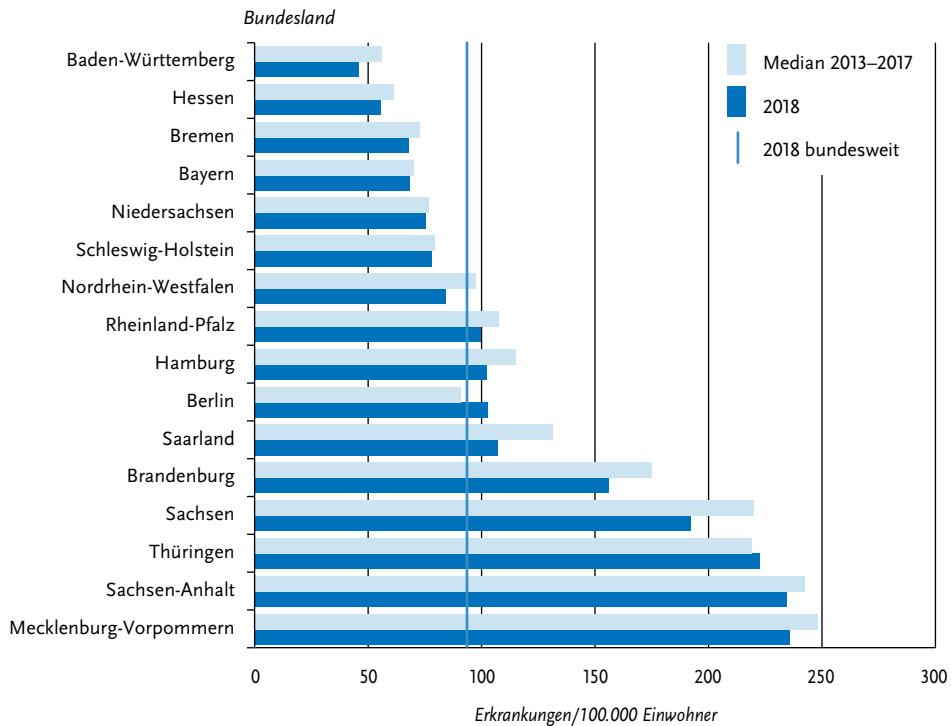


Abb. 6.42.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=77.573) im Vergleich mit den Vorjahren



nennungen möglich). Dabei entfielen 98 % der Nennungen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden, wie in den Vorjahren, bei den unter 2-Jährigen mit einem Häufigkeitsgipfel bei den 1-jährigen Kindern (1.176 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Neben den Kindern ist auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (268 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.42.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 10 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei den über 10-jährigen Kindern und Erwachsenen mit Ausnahme der 60- bis 79-Jährigen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (99), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (87).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 25 Norovirus-Erkrankungen übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,03 % (Vorjahr: 0,05 %).

Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen

nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 14.148 (18 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.275 niedriger als im Vorjahr (2017: 3.374). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 1. Meldewoche 2018 übermittelt (176), die niedrigste in der 31. Meldewoche (10) (s. Abb. 6.42.4).

Für 2.854 Ausbrüche (87 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (35 %), Alten- und Pflegeheime (21 %), Kinderbetreuungseinrichtungen (18 %) sowie private Haushalte (12 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche des Jahres 2018 wurden in 12 % Viren der Genogruppe GI als auslösendes Agens identifiziert. Viren der Genogruppe GII wurden in 4 %, rekombinante Viren hingegen in 84 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig steigt, im Vergleich zum Vorjahr (79 %) im Jahr 2018 weiter gestiegen.

Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante (GII.P16-GII.4 2012

Abb. 6.42.3
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=76.876)

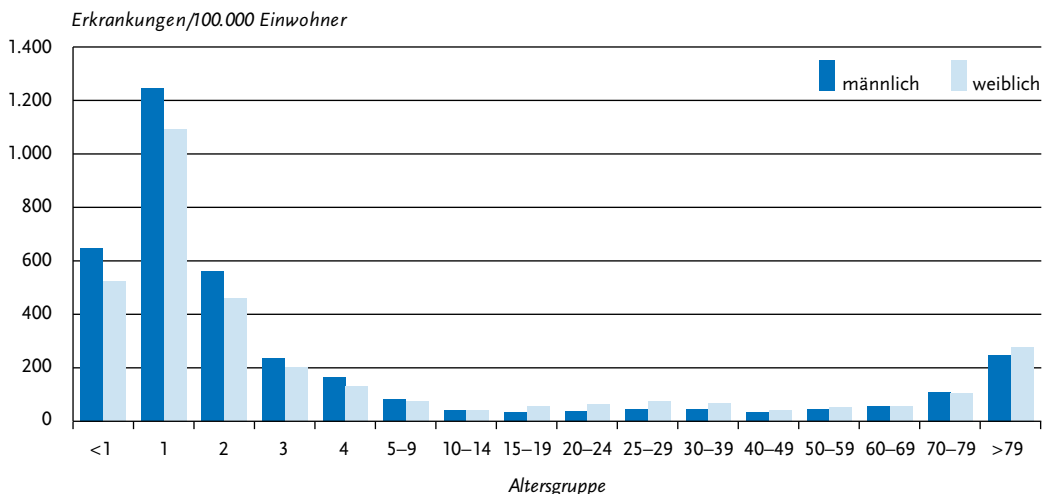
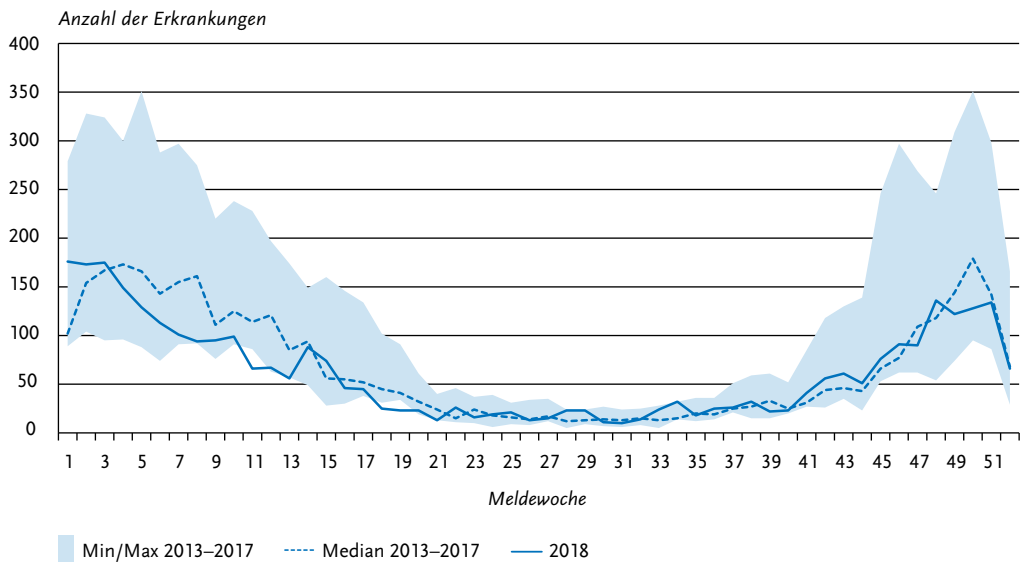


Abb. 6.42.4
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2018 (n=3.275) im Vergleich mit den Vorjahren



Sydney) war für 34 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigste nachgewiesene Norovirus-Variante.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlichen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus. Erfahrungsgemäß variiert der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres und zwischen den Bundesländern und ist bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchsetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2

klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchsgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labordiagnostisch bestätigt.

Fazit

Die Norovirus-Gastroenteritis war, auch nach Einschränkung auf die klinisch-laborbestätigten Fälle, bis 2016 die Krankheit mit den meisten jährlich an das RKI übermittelten Erkrankungen. Seit dem Jahr 2017 rangiert sie auf Platz 2 hinter der Influenza. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war 2018 höher als im Vorjahr.

Literaturhinweise

- Kowalzik F, Binder H, Zöller D, et al.: *Norovirus gastroenteritis among hospitalized patients, Germany, 2007–2012*. Emerg Infect Dis 2018. doi: 10.3201/eid24n.170820
- Bernard H, Höhne M, Niendorf S, Altmann D, Stark K: *Epidemiology of norovirus gastroenteritis in Germany 2001–2009: eight seasons of routine surveillance*. Epidemiol Infect 2014; 142:63–74.
- Bernard H, Faber M, Wilking H, et al.: *Large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis associated with frozen strawberries, Germany, 2012*. Euro Surveill 2014. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20719

- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M, et al.: *Steep rise in norovirus cases and emergence of a new recombinant strain GII.P16-GII.2, Germany, winter 2016*. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30447
- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M: *Vermehrter Anstieg der Norovirus-Infektionen in der Winter-Saison 2016/2017 – Nachweis einer neuen Norovirus-Variante*. Epid Bull 2017; 7:67–70.
- RKI: *Norovirus-Ausbruch im Landkreis Amberg-Weizsach, Bayern, September 2016*. Epid Bull 2016; 47:531–534.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.43 Ornithose

Kurzbeschreibung

Die Ornithose (auch als Papageienkrankheit oder Psittakose bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Chlamydia psittaci* (früher auch als *Chlamydo-phila psittaci* bezeichnet) verursacht. Der in Vogelekrementen und -sekreten lange überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch wurde beschrieben, kommt jedoch sehr selten vor. Das Krankheitsbild ist variabel und reicht von klinisch unauffälligen Erkrankungen bis zu einer schweren Systemerkrankung. Vorherrschend ist eine fieberhafte Lungenentzündung. Daneben können Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen, eine Leber- und Milzvergrößerung sowie Entzün-

dungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

Situation in Deutschland

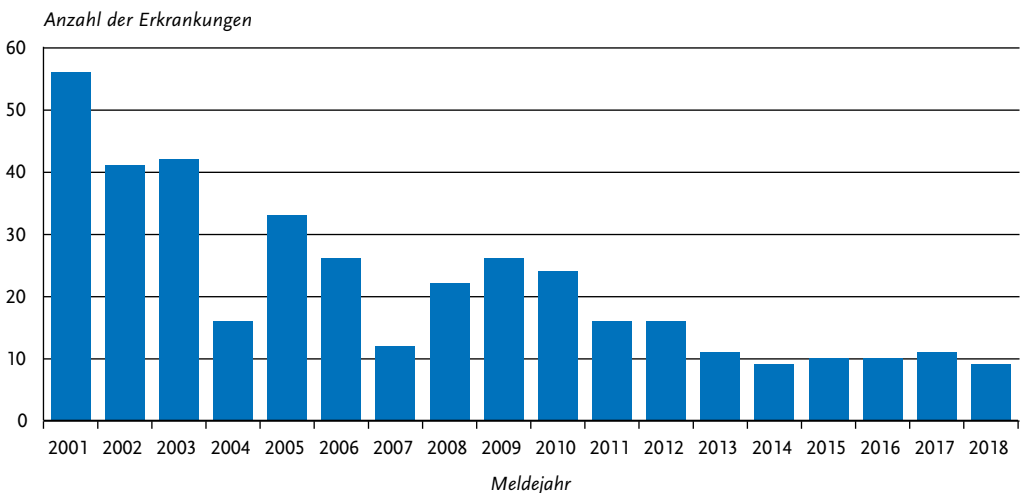
Im Jahr 2018 wurden 9 Ornithosen nach Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.43.1).

Aus Niedersachsen wurden 3 Erkrankungen übermittelt und aus Brandenburg, Berlin, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, und Schleswig-Holstein jeweils eine Erkrankung. Für 6 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils eine Erkrankung wurden die Niederlande und Cap Verde angegeben; für eine Erkrankung lagen keine Angaben vor.

Die erkrankten Personen waren zwischen 37 und 80 Jahre alt (Median: 49 Jahre). Sechs Erkrankte waren männlichen, 3 weiblichen Geschlechts. Fünf Erkrankte wurden hospitalisiert, keine Person ist krankheitsbedingt verstorben.

Ein Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen war bei 8 Erkrankungen angegeben. Nähere Angaben zur Art des Vogelkontaktes wurden für 6 Erkrankungen übermittelt. Davon war eine Person Brieftaubenzüchter, 3 Personen waren Ziervogelhalter (Sittiche), eine

Abb. 6.43.1: Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Person hatte Kontakt zu Sittichen und Tauben anderer Vogelhalter und für eine Person wurde nicht näher bezeichneter Kontakt zu Tauben und Taubenkot übermittelt.

Literaturhinweise

- Chan J, Doyle B, Branley J, et al.: *An outbreak of psittacosis at a veterinary school demonstrating a novel source of infection*. One Health 2017. doi: 10.1016/j.onehlt.2017.02.003
- Hogerwerf L, de Gier B, Baan B, van der Hoek W: *Chlamydia psittaci (psittacosis) as a cause of community-acquired pneumonia: a systematic review and meta-analysis*. Epidemiol Infect 2017. doi: 10.1017/S0950268817002060
- Lugert R, Groß U, Masanta WO, Linsel G, Heutelbeck A, Zautner AE: *Seroprevalence of Chlamydia psittaci among employees of two German duck farms*. Eur J Microbiol Immunol 2017. doi: 10.1556/1886.2017.00024
- RKI-Ratgeber (2010). www.rki.de/ratgeber

6.44 Paratyphus

Kurzbeschreibung

Paratyphus wird durch die Serotypen Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Der Serotyp Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serotypen Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern vorkommen. Erkrankungen durch Infektion

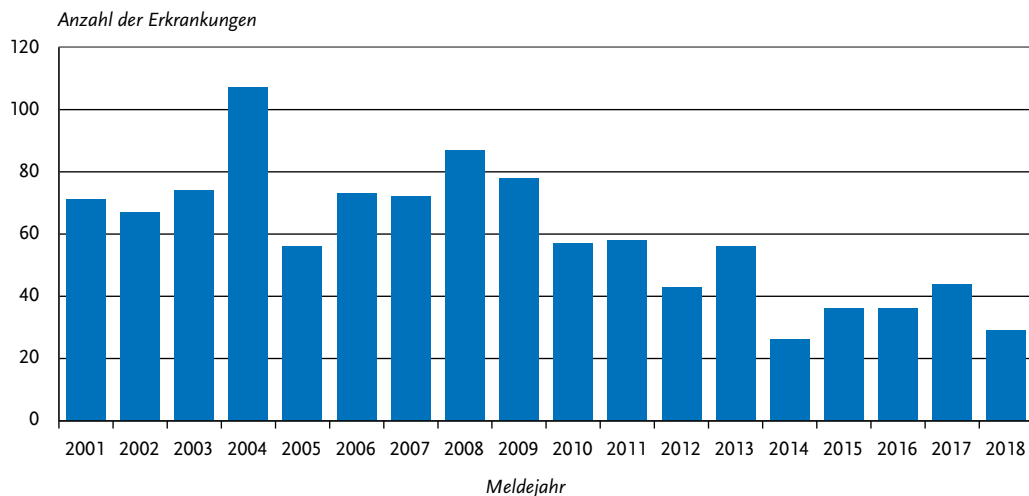
mit dem enteritischen Pathovar von *S. Paratyphi B*, vormals *S. Java*, die bis 2005 noch als Paratyphus-Infektionen zu werten waren, werden gemäß Falldefinition in der Kategorie der Salmonellosen übermittelt. Hauptansteckungsquelle ist der Mensch, der den Erreger mit dem Stuhl ausscheidet. Die Aufnahme erfolgt oral durch verunreinigte Nahrungsmittel, verunreinigtes Trinkwasser oder direkten Kontakt. Das Krankheitsbild gleicht dem des Typhus abdominalis, verläuft aber in der Regel milder.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 29 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.44.1); gegenüber dem Vorjahr (44 Erkrankungen) ist dies ein Rückgang um 34 %. Die Inzidenz von Paratyphus ist in den vergangenen Jahrzehnten in Deutschland insgesamt deutlich zurückgegangen: Wurden im Jahr 1951 noch 10 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner erfasst, so lag die Inzidenz im Jahr 2018 wie in den Vorjahren unter 0,1.

Nicht in allen Bundesländern wurden Erkrankungen registriert. Die meisten Erkrankungen wurden 2018 aus Hessen und Nordrhein-Westfalen (je 6 Erkrankungen) sowie Baden-Württemberg (5) übermittelt. Die meisten Erkrankungen waren reiseassoziiert. Für 29 Erkrankungen lagen insgesamt 30 Angaben zum wahrscheinlichen In-

Abb. 6.44.1: Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) vor; 83 % der Nennungen betrafen nicht-deutsche Infektionsländer. Am häufigsten wurde Indien (12 Nennungen) angegeben, gefolgt von Kambodscha (3) und der Türkei (2), sowie Argentinien, Bolivien, Pakistan, Indonesien, Ägypten, Vietnam und Iran (je eine Nennung). Einmal wurde nur Ausland (Land unbekannt) angeführt. Bei 5 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Es ist nicht geklärt, ob es sich bei den 5 Erkrankungen mit Infektionsland Deutschland um sekundäre Infektionen in Folge importierter Erkrankungen handelt.

Ein großer Teil der Erkrankungen (59 %) trat in der Altersgruppe der 15- bis 29-Jährigen auf; unter den Erkrankten waren mehr Frauen (62 %) als Männer.

Ein Serotyp wurde bei 28 Erkrankungen angegeben. Die Serotypen verteilen sich zu 46 % auf *S. Paratyphi A*, 43 % *S. Paratyphi B* und 4 % auf *S. Paratyphi C*; 2-mal (7 %) wurde nicht weiter differenziert und nur *S. Paratyphi* angegeben. Wie in den Vorjahren wurde auch 2018 Serotyp A fast ausschließlich aus Asien importiert. Bei den 5 Erkrankungen ohne Reiseanamnese (Infektionsland Deutschland) waren 4 Serotyp B zuzuordnen und bei einer wurde kein Erreger angegeben.

Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2018 nicht übermittelt.

Literaturhinweise

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017. *Epid Bull* 2018; 44: 467–475. *RKI-Ratgeber* (2019). www.rki.de/ratgeber

6.45 Pest

Kurzbeschreibung

Die Pest wird durch die Bakterienart *Yersinia pestis* hervorgerufen. In Gegenden, in denen die Pest vorkommt, wird der Erreger typischerweise durch Flöhe von befallenen Nagetieren auf den Menschen übertragen. Unterschieden wird zwischen Beulenpest (Befall von Lymphknoten), bei der i. d. R. keine Übertragung von Mensch zu Mensch stattfindet, und Lungenpest mit einer potenziell

schnellen Ausbreitung von Mensch zu Mensch. Im Herbst 2017 kam es auf Madagaskar, eingebettet in die jährlich wiederkehrende Beulenpestsaison im Hochland, zu einem großen Ausbruch von Lungenpest, der auch die Großstädte und Teile der Küstenebene betraf. Es wurden jedoch keine mit diesem Ausbruch assoziierten Fälle in anderen Ländern registriert.

Situation in Deutschland

In den letzten Jahrzehnten sind keine Pest-Fälle in Deutschland aufgetreten.

Literaturhinweis

Mead PS: *Plague in Madagascar – a tragic opportunity for improving Public Health*. *N Engl J Med* 2018; 378. doi: 10.1056/NEJMp1713881

Bonds MH, Ouenzar MA, Garchitorea A, et al.: *Madagascar can build stronger health systems to fight plague and prevent the next epidemic*. *PLoS Negl Trop Dis* 2018. doi: 10.1371/journal.pntd.0006131

Bogoch II, Maxim T, Acosta H, et al.: *Potential plague exportation from Madagascar via international air travel*. *Lancet Infect Dis* 2018; 18:247–248.

Tsuzuki S, Lee H, Miura F, et al.: *Dynamics of the pneumonic plague epidemic in Madagascar, August to October 2017*. *Euro Surveill* 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.46.17-00710

Riehm JM, Löscher T: *Pest und Lungenpest*. *Bundesgesundheitsbl* 2015; 58:721–729.

RKI-Ratgeber (2017). www.rki.de/ratgeber

6.46 Poliomyelitis

Kurzbeschreibung

Die Poliomyelitis, auch spinale Kinderlähmung genannt, wird durch Polioviren hervorgerufen, die von infizierten Menschen in großer Zahl mit dem Stuhl ausgeschieden werden. Die Übertragung erfolgt vorwiegend fäkal-oral; eine Übertragung über Tröpfchen ist auch möglich. Es gibt eine wirkungsvolle Schutzimpfung. In Deutschland wurde 1998 der Impfstoff von OPV (orale Polio-Lebendvakzine) auf IPV (inaktivierte Polio-Vakzine) umgestellt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde in Deutschland kein Fall einer Poliomyelitis übermittelt. Die letzte in Deutschland erworbene Poliomyelitis durch ein Wildvirus

wurde 1990 erfasst. Importierte Fälle (aus Ägypten und Indien) wurden zuletzt 1992 registriert. Die letzte mit dem Impfvirus in Zusammenhang gebrachte Poliomyelitis trat im Jahr 2000 auf. Es handelte sich dabei um eine Frau mit Antikörpermangelsyndrom, die 1998 mit OPV geimpft worden war.

Literaturhinweise

- Lachmann R, Rossmann K, Diedrich S, Wichmann O: *Die globale Polio-Eradikation ist zum Greifen nahe – Ziel ist das Jahr 2023*. *Epid Bull* 2019; 14:119–120.
- Keeren K, Böttcher A, Diedrich S: *Weltpoliotag 2018: 30 Jahre globale Polioeradikationsinitiative*. *Epid Bull* 2018; 43:461–462.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. *Epid Bull* 2018; 34:335–382.
- Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance – Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. *Epid Bull* 2018; 1:1–14. *RKI-Ratgeber* (2015). www.rki.de/ratgeber

6.47 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **93**
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr Zahl der Erkrankungen um 13 % gesunken
- ▶ Häufigstes Infektionsland ist Deutschland
- ▶ 2 Ausbrüche mit 2 und 6 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf der Wild- und Nutztiere. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt jedoch in der Regel auf dem Luftweg über die erregerblasteten getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte) infizierter Haus- und Nutztiere sowie bei der durch infektiösen Zeckenkot belasteten Schafschur. In etwa der Hälfte der Fälle kommt es zu einer grippeähnlichen Erkrankung, die durch die Entzündung von Lunge, Leber, Herzmuskel oder Gehirn kompliziert werden kann. Chronische Krankheitsverläufe (hauptsächlich Herzklappenentzündungen) sind sehr selten, aber wegen ihrer Krankheitschwere gefürchtet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.47-1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 93 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (107) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 13 % gesunken und auf dem niedrigsten Stand seit 2007.

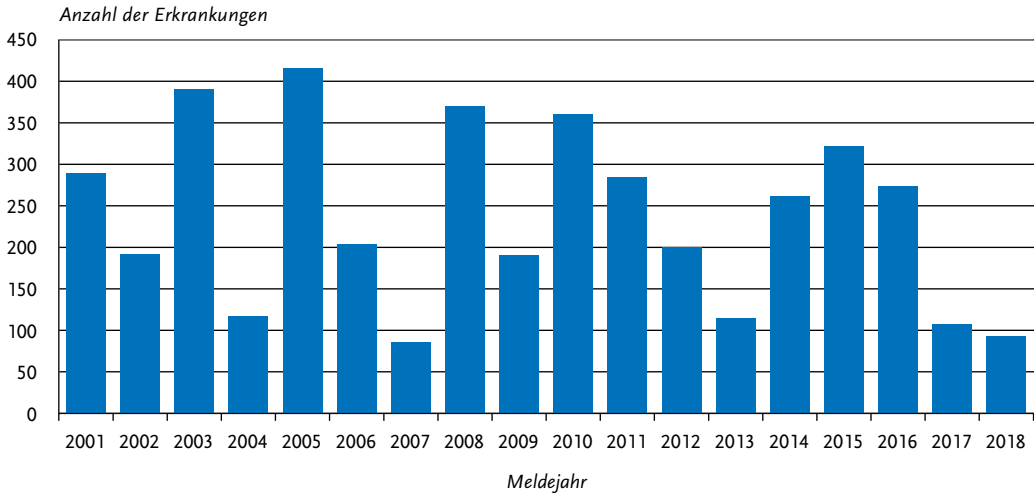
Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen, dem Saarland und Thüringen sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden dabei in

Tab. 6.47-1: Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	3	3%
klinisch-labordiagnostisch (C)	107	83%	90	78%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	3%	5	4%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	18	14%	17	15%
alle	129	100%	115	100%
Referenzdefinition (B+C)	107	83%	93	81%

Abb. 6.47.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Hessen (0,3 Erkr./100.000 Einw.), Baden-Württemberg (0,2), Berlin (0,2), Hamburg (0,2) und Schleswig-Holstein (0,2) verzeichnet.

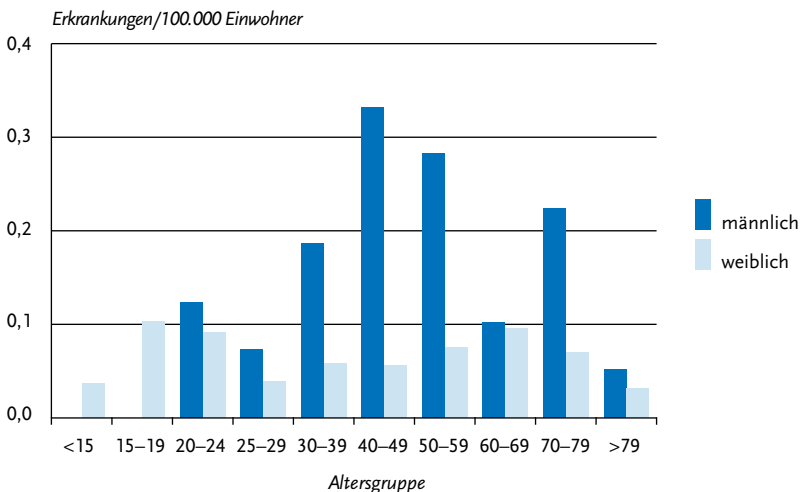
Für 68 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (73 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt. Bei 51 Erkrankungen (75 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 40- bis 59-jährigen Männern (0,3 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Bei den unter 15-Jährigen wurden 2 Erkrankungen übermittelt.

Wie in den Vorjahren waren Männer (66 Erkrankungen) deutlich stärker betroffen als Frauen (27 Erkrankungen) (s. Abb. 6.47.2).

Abb. 6.47.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=93)



Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 213 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 88 % aller Erkrankungen) und Fieber (bei 80 % aller Erkrankungen). Bei 30 Erkrankungen (32 %) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurden 2 Todesfälle im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 2 Ausbrüche mit 2 und 6 Erkrankungen aus Baden-Württemberg übermittelt.

Der Anteil der Q-Fieber-Erkrankungen, die 2018 im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt wurden, war mit 9 % (8 von 93) sehr gering.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass es sowohl bei sporadischen Q-Fieber-Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland starke und schwache Jahre gibt. Seit 2001 schwanken die Zahlen zwischen 86 und 416 Erkrankungen pro Jahr (Median 233 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

Literaturhinweise

George M, Reich A, Cussler K, Jehl H, Burckhardt F: *Live cell therapy as potential risk factor for Q fever*. Emerg Infect Dis 2017; 23:1210-1212. doi: 10.3201/eid2307.161693
 RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.48 Rotavirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 23.603
- ▶ Rückläufiger Trend seit 2008 setzt sich 2018 nach Anstieg 2017 weiter fort.
- ▶ Zahl der Erkrankungen 2018 im Vergleich zum Vorjahr um 38 % gesunken
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- ▶ 734 Ausbrüche mit 6.226 Erkrankungen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Daneben erkranken Personen über 69 Jahren häufiger an einer Rotavirus-Gastroenteritis als Erwachsene ≤ 69 Jahren. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektion, selten aber auch durch verunreinigtes Wasser und verunreinigte Lebensmittel übertragen. Hauptansteckungsquelle ist der Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für die Impfung von Säuglingen sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit August 2013 die Impfung von Säuglingen gegen Rotaviren.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.48.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2018 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis und der *Campylobacter*-Enteritis. Der rückläufige Trend, der 2009 begann, hat sich 2018 erneut weiter fortgesetzt, nachdem 2017 die Meldezahlen im Vergleich zum Vorjahr angestiegen waren. Die Zahl der Erkrankungen (23.603) nahm im Vergleich zum Vorjahr (38.279) um 38 % ab. Damit liegen die Erkrankungszahlen unterhalb der Jahre 2015 (33.224), 2014 (32.470), 2013 (48.312) und nur gering oberhalb der Erkrankungszahlen von 2016 (22.722), dem Jahr mit der bundesweit niedrigsten Inzidenz seit Inkrafttreten des IfSG im Jahr 2001 (s. Abb. 6.48.1). Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2018 im April. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.341 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief, mit überwiegend weniger als 200 übermittelten Erkrankungen wöchentlich, begann in der 37. Meldewoche. Nach der 47. Meldewoche zeichnete sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison mit leicht ansteigenden Erkrankungszahlen ab.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 29 Erkrankungen pro 100.000

Tab. 6.48.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	7.212	17%	4.362	17%
klinisch-labordiagnostisch (C)	31.067	72%	19.241	73%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	653	2%	369	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.195	10%	2.231	9%
alle	43.127	100%	26.203	100%
Referenzdefinition (B+C)	38.279	89%	23.603	90%

Einwohner und lag damit unterhalb des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (40 Erkr./100.000 Einw.). Im Vergleich zum Bundesland-spezifischen Median der Vorjahre ist die Inzidenz in allen Bundesländern bis auf Sachsen abgefallen. In den folgenden Bundesländern war die Abnahme (> 50 %) der Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren besonders ausgeprägt: im Saarland (63%), Baden-Württemberg (59%), Bremen (56%), Hessen (55%), Bayern (52%) und Niedersachsen (51%). Die Inzidenz lag in den ostdeutschen Flächenbundesländern mit Werten zwischen 53 und 126 Erkr./100.000 Einw. erheblich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin (zwischen 9 und 38 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.48.2).

Bei 11.643 (49 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Dabei wurde bei 97 % der Nennungen Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 35 % der Erkrankungen betreffen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde wie im vergangenen Jahr bei einjährigen Kindern (286 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.48.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Immerhin betra-

Abb. 6.48.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

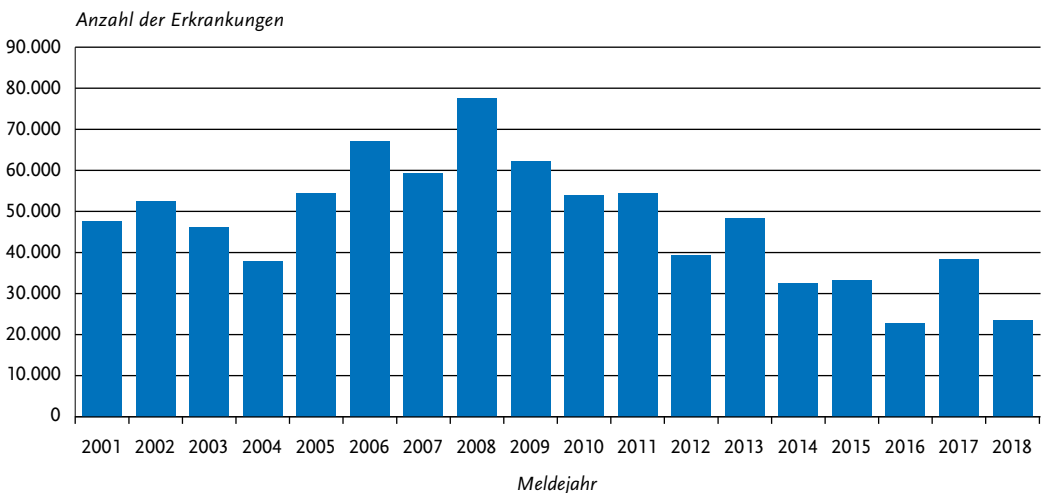


Abb. 6.48.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=23.600)
im Vergleich mit den Vorjahren

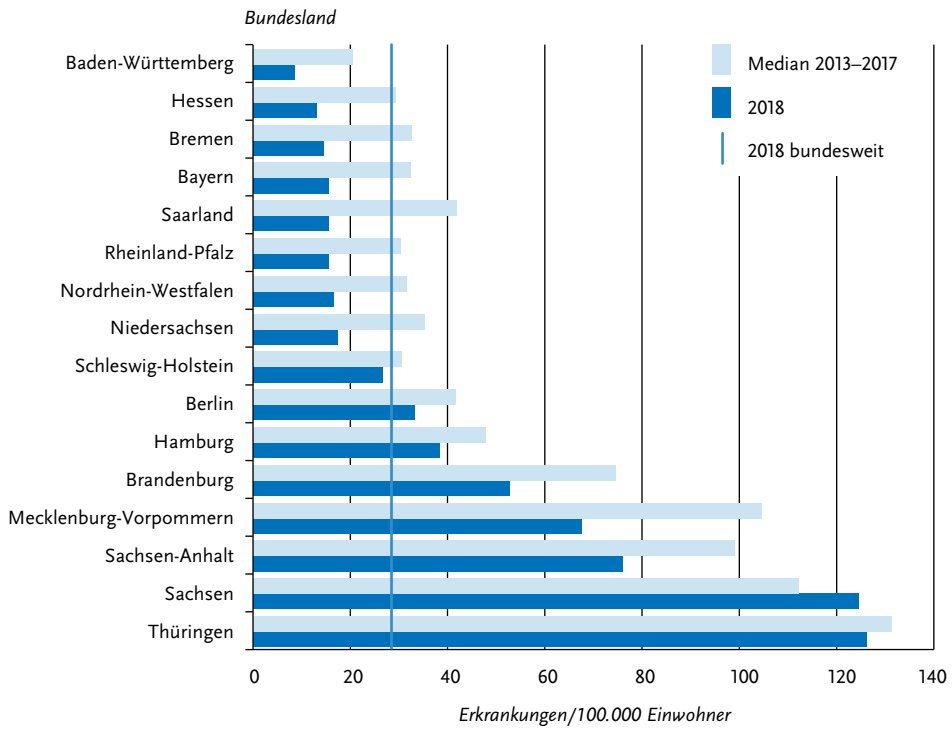
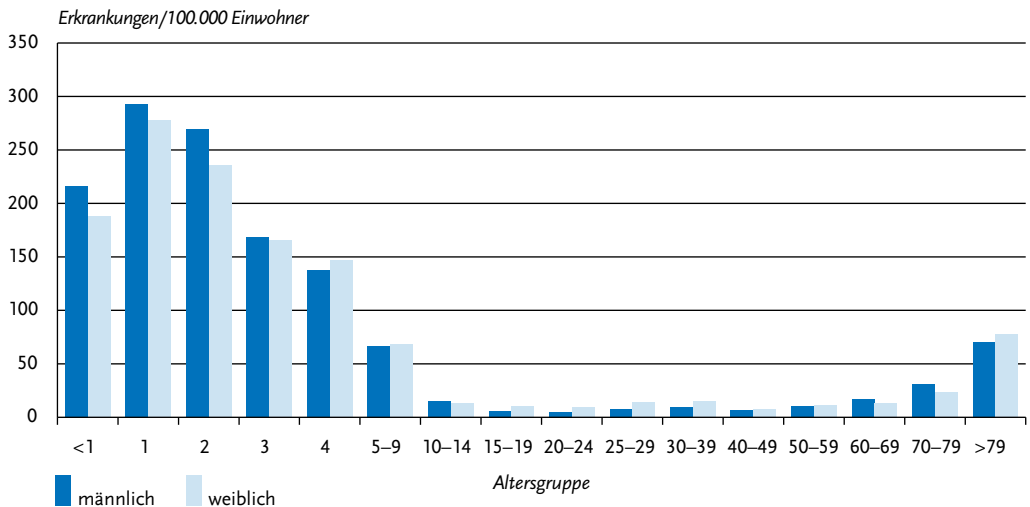


Abb. 6.48.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=23.358)



fen 5.988 Erkrankungen (26 %) über 69-jährige Personen.

Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz in allen Altersgruppen ab. Besonders deutlich war der Rückgang der Inzidenz bei den 1- bis 9-jährigen Kindern, bei denen die Abnahme im Vergleich zum Vorjahr in den jeweiligen Altersgruppen zwischen 45 bis 56 % betrug. Bei den unter Einjährigen war die Inzidenzabnahme etwas geringer und betrug 38 %. Es fällt auf, dass Jungen im Kleinkindalter bis 3 Jahre etwas häufiger betroffen sind als Mädchen. Jugendliche bzw. erwachsenen Frauen im Alter zwischen 15 und 59 Jahre sind dagegen häufiger betroffen als ihre männlichen Altersgenossen.

Klinische Aspekte

Bei 20.459 Erkrankungen (87 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 10.459 Erkrankungen (51 %) wurde ein solcher bejaht. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war in den Altersgruppen der unter 15-Jährigen (55 %) und der älter als 69-Jährigen (59 %) am höchsten und war bei den 20- bis 49-Jährigen mit 24 % am niedrigsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99 % der Erkrankungen vor. Es wurden 13 Todesfälle im Zusammenhang mit Rotavirus-Gastroenteritiden übermittelt. Betroffen waren ein Säugling im Alter von unter einem Jahr aufgrund eines malignen Hirnödems infolge von Dehydratation bei Rotavirus-Gastroenteritis und Personen im Alter zwischen 69 und 92 Jahren. Im Median waren die Verstorbenen 84 Jahre alt. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 0,06 %.

Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzine für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® (nachfolgend »Rota-A« genannt) und RotaTeq® (nachfolgend »Rota-B« genannt). Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säuglingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rota-A) bzw. 32 Wochen (Rota-B) indiziert. Die Impfserie besteht aus 2 (Rota-A) bzw. 3 (Rota-B) Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Impfstoffdosen ist ein Zeitabstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfserie sollte vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rota-A) bzw. 22 (Rota-B) Wochen verab-

reicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rota-A) bzw. 32 (Rota-B) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfserie.

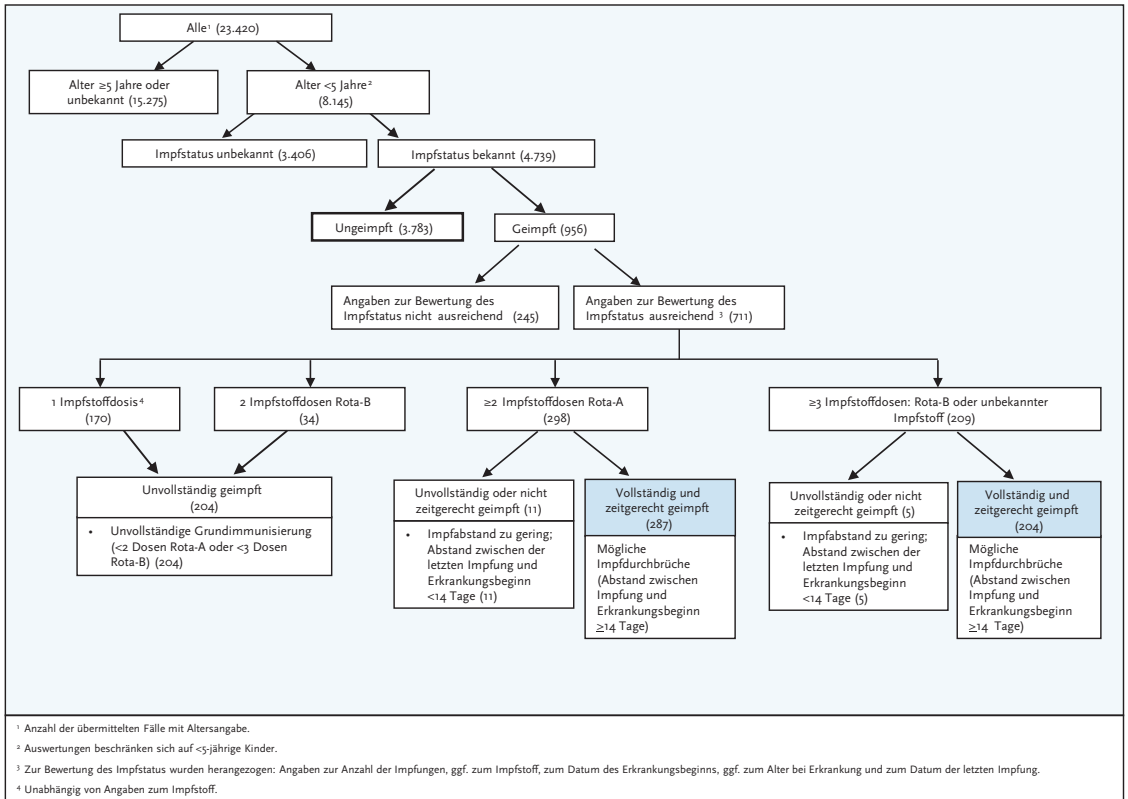
Seit August 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfempfehlung ist, schwere Rotavirus-Erkrankungen und insbesondere die dadurch erforderlichen Krankenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern zu reduzieren. Die Rotavirus-Impfung ist seit 2006 in Deutschland verfügbar. Sachsen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein hatten die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfempfehlungen aufgenommen.

Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2015 basierend auf der Auswertung der Abrechnungsdaten der Kassenärztlichen Vereinigungen (KV) im Rahmen der KV-Impfsurveillance betrug 68 %.

Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 8.145 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 4.739 (58 %) bekannt. Von diesen wurden 956 (20 %) Kinder als geimpft und 3.783 (480 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.48.4). Von den geimpften Kindern waren bei 711 die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 7 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der tatsächliche Immunschutz bewertet werden konnte. Von diesen 711 Kindern waren 491 (69 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 491 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 287 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung und 204 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung (168) oder nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates (36). Die Diagnose war bei 91 % der 711 Erkrankungen labordiagnostisch gesi-

Abb. 6.48.4:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=23.603)



chert. Von den 491 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 56 (11 %) unter einem Jahr, 152 (31 %) ein Jahr, 137 (28 %) 2 Jahre, 84 (17 %) 3 Jahre und 62 (13 %) 4 Jahre alt; 190 (39 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und

Krankenhausaufnahmedaten bei 8 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 734 Ausbrüche mit insgesamt 6.226 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.48.2). Die

Tab. 6.48.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2017 und 2018

	2017		2018	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	838	2.156	394	995
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	635	8.714	340	5.231
Alle Ausbrüche	1.473	10.870	734	6.226

Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zu der des Vorjahrs (1.473 Ausbrüche) um 50 % gesunken. Insgesamt sind 26 % aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 394 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 995 Erkrankungen) und 340 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 5.231 Erkrankungen) auf. Für 82 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 44 % dieser Ausbrüche in Kindergärten, 29 % in Pflege- und Altenheimen und 15 % in Krankenhäusern.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betraf vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter < 5 Jahren. Höhere Inzidenzen waren auch bei Personen über 69 Jahren zu beobachten; in dieser Altersgruppe verstarben auch vereinzelt Personen an einer Rotavirus-Gastroenteritis. Obwohl die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis insgesamt sehr gering ist, ist die Krankheitslast in Anbetracht der hohen, überwiegend krankheitsbedingten Hospitalisierungsrate beträchtlich. Der seit 2008, nach Einführung der Rotavirus-Impfung, zu beobachtende rückläufige Trend der Rotavirus-Gastroenteritiden hat sich 2018 weiter fortgesetzt nachdem 2017 deutlich mehr Fälle gemeldet wurden als im Jahr 2016. Die Zahl der Erkrankungen ist im Vergleich zum Vorjahr um 38 % gesunken, wobei die Abnahme der Erkrankungen bei den 1- bis 9-jährigen Kindern besonders deutlich war. Der Rückgang der Erkrankungszahlen in dieser Altersgruppe kann unter anderem als Effekt der Umsetzung der STIKO-Empfehlung für eine Rotavirus-Impfung im Säuglingsalter angesehen werden.

Literaturhinweise

- Koch J, Harder T, von Kries R, Wichmann O: *Risk of intussusception after Rotavirus vaccination*. Dtsch Arztebl Int 2017; 114:255–262.
- Adlhoch C, Hoehne M, Littmann M, et al.: *Rotavirus vaccine effectiveness and case-control study on risk factors for breakthrough infections in Germany, 2010–2011*. Pediatr Infect Dis J 2013; 32:e82–e89.

Dudareva-Vizule S, Koch J, An der Heiden M, Oberle D, Keller-Stanislawski B, Wichmann O: *Impact of rotavirus vaccination in regions with low and moderate vaccine uptake in Germany*. Hum Vaccin Immunother 2012; 8:10.

Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance – Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. Epid Bull 2018; 1:1–14.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.

RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. Epid Bull 2015; 1:1–10.

RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.49 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 16
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion, weniger Erkrankungen als im Vorjahr
- ▶ Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt laboridiagnostisch bestätigt werden
- ▶ Inzidenz 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Im Jahr 2018 keine Übermittlung von Ausbrüchen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft ein Großteil der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinfleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1 bis 3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen und retroaurikulären Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien, Arthritiden und Enzephalitiden. Im Falle einer Infektion der Mutter während der Schwangerschaft verursacht eine über die Plazenta erfolgte Infektion beim

Tab. 6.49.1:
Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	54	28 %	42	26 %
klinisch-epidemiologisch (B)	7	4 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	12	6 %	16	10 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	55	28 %	56	34 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	67	34 %	50	30 %
alle	195	100 %	164	100 %
Referenzdefinition (B+C)	19	10 %	16	10 %

sich entwickelnden Fetus schwere Schäden, deren Häufigkeit und Schweregrad vom Infektionszeitpunkt während der Schwangerschaft abhängen (konnatale Röteln-Embryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Embryopathie bei einer Röteln-Infektion der Mutter extrem hoch. Sie kann zu einer Fehl- oder Totgeburt oder einer Vielzahl von Missbildungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistiger Behinderung, Herzmissbildungen und Knochendefekten führen. Die Elimination der Röteln ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Diese liegt vor, wenn in Deutschland die Unterbrechung einer endemischen Übertragung der Röteln über mindestens 12 Monate durch eine hohe Qualität der Surveillance bewiesen werden kann.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß Infektionsschutzgesetz eine bundesweite namentliche Meldepflicht der Röteln für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Röteln-Infektionen bundesweit nichtnamentlich an das Robert Koch-Institut zu melden.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 164 im Jahr 2018 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 16 (10 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.49.1).

Die Falldefinition veränderte sich im Jahr 2015: Mütter von Neugeborenen mit Röteln-Embryopathie werden nun als klinisch-epidemiologi-

sche Fälle erfasst, auch wenn sie selbst keine weiteren klinischen Kriterien für die Röteln aufweisen und bei ihnen kein labordiagnostischer Nachweis vorliegt; darüber hinaus kam zu den labordiagnostischen Nachweisen der Antigennachweis hinzu.

Zeitlicher Verlauf

Monatlich wurden 0 bis 3 Röteln-Fälle an das RKI übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Für das Jahr 2018 wurden insgesamt 3 Röteln-Fälle weniger übermittelt als für das Jahr 2017.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

In Nordrhein-Westfalen wurden 8 Erkrankungen erfasst. Aus Berlin, Bayern, Schleswig-Holstein und Sachsen wurden jeweils 2 Erkrankungen übermittelt. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 11 Erkrankungen vor. Nach diesen Angaben erwarben 9 der Erkrankten die Infektion in Deutschland und je einer in Georgien und Ägypten.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppen der 0- bis 9-jährigen wurden 3 Röteln-Erkrankungen und der 10- bis 19-jährigen eine Röteln-Erkrankung übermittelt. Für die Altersgruppe, die zum Zeitpunkt der Diagnose 20 Jahre oder älter war, wurden 12 Röteln-Erkrankungen erfasst.

Im Jahr 2018 waren mit 11 Erkrankungen mehr Mädchen bzw. Frauen von Röteln betroffen

als Jungen bzw. Männer mit 5 Erkrankungen. Zehn der weiblichen Erkrankten waren zwischen 20 und 49 Jahre alt.

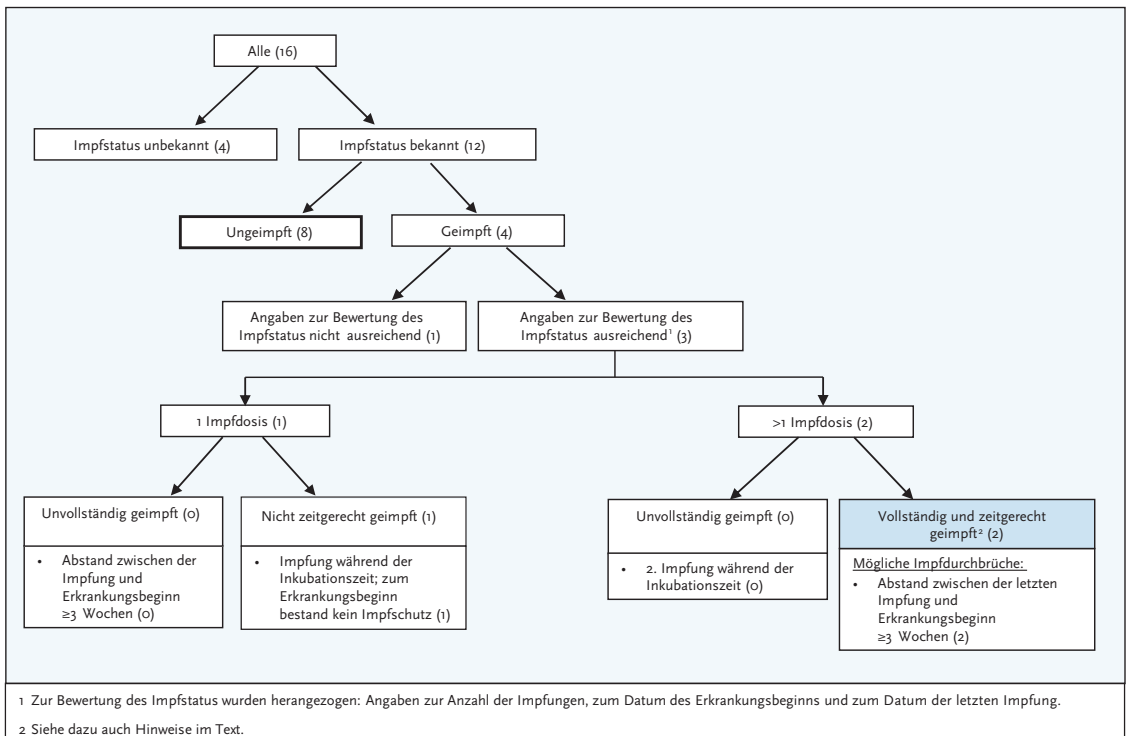
Klinische Aspekte

Für alle 16 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen trat ein Exanthem auf, Lymphknotenschwellungen wurden bei 14 der Erkrankungen angegeben. Bei insgesamt 6 der Erkrankungen traten Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) auf. Drei Erkrankte waren aufgrund der Erkrankung hospitalisiert. Dabei handelte es sich um Personen im Alter zwischen 40 und 60 Jahren. Rötelnassoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2018 nicht berichtet.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnhaltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Bereits nach der ersten Impfung entwickeln über 95% der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln-(Mumps-Masern)-Impfung im Alter von 11 bis 14 Monaten und eine 2. Impfung im Alter von 15 bis 23 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. Alle Kinder sollten somit vor ihrem 2. Geburtstag 2-mal geimpft worden sein. Ferner empfiehlt die STIKO, dass alle Frauen im gebärfähigen Alter insgesamt 2-mal gegen Röteln geimpft sein sollten, um vor einer Röteln-Infektion in der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z.B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität

Abb. 6.49.1: Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=16)



aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 16 Erkrankungen im Jahr 2018 wurden 4 Erkrankte als geimpft und 8 als ungeimpft übermittelt; bei 4 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.49.1). Bei 3 der 4 geimpften Erkrankten lagen ausreichende Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. Zwei Personen wurden 2-mal geimpft und die letzte Dosis lag zu Erkrankungsbeginn bei beiden mehr als 1 Jahr zurück. Eine 25-jährige Frau, die trotz einmaliger Impfung erkrankt war, war erst 13 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden. Bei allen 3 als geimpft übermittelten Fällen wurden Röteln-IgM nachgewiesen und bei einer der beiden 2-mal Geimpften war zusätzlich eine Röteln-Antigen-Bestimmung aus dem Blut angegeben worden. Eine PCR nach Abstrich wurde bei keinem Fall durchgeführt. Bei den beiden als 2-mal geimpft übermittelten Fällen ist nicht sicher zu sagen, ob es sich um Impfdurchbrüche, falsch positive Testergebnisse bzw. den Nachweis von Impf-IgM-Antikörpern handelte.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden keine Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Röteln-Infektionen verlaufen subklinisch. Es ist somit zu erwarten, dass viele Erkrankungen klinisch nicht der Falldefinition entsprechen, auch wenn eine Labordiagnostik auf eine akute Infektion hinweist. Diese finden sich wahrscheinlich in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.49.1). Einige andere Viruserkrankungen können zudem eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist es sehr schwierig, die Röteln-Erkrankungen eindeutig zu erkennen und Infektionsketten sicher nachzuverfolgen. Aus diesem Grund werden besonders viele Erkrankungen als sporadisch eingestuft und wenig Ausbrüche erkannt.

Eine labordiagnostische Abklärung sollte immer bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion erfolgen. Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auf-

treten. Nur ein kleiner Teil der dem RKI übermittelten Röteln-Fälle wurde labordiagnostisch bestätigt. So wurden dem RKI im Jahr 2018 insgesamt 42 Röteln-Fälle übermittelt, die allein klinisch bestätigt waren (Falldefinitions-kategorie A). Diese Fälle wurden für diese Analyse nicht berücksichtigt, weil sie nicht der Referenzdefinition entsprechen, sie bildeten jedoch einen hohen Anteil aller an das RKI übermittelten Fälle (42 von 164; 26 %) und müssen auch an die WHO berichtet werden. Unter diesen 42 Fällen waren besonders viele Kinder im Alter unter 10 Jahren (32 von 42; 76 %). In dieser Altersgruppe treten häufiger exanthematische, fieberhafte Erkrankungen auf, die in der Regel jedoch nicht labordiagnostisch abgeklärt werden. Der weitere Rückgang der Röteln-Fälle im Jahr 2018 spricht jedoch auch dafür, dass eine Labordiagnostik verstärkt erfolgt und im weiteren Verlauf die Röteln ausgeschlossen werden konnten.

Eine labordiagnostische Bestätigung eines klinischen Verdachts auf eine akute Röteln-Erkrankung erleichtert zudem auch die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen). Bei Durchführung einer Serologie ist zu bedenken, dass nach Impfung ein positives IgM über Jahre persistieren kann. Ferner können beim Nachweis von IgM-Antikörpern falsch positive Befunde auftreten, die durch Kreuzreaktionen mit anderen Viren (u. a. Parvovirus B19, Epstein-Barr-Virus (EBV)) oder Rheumafaktoren verursacht werden können. Der positive prädiktive Wert der Serologie sinkt weiter, je seltener die Röteln auftreten. Auch der hohe Anteil der wenigen Röteln-Fälle, die nach den Angaben der zuständigen Behörden aufgrund der Röteln-Erkrankung hospitalisiert worden waren, spricht dafür, dass es sich bei diesen Erkrankungen nicht um eine akute Röteln-Infektion gehandelt hatte. Hier könnte es sich um einen Krankenhausaufenthalt zur Abklärung entzündlicher ZNS-Prozesse gehandelt haben, zu deren Abklärung die sogenannte MRZ-Reaktion (Nachweis einer intrathekalen Synthese von Antikörpern gegen Masern, Röteln und Varicella-Zoster-Viren) herangezogen wird. Ein positiver Befund der MRZ-Reaktion ist Ausdruck einer chronischen Aktivierung des Immunsystems im zentralen Nervensystem, kann aber als akute Röteln-Infektion fehlgedeutet werden.

Eine Antigenuntersuchung aus Blut ist eine sehr selten durchgeführte Untersuchung, die nur in hochspezialisierten Laboren durchgeführt werden kann. Dies wurde bei 3 Röteln-Fällen angegeben. Es wird davon ausgegangen, dass die Antikörperbestimmung (IgM oder IgG) aus dem Serum gemeint war.

Es wird empfohlen, insbesondere bei Kindern mit einem Exanthem und Fieber und bei allen sporadisch auftretenden Erkrankungen einen Rachenabstrich für einen direkten Virusnachweis mittels PCR vorzunehmen. Die RT-PCR bietet insbesondere bei Kindern eine nicht-invasive, zuverlässige Methode, um den Verdacht auf eine akute Rötelnvirusinfektion sicher zu bestätigen und unzureichend geimpfte schwangere Kontaktpersonen gut beraten zu können. Sollte diese positiv sein, kann eine Genotypisierung des Rötelnvirus angeschlossen werden.

Eine Genotypisierung wurde im Jahr 2018 nach den vorliegenden Meldedaten bei keinem der Röteln-Fälle veranlasst oder stellte sich bei keinem Fall als positiv heraus. Die durch die Rötelnvirus-Genotypisierung gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen es, im Rahmen der molekularen Surveillance Übertragungsketten auf nationaler wie internationaler Ebene zu verfolgen. Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) Masern, Mumps, Röteln am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch.

Ein durch ein Labor gemeldeter positiver Befund sollte – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache der Gesundheitsämter mit der betroffenen Person und ggf. dem einsendenden Ärzten nach sich ziehen.

Fazit

Die übermittelten Daten von 2018 ermöglichen aufgrund ihrer noch nicht ausreichenden Qualität noch keine sichere Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Die Rötelninzidenz ist zwar weiterhin sehr niedrig und eine endemische Transmission der Rötelnviren unwahrscheinlich, trotzdem kann mit diesen Daten die Elimination der Röteln in Deutschland nicht verifiziert werden. Wegen des oft fehlenden oder unspezifischen Krankheitsbildes der Röteln reichen die Meldedaten nicht aus, um si-

cher auftretende Transmissionsketten oder den Import von Rötelnviren beschreiben zu können. Eine Nachverfolgung von Transmissionsketten von höchstwahrscheinlich importierten Rötelnviren ist derzeit wegen seltener Genotypisierungen schwierig. In die Berechnungen der WHO gehen auch klinische Fälle ein, die einen großen Anteil der Röteln-Fälle in Deutschland ausmachen, von denen jedoch höchst fraglich ist, ob wirklich bei allen Erkrankungen eine akute Röteln-Infektion vorlag. Klinische Verdachtsfälle sollten immer labordiagnostisch mit einer Serologie und PCR, möglichst mit nachfolgender Genotypisierung bestätigt werden.

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensitiver das Surveillance-System ist, desto schneller kann eine Übertragung auf schwangere Frauen im Falle des Vorliegens der Röteln verhindert werden. Ein Nachweis Röteln-spezifischer IgM-Antikörper in der Schwangerschaft bedarf immer vor therapeutischen Entscheidungen einer Überprüfung des Befundes durch eine weitere Diagnostik (z. B. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2018 wurde dem RKI keine konnatale Röteln-Infektion übermittelt. Auch im Jahr 2016 und 2017 war keine konnatale Röteln-Infektion bekannt geworden. In den Jahren 2001 bis 2003, 2006, 2008 sowie 2012 und 2013 wurde jährlich jeweils ein Fall übermittelt. 2004 wurden 3 Fälle erfasst, 2009 waren es 2 Fälle. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Röteln-Fälle auftreten sollen. Diesem Ziel ist Deutschland bereits sehr nahe gekommen.

Literaturhinweise

- ECDC: *Monthly measles and rubella monitoring reports*. <https://ecdc.europa.eu/en/rubella>
- Zusammenfassender Bericht der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland 2016. www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html

Matysiak-Klose D: *Hot Spot: Epidemiologie der Masern und Röteln in Deutschland und Europa*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1231–1237.

Pfaff G: *Die Eliminierung von Masern und Röteln aus Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1222–1224.

RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. Epid Bull 2019; 18:147–153.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. Epid Bull 2010; 32: 322–325.

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

führen bei einem Teil der Betroffenen aber auch zu mehrtägigen Krankenhausaufenthalten.

Enteritis-Salmonellen kommen weltweit u. a. in Geflügel, Schweinen, Rindern, aber auch Reptilien vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovare *S. Typhi* und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.58 und 6.44) behandelt.

6.50 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **13.529**
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 73% der Infektionen in Deutschland erworben
- ▶ 274 Ausbrüche mit 1.091 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Salmonellosen sind durch Bakterien der Gattung *Salmonella* verursachte Erkrankungen. Beim Krankheitsbild steht Durchfall im Vordergrund. Daneben sind Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber möglich. Die Symptome dauern in der Regel nur wenige Stunden oder Tage an,

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

Zeitlicher Verlauf

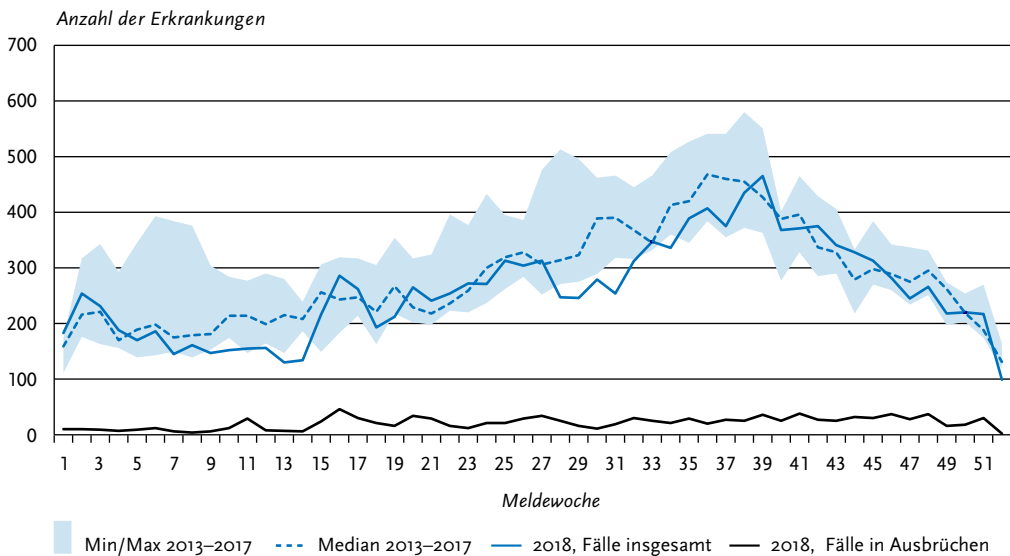
Im Jahr 2018 wurden insgesamt 13.529 Salmonellosen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprechen. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. In den Jahren 2001 (76.999 Erkrankungen) bis 2016 (12.974) wurde ein rückläufiger Trend beobachtet, der sich 2017 nicht weiter fortgesetzt hatte. Im Jahr 2018 ist die Zahl der Erkrankungen im Vergleich zum Jahr 2017 (14.273 Erkrankungen) zwar um 5,2% gesunken; sie war aber immer noch höher als die Zahl der im Jahr 2016 übermittelten Erkrankungen. Die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen lag im Jahr 2018 bei 16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Wie in den Vorjahren

Tab. 6.50.1:

Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	223	1%	238	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	14.050	86%	13.291	85%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	568	3%	487	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.478	9%	1.638	10%
alle	16.319	100%	15.654	100%
Referenzdefinition (B+C)	14.273	87%	13.529	86%

Abb. 6.50.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 (n=13.529) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



wurden die meisten Salmonellosen (4.410; 33 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.50.1).

Geografische Verteilung

In den meisten Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.50.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Thüringen (26 %) und Sachsen (23 %) zu verzeichnen. Im Saarland (61 %), Rheinland-Pfalz (26 %), Baden-Württemberg (16 %), Bremen (7,7 %) und Hamburg (4,3 %) lag die Inzidenz im Jahr 2018 über dem jeweiligen Median der Vorjahre. In Thüringen, Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz, Sachsen, im Saarland, Mecklenburg-Vorpommern, Hamburg und Brandenburg lag die Inzidenz im Jahr 2018 über der bundesweiten Inzidenz (16 Erkr./100.000 Einw.).

Bei 8.406 Salmonellosen (62 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (8.506 Nennungen); 6.173 (73 %) der Nennungen entfielen auf Deutschland. Die übrigen verteilten sich vor allem auf typische Urlaubsländer wie Ägypten (405 Nennungen), die Türkei (358), Thailand (143) und Spanien (130).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigten sich die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren. Die niedrigsten Inzidenzen waren in den Altersgruppen zwischen 30 und 59 Jahren zu verzeichnen (s. Abb. 6.50.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 51 %; weiblich 49 %).

Nachgewiesene Erreger

Eindeutige Angaben zum Serovar wurden für 75 % (2017: 76 %) der Erkrankungen übermittelt. Bei 45 % der Nennungen handelte es sich um *S. Enteritidis* und bei 33 % um *S. Typhimurium*. Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (2,7 %), *S. Derby* (1,5 %) und *S. Kentucky* (0,9 %). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 17 % aus. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Anzahl der übermittelten *S.*-Enteritidis-Erkrankungen um 2,5 % ab (von 4.711 auf 4.592). Die Anzahl der *S.*-Typhimurium-Erkrankungen sank um 8,4 % (von 3.605 auf 3.301).

Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (13.495) wurden Symptome angegeben (30.399 Nennungen). Durchfall

Abb. 6.50.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=13.527) im Vergleich mit den Vorjahren

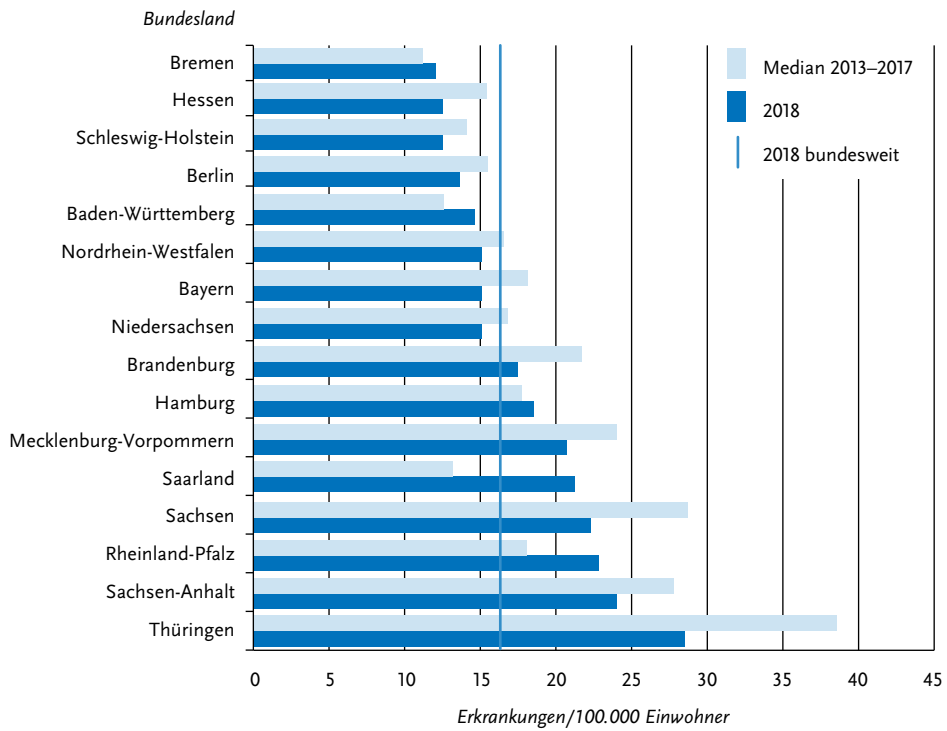
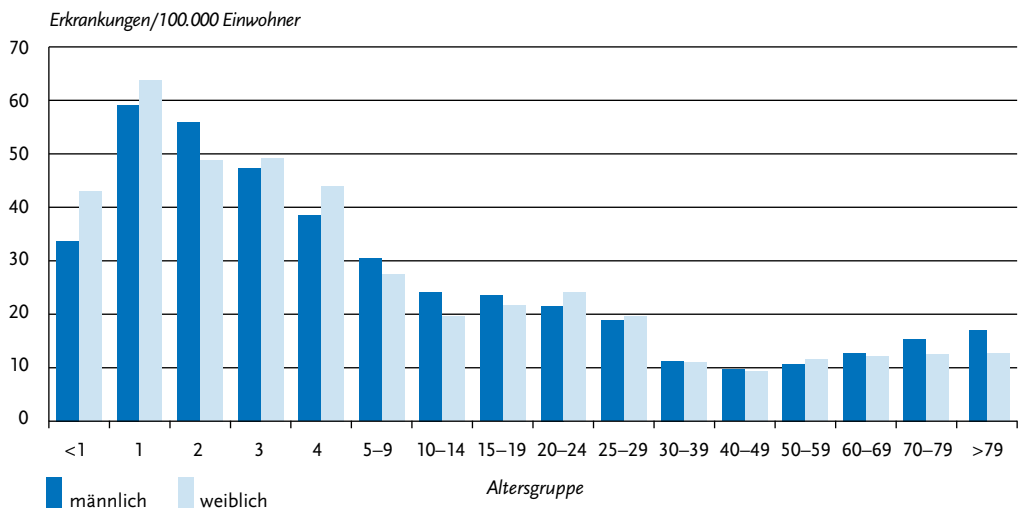


Abb. 6.50.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=13.480)



Tab. 6.50.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2017 und 2018

	2017		2018	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	227	539	240	576
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	40	643	34	515
Alle Ausbrüche	267	1.182	274	1.091

(97% der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (68%), Fieber (39%) und Erbrechen (22%). Es wurden 14 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2017: 20). Betroffen waren 8 Männer und 6 Frauen im Alter zwischen 42 und 92 Jahren (Altersmedian 75 Jahre). Bei 10 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 6-mal *S. Enteritidis*, 3-mal *S. Typhimurium* und einmal *S. Agona*. Die übrigen 4 Todesfälle wurden ohne eindeutige Angaben zum *Salmonella*-Serovar übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 274 Ausbrüche mit insgesamt 1.091 Erkrankungen (8,1% aller Salmonellosen, Vorjahr: 8,3%) übermittelt (s. Tab. 6.50.2), davon 34 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Im Vergleich zum Vorjahr wurden 2,6% mehr Ausbrüche übermittelt.

Der größte Ausbruch umfasste 191 Erkrankungen in mehreren Bundesländern und wurde durch *S. Enteritidis* Complexotyp (CT) 1734 verursacht. Das wahrscheinliche Infektionsvehikel waren Eier aus Bodenhaltung. Ein Ausbruch mit 30 Erkrankungen in 3 Bundesländern wurde ebenfalls durch *S. Enteritidis* (CT 1892) verursacht und stand in Zusammenhang mit dem Verzehr von Spätzle. Ein Ausbruch mit 28 Erkrankungen ereignete sich in einem Alten-/Pflegeheim und wurde durch *S. Panama* verursacht. Ein Infektionsvehikel konnte nicht ermittelt werden.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose war bis 2016 von einer deutlichen Abnahme der Erkrankungszahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Erkrankungen

durch *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet war. Im Jahr 2017 hat sich der rückläufige Trend erstmals nicht weiter fortgesetzt. Im Jahr 2018 wurden im Vergleich zum Vorjahr wieder weniger Fälle übermittelt; allerdings immer noch mehr als im Jahr 2016. Der Ausbruch mit *S. Enteritidis* Complexotyp 1734 betraf mehrere Bundesländer. Anhand der Ergebnisse der molekularen Typisierung von Erregerisolaten wurden neben sporadisch erscheinenden Erkrankungen 24 kleinere Ausbrüche aus dem Jahr 2018 zu diesem großen Geschehen dazu gerechnet.

Literaturhinweise

- ECDC/EFSA: *Multicountry outbreak of new Salmonella enterica 11:z41:e,n,z15 infections associated with sesame seeds – 13 June 2017*. Journal 2017; <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-multi-country-outbreak-new-salmonella-enterica>
- Schielke A, Rabsch W, Prager R, et al.: *Two consecutive large outbreaks of Salmonella Muenchen linked to pig farming in Germany, 2013 to 2014: Is something missing in our regulatory framework?* Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.18.30528
- Hörmannsdorfer S, Messelhäußer U, Rampp A, et al.: *Re-evaluation of a 2014 multi-country European outbreak of Salmonella Enteritidis phage type 14b using recent epidemiological and molecular data*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.50.17-00196
- RKI: *Epidemiologische und mikrobiologische Untersuchung von zeitlich parallelen lebensmittelbedingten S.-Kottbus-Geschehen (Vorläufige Ergebnisse)*. Epid Bull 2017; 38:423–427.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.51 Shigellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 675
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 54 % gestiegen
- ▶ Männer häufiger betroffen als Frauen (60 % zu 40 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 39 Jahren
- ▶ Etwa 45 % der Erkrankungen in Deutschland erworben, weitere wichtige Infektionsländer sind Ägypten, Indien und Marokko
- ▶ 24 Ausbrüche mit 97 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die Shigellose ist eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Shigella* ausgelöst wird und mit wässrigen bis blutigen Durchfällen, Bauchkrämpfen und Fieber einhergeht. Es werden 4 Spezies mit unterschiedlicher geografischer Verteilung und Virulenz unterschieden. In Mitteleuropa dominiert *S. sonnei*. In Entwicklungsländern kommen hauptsächlich *S. flexneri*, *S. dysenteriae* und *S. boydii* vor.

Die Übertragung erfolgt hauptsächlich über Kontakt von Mensch zu Mensch, aber auch über verunreinigtes Trinkwasser und verunreinigte Lebensmittel. Auch sexuelle Übertragungen über oroanale Kontakte sind möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.51.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 675 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Vorjahr um 54 % gestiegen (439 Erkrankungen). Im zeitlichen Verlauf ist seit 2001 insgesamt eine deutliche Abnahme der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.51.1).

Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2017: 0,5) und war damit etwas höher als der Median der 5 Vorjahre (0,7).

In Berlin, Hamburg, Sachsen, Hessen, Baden-Württemberg und Brandenburg war die Inzidenz im Jahr 2018 höher als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. In den übrigen Bundesländern war die Inzidenz niedriger oder blieb gleich (s. Abb. 6.51.2). Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Sachsen (166 %) und Berlin (116 %) beobachtet. Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2018, wie bereits zuvor, in Berlin (4,4 Erkr./100.000 Einw.) und Hamburg (3,2) registriert. Auch in Sachsen und Hessen lagen die Shigellose-Inzidenzen über dem bundesweiten Median.

Bei 558 Erkrankungen (83 %) lagen insgesamt 573 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich).

Tab. 6.51.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	23	3 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	438	91 %	652	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	3 %	11	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	31	6 %	47	6 %
alle	483	100 %	733	100 %
Referenzdefinition (B+C)	439	91 %	675	92 %

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

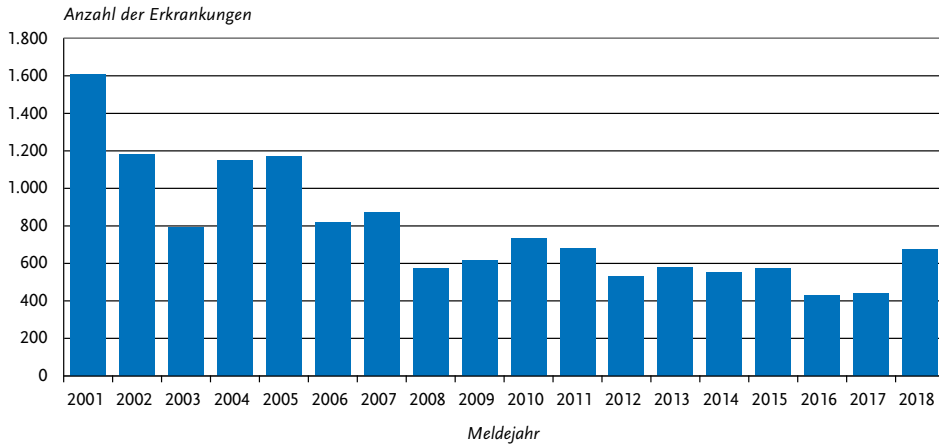
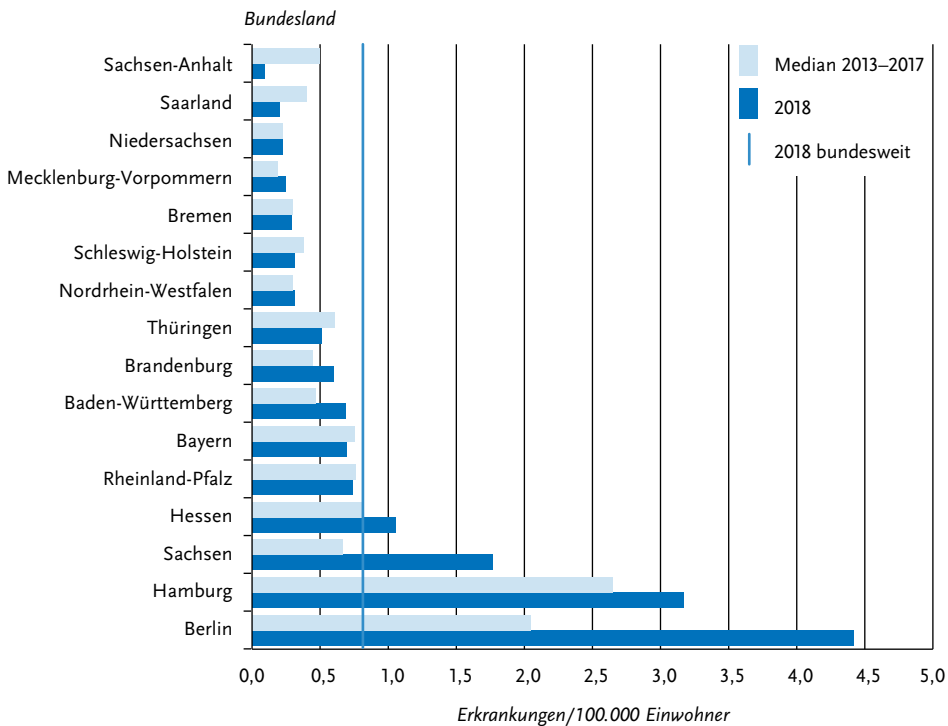


Abb. 6.51.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=675) im Vergleich zu den Vorjahren



Tab. 6.51.2:

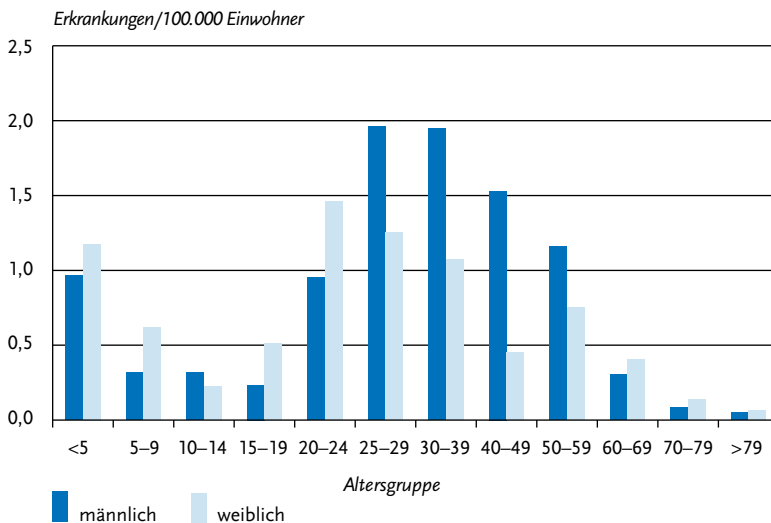
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2018 (Mehrfachnennungen möglich, 558 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	255	45%
Ägypten	42	7%
Indien	28	5%
Marokko	18	3%
Polen	12	2%
Spanien	12	2%
Indonesien	10	2%
Mexiko	9	2%
Türkei	8	1%
Tansania	7	1%
Dominikanische Republik	7	1%
Andere	165	30%
Summe	573	100%

Mit 255 Nennungen (45%) wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (7%), Indien (5%) und Marokko (3%) (s. Tab. 6.51.2).

Abb. 6.51.3:

Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=666)



Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen zeigte jeweils einen Gipfel bei Kindern und jungen Erwachsenen. Bei Kindern lag die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen (1,2 Erkr./100.000 Einw., n=46). Bei Erwachsenen wurden die höchsten Inzidenzen bei den 25- bis 39-Jährigen registriert (1,6, n=245).

Insgesamt waren mehr männliche (60%) als weibliche Personen (40%) betroffen. In der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher (2,0) als bei Frauen (1,1) (s. Abb. 6.51.3).

Nachgewiesene Erreger

Bei 585 Erkrankungen (87%) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (77%), *S. flexneri* (19%), *S. boydii* (2,7%) und *S. dysenteriae* (1,5%). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* zugenommen (2017: 71%), während der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2017: 23%), *S. boydii* (2017: 4,8%) und *S. dysenteriae* (2017: 1,9%) abgenommen hat.

Klinische Aspekte

Für 674 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durch-

fall (98%) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (71%), Fieber (47%) und Erbrechen (18%). Im Jahr 2018 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 24 Ausbrüche mit insgesamt 97 Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr hat sowohl die Anzahl der Ausbrüche (2017: 9) als auch die Anzahl der Erkrankungen in Ausbrüchen (2017: 21) deutlich zugenommen. Drei Ausbrüche betrafen jeweils 5 oder mehr Erkrankte, die übrigen 21 Ausbrüche jeweils weniger als 5 Erkrankte. Ein Ausbruch mit 28 Erkrankungen wurde aus Berlin übermittelt und ereignete sich in einer Kindertagesstätte. Ein Ausbruch mit 12 Erkrankungen in verschiedenen Bundesländern stand in Zusammenhang mit einer kulturellen Veranstaltung in Polen. Ein Ausbruch mit 5 Erkrankungen wurde aus Sachsen übermittelt, als Infektionsumfeld wurde die Kategorie Imbiss übermittelt.

Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland labor diagnostisch nachgewiesen wurden. Entsprechend werden Infektionen, die von Reisenden aus Deutschland im Ausland erworben und dort noch vor der Rückkehr erfolgreich behandelt wurden, in der Regel nicht erfasst.

Fazit

Die Anzahl der Shigellose-Erkrankungen war im Vergleich zum Vorjahr erhöht, in den Jahren zuvor war ein abnehmender Trend verzeichnet worden.

Literaturhinweise

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1*. *Nature Microbiology* 2016; 1:16027.
RKI: *Reisessoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39:431–444.
RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.52 Syphilis



- ▶ Fälle 2018: 7.332
- ▶ Erstmals seit 2010 leichter Rückgang der Fallzahlen
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ 93% der Fälle in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

Kurzbeschreibung

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und intrauterin von der Mutter auf das Kind übertragbar ist. Sie verläuft typischerweise in drei Stadien: ein so genannter Primäraffekt (ein meist schmerzloses Geschwür an der Eintrittsstelle) bildet sich wenige Tage bis Wochen nach der Infektion, im Sekundärstadium macht sich die Erkrankung durch Allgemeinsymptome und Hauterscheinungen bemerkbar und im Tertiärstadium (Jahre nach der Erstinfektion) kann es zur Schädigung des Gehirns und der Blutgefäße kommen.

Symptomfreie Phasen werden als Latenz bezeichnet. In Abhängigkeit von der seit der Infektion vergangenen Zeitspanne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *Treponema pallidum* direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach Fallkriterien bewertet. Alle Fälle sind labor diagnostisch bestätigt, es liegen aber nicht zwingend Angaben zur klinischen Symptomatik vor. Folgende Meldungen werden ausgeschlossen: Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermutete Doppelmeldungen und vermutete Fälle von nicht

Abb. 6.52.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018

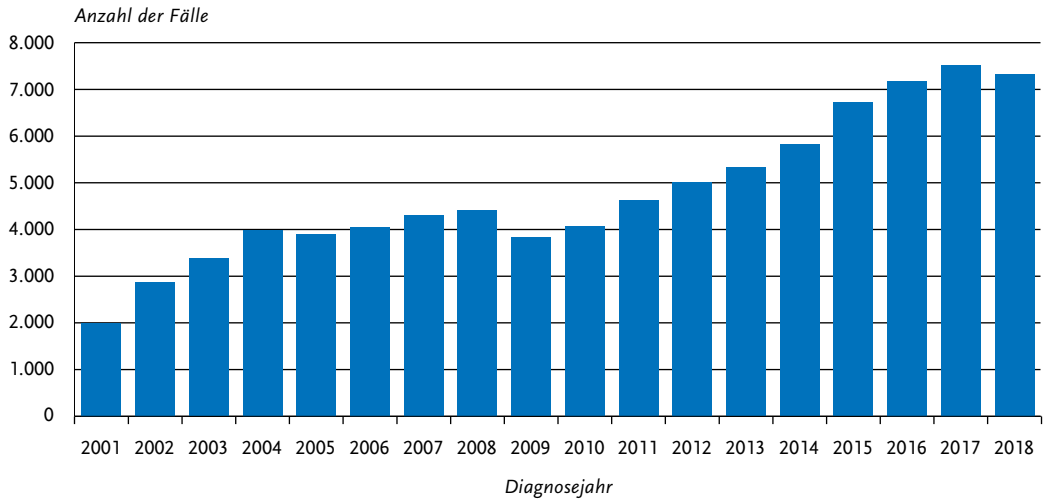
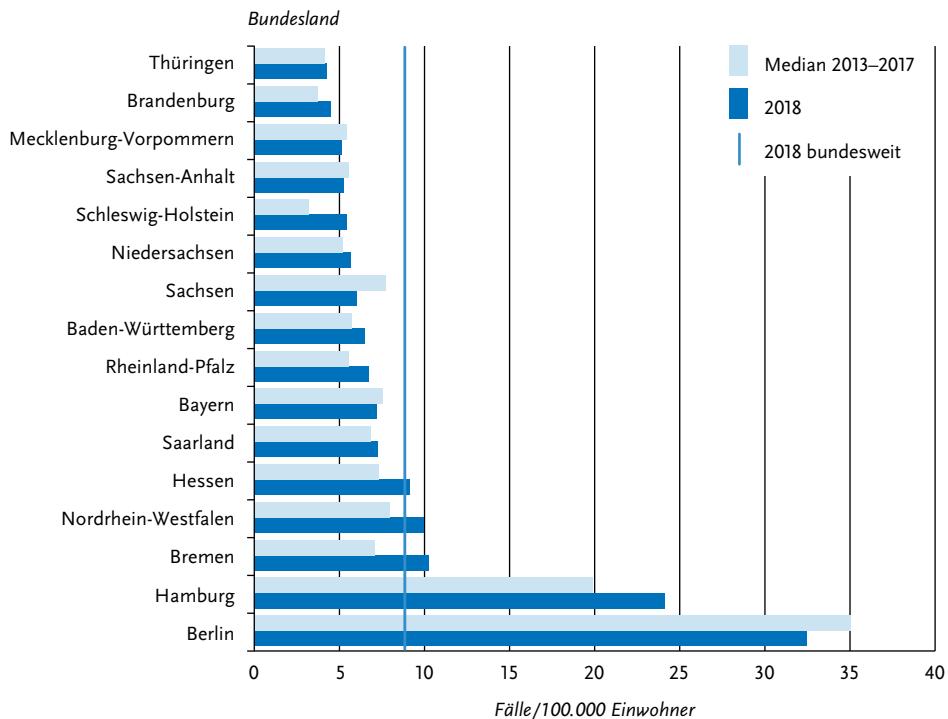


Abb. 6.52.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=7.328) im Vergleich mit den Vorjahren



ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*).

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

Die Syphilis-Meldungen werden seit 2017 mit Hilfe eines elektronischen Algorithmus geprüft und die Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisiert zu einem Fall zusammengeführt. Die Regeln des Algorithmus beruhen auf den S2k-Leitlinien zur Diagnostik und Therapie der Syphilis.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden dem RKI 7.332 Syphilis-Fälle gemeldet, 192 (2,6 %) weniger als im Vorjahr. Damit setzt sich der seit 2010 beobachtbare Anstieg der Fallzahlen zum ersten Mal nicht weiter fort (s. Abb. 6.52.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2018 mit 8,8 Fällen pro 100.000 Einwohner nach wie vor über dem Median der 5 Vorjahre (8,2). Ein zum Teil deutlicher Anstieg war in 11 Bundesländern zu beobachten, mit Ausnahme von Berlin, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Sachsen-Anhalt. Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (32,5) und Hamburg (24,1) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz auch in Bremen (10,3), Nordrhein-Westfalen (10,0) und Hessen (9,1). Am niedrigsten lagen die Inzidenzen in Mecklenburg-Vorpommern (5,2), Brandenburg (4,5) und Thüringen (4,3) (s. Abb. 6.52.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 20 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg noch in den Städten Köln (42,7), Frankfurt/M. (34,9), München (29,1), Trier (24,5), Offenbach (22,1), Stuttgart (21,0), Düsseldorf (20,3) und Mannheim (20,1) zu verzeichnen (s. Abb. 6.52.3).

Für 5.395 Fälle (74 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (5.058; 93 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (54 Nennungen), Thailand (30), Rumänien (18), Polen (15), Brasilien (14) sowie Bulgarien, China, Italien, die Russische Föderation, die Türkei und die Niederlande (jeweils 11).

Demografische Verteilung

Im Jahr 2018 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 6,1 % und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr (6,4 %) annähernd stabil. Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen fiel im Vergleich zum Vorjahr um 7,5 % auf 444. Die Anzahl der Fälle unter den Männern (6.885) fiel um 1,6 %. Mit 16,8 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,1). Die höchste Inzidenz (35,6) wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (32,6) und der 40- bis 49-Jährigen (30,9) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen sowie der 25- bis 29-Jährigen die höchste Inzidenz (je 2,9) auf, gefolgt von den 30- bis 39-Jährigen (2,7) (s. Abb. 6.52.4).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 77 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Fälle, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwi-

Abb. 6.52.3: Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2018 (n=7.332)

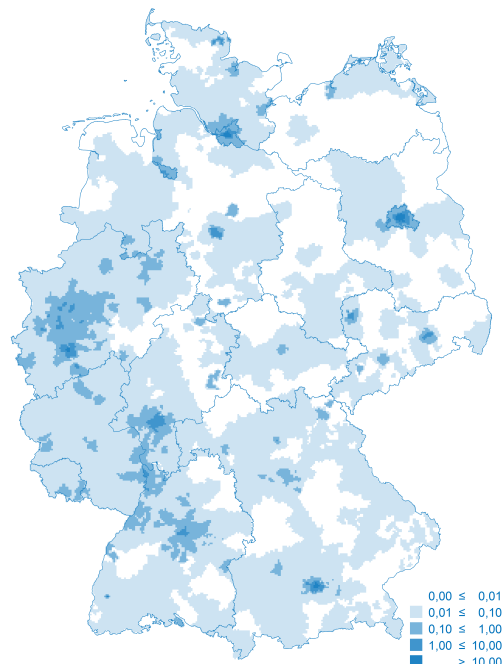
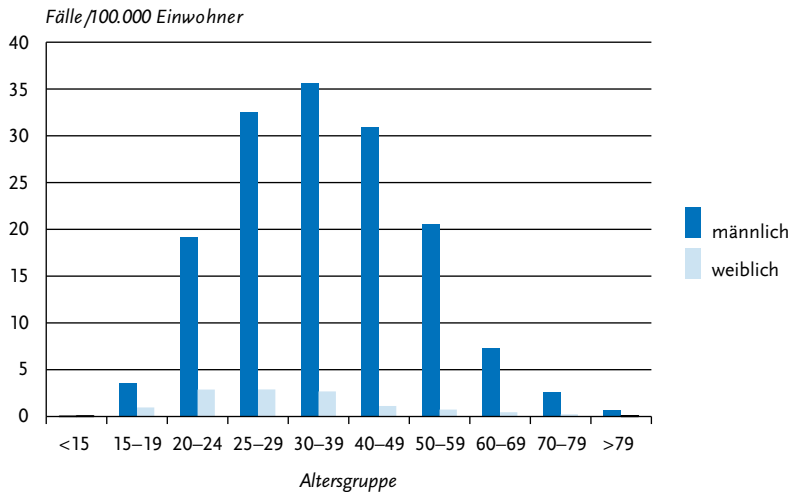


Abb. 6.52.4:

Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=7.305)



schen Männern (MSM) übertragen wurden, 85 % aus und lag damit etwa auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 15 %.

Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2017 in 8 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß an. Die Fallzahlen unter MSM stiegen prozentual in Schleswig-Holstein (35 %), Bremen (34 %) und Hessen (30 %), im Saarland (14 %), Baden-Württemberg (13 %), Rheinland-Pfalz (12 %), Hamburg (7,9 %) und Nordrhein-Westfalen (7,0 %). Demgegenüber fiel die Anzahl der Fälle von MSM in Sachsen (-18 %), Berlin (-12 %), Bayern (-11 %), Mecklenburg-Vorpommern (-11 %), Sachsen-Anhalt (-10 %), Niedersachsen (-9,8 %) und Brandenburg (-3,3 %) ab.

Im Vergleich zum Vorjahr stieg die Anzahl von Fällen, bei denen Prostitutionskontakte als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden (n=131), im Vergleich zum Vorjahr um 14 %. Die Zahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden (n=76), fiel um 3,8 %. Insgesamt handelte es sich um kleine Fallzahlen, bei denen Angaben im Kontext der Prostitution gemacht wurden.

Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2017 zwischen ein und 6 Fällen pro Jahr. Im Jahr 2018 waren es 3 Fälle.

Bei einem Drittel der Fälle aus dem Jahr 2018 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (33 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 46 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (6,7 %).

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, fiel von 9.388 im Jahr 2017 auf 9.192 im Jahr 2018. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu fallidentischen Meldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil.

Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und wird auf Grundlage des oben genannten Algorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, labor diagnostischer und klinischer Merkmale die eingehenden Meldungen dahingehend prüft, ob sie sich auf einen bereits gemeldeten Fall beziehen.

Fazit

Der seit 2010 beobachtete Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland setzte sich im Jahr 2018 zum ersten Mal nicht weiter fort. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inziden-

zen auf. Hauptbetroffenen-Gruppe sind MSM, bei denen 2018 keine einheitliche Dynamik festzustellen war: in einigen Bundesländern stieg die Anzahl von Syphilis-Fällen bei MSM deutlich an, während auch aus besonders betroffenen Bundesländern wie Berlin weniger Fälle gemeldet wurden. Diese Dynamik gilt es in der Zukunft weiter zu beobachten und zu beurteilen.

Die aktuelle epidemiologische Lage der Syphilis in Deutschland ähnelt der Situation in anderen westeuropäischen Staaten. Auch hier kam es zu andauernden Anstiegen von Syphilis-Fällen in den letzten Jahren, mit MSM als hauptbetroffene Gruppe, allerdings ist aus anderen Ländern bisher keine ähnliche Stagnation der Fallzahlen bekannt.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschafts-Vorsorgeuntersuchungen ist in Deutschland von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle: im Jahr 2018 wurden nur 3 solcher Fälle gemeldet.

Das anhaltend hohe Niveau an gemeldeten Syphilis-Infektionen zeigt, wie wichtig eine frühzeitige Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen ist, um Infektionsketten möglichst frühzeitig zu unterbrechen. Das Bewusstsein für Syphilis sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen gestärkt werden. Laut Leitlinien der STI-Fachgesellschaft sollte MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis, aber auch andere STI wie Chlamydien, Gonorrhö, Hepatitis C und HIV alle 3 bis 12 Monate angeboten werden.

Literaturhinweise

- Bremer V, Dudareva-Vizule S, Buder S, an der Heiden M, Jansen K: *Sexuell übertragbare Infektionen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:948–957.
- ECDC (2017): *Syphilis – annual epidemiological report for 2015*. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-annual-epidemiological-report-2015>
- Meyer T, Schüttler C, Straube E, et al.: *Schnelltest-Diagnostik sexuell übertragbarer Infektionen in niedrighschwelligigen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:245–254.
- Deutsche STI-Gesellschaft (2014): *S2k-Leitlinie: Diagnostik und Therapie der der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html
- Jansen K: *Syphilis in Deutschland im Jahr 2017. Anstieg von Syphilis-Infektionen bei Männern, die Sex mit Männern haben, setzt sich weiter fort*. Epid Bull 2018; 46:493–504.

6.53 Tollwut

Kurzbeschreibung

Die Tollwut wird durch neurotrope Viren der Familie der Rhabdoviren, Genus Lyssaviren, verursacht. Innerhalb des Genus Lyssaviren existieren verschiedene Virusspezies, die typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen werden, z. B. das Rabiesvirus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt dabei durch einen Biss oder durch Verunreinigung von Wunden oder Hautabschürfungen. Tollwut kann – auch noch nach der Übertragung – durch Impfung verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen (z. B. Lähmungen, Krämpfe, Lichtscheu und Abneigung gegen Wasser) aufgetreten sind.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde dem RKI keine Erkrankung an Tollwut übermittelt.

In Deutschland sind seit dem Jahr 2001 insgesamt 6 Tollwuterkrankungen übermittelt worden. Zuletzt verstarb im Jahr 2007 ein 55-jähriger Mann an Tollwut, nachdem er von einem streunenden Hund in Marokko gebissen worden war. Im Jahr 2005 wurden insgesamt 4 miteinander in Zusammenhang stehende Erkrankungen an Tollwut übermittelt. Betroffen waren eine 26-jährige Frau, die sich in Indien aufgehalten hatte und nach deren Hirntod Organe zur Transplantation entnommen worden waren, da zu diesem Zeitpunkt noch kein Anhalt für eine Tollwuterkrankung vorgelegen hatte, sowie 3 ihrer Organempfänger. Im Jahr 2004 erkrankte und verstarb ein 51-jähriger Mann, der sich mit hoher Wahrscheinlichkeit in Indien infiziert hatte.

Literaturhinweise

- WHO: *Expert Consultation on Rabies, Third report. World Health Organ Tech Rep* 2018. www.who.int/iris/handle/10665/272364
- WHO: *Rabies fact sheet*. www.who.int/mediacentre/factsheets/fs099/en
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.
- RKI (2018): *Häufig gestellte Fragen und Antworten zu Tollwut und Schutzimpfung gegen Tollwut*. www.rki.de/SharedDocs/FAQ/Tollwut/FAQ_Liste.html

RKI: *Tollwut in Deutschland: Gelöstes Problem oder versteckte Gefahr?* Epid Bull 2011; 8:57–61.

RKI: *Zur diagnostischen Sicherung von Tollwuterkrankungen beim Menschen.* Epid Bull 2005; 13:114–115.

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion

Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gegartes kontaminiertes Fleisch oder den Umgang mit infizierten Katzen erfolgen. Beim gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein direkter Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelt – als konnatale Toxoplasmose gewertet. Für eine konnatale Infektion sprechen auch die mittels vergleichendem Immunoblot (parallele Testung von

mütterlichem und kindlichem Serum) nachgewiesenen IgG-Antikörper des Neugeborenen oder die Persistenz oder Konzentrationserhöhung von IgG-Serumantikörpern im postnatalen Verlauf.

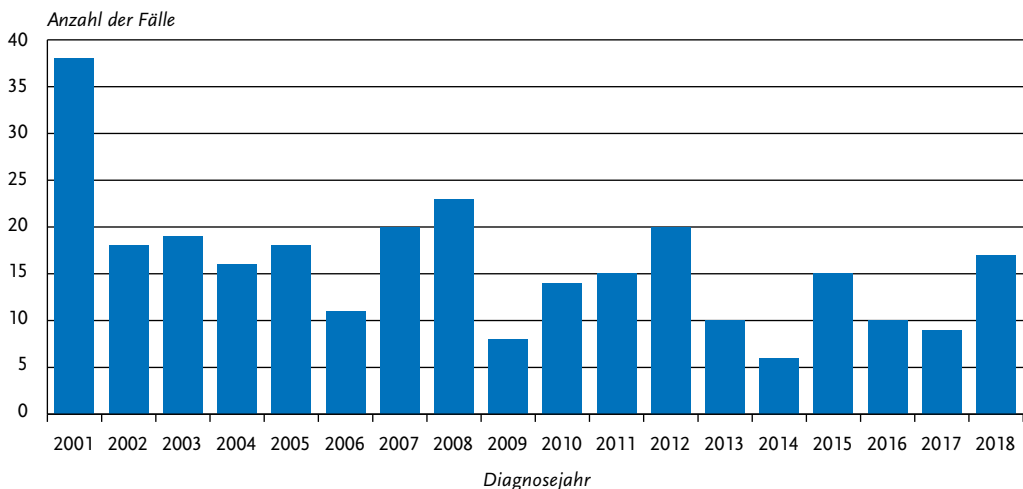
Situation in Deutschland

Für das Jahr 2018 wurden dem RKI 17 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.54.1). Die Meldungen kamen aus 6 Bundesländern, davon 9 Fälle aus Sachsen, 3 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, je 1 Fall aus Brandenburg, Baden-Württemberg, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt und ein Fall hatte keine Angabe zum Bundesland. Für 3 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben, dies war für alle Deutschland.

Datenqualität

Die Anzahl der gemeldeten Diagnosen ist von der Durchführung einer erregerspezifischen Diagnostik abhängig. Es ist daher von einer sehr hohen Untererfassung der konnatalen Toxoplasmose durch das Meldesystem auszugehen. Darüber hinaus ist bei der Bewertung der gemeldeten Angaben zu berücksichtigen, dass mögliche später auftretende Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nichtnamentlich

Abb. 6.54.1: Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

Literaturhinweise

Wilking H, Thamm M, Stark K, Aebischer T, Seeber F: *Prevalence, incidence estimations, and risk factors of Toxoplasma gondii infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study*. Sci Rep 2016; 6:22551. RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.55 Trichinellose

Kurzbeschreibung

Die Trichinellose (oder Trichinose) wird durch einen Nematoden (Fadenwurm) der Spezies *Trichinella* hervorgerufen. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend durcherhitztem kontaminierten Fleisch, insbesondere vom Wildschwein oder Schwein. Die aufgenommenen Larven werden im Darm freigesetzt und wandern bevorzugt in Muskelzellen, wo sie sich verkapseln. Das kann zunächst mit Bauchbeschwerden, später mit Muskelschmerzen und Schwellungen im Augenbereich einhergehen. Aufgrund der weitverbreiteten modernen

Haltungsformen in der Schweinemast und der im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung durchgeführten Trichinenuntersuchungen tritt die Erkrankung in Deutschland selten auf.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden keine Erkrankungsfälle von Trichinellose übermittelt (s. Abb. 6.55.1).

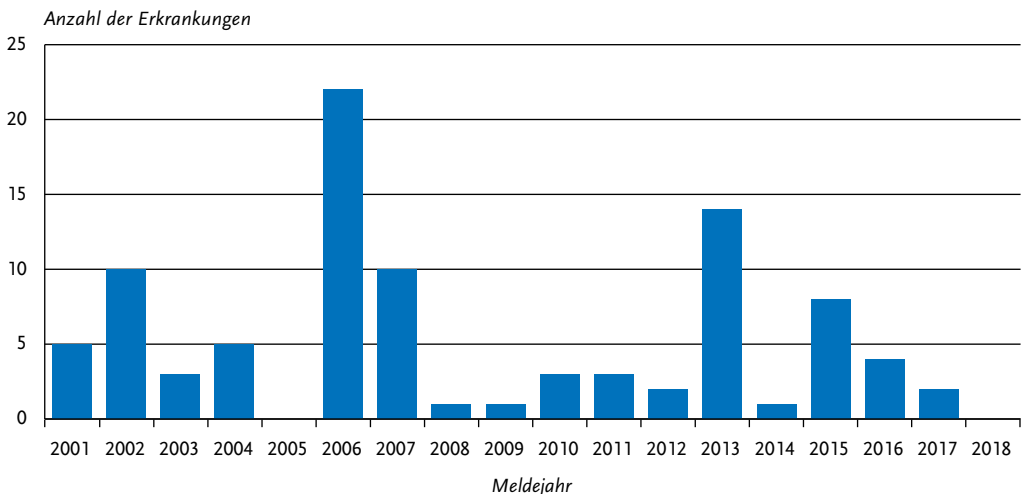
Literaturhinweise

Faber M, Schink S, Mayer-Scholl A, et. al.: *Outbreak of trichinellosis due to wild boar meat and evaluation of the effectiveness of post exposure prophylaxis, Germany, 2013*. Clin Infect Dis 2015; 60: e98-e104.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467-475.

RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.55.1:
Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



6.56 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 5.429
- ▶ Fallzahlen für 2018 auf hohem Niveau weitgehend unverändert
- ▶ Lungentuberkulose bei drei Viertel der Erkrankungen, davon 82 % als offene Form
- ▶ Mehr als die Hälfte der offenen Lungentuberkulosen mikroskopisch positiv und damit besonders infektiös
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen im Alter zwischen 15 und 29 Jahren
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2017 bei 86 % und damit unter dem WHO-Ziel (90 %)

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist die frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberkulose (infektiöse Form) entwickelt, sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie zur

Unterbrechung von Infektionsketten von besonderer Bedeutung.

Unbehandelt ist die Krankheit durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet, der initial häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einhergeht. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden dem RKI 5.429 Tuberkulosen übermittelt. Dies entsprach einer Inzidenz von 6,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2017: 6,6 Erkr./100.000 Einw.). Nachdem die Fallzahlen 2017 (5.495 Erkrankungen) im Vergleich zum Jahr 2016 (5.926 Erkrankungen) rückläufig waren, sind sie 2018 im Vergleich zum Vorjahr jedoch nahezu unverändert (Abb. 6.56.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2018 in 9 Stadtstaaten und Bundesländern niedriger oder gleicht dem Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.56.2). Insbesondere, in Sachsen-Anhalt (7,3 Erkr./100.000 Einw.) hat die Inzidenz im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre zugenommen. In den Stadtstaaten Berlin (10,7) und Hamburg (9,7) sowie in Hessen (9,9) lag die Inzidenz weiterhin

Tab. 6.56.1:

Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	1.211	21 %	1.197	22 %
klinisch-epidemiologisch (B)	80	1 %	89	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.204	74 %	4.143	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	130	2 %	56	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19	0 %	14	0 %
alle	5.644	100 %	5.499	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	5.495	97 %	5.429	99 %

Abb. 6.56.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2018

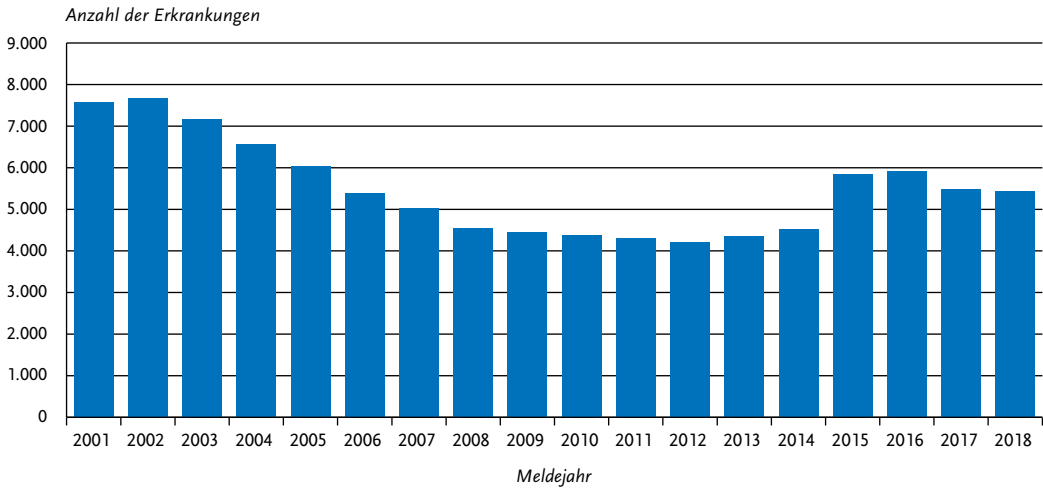
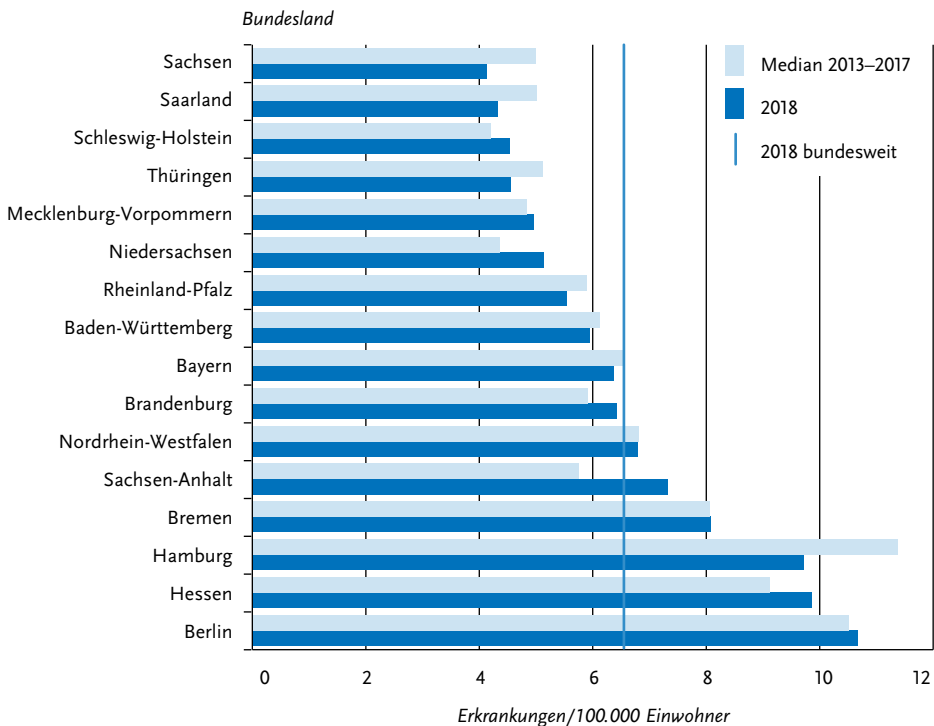


Abb. 6.56.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=5.429) im Vergleich mit den Vorjahren



deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 6,5. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren Sachsen (4,1) und das Saarland (4,3).

Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 215 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (248) verringert. Es erkrankten etwas mehr Jungen als Mädchen (110 gegenüber 105 Erkrankungen). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,9 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war unter den Kindern die höchste Inzidenz mit 2,9 bei Kleinkindern unter 5 Jahren zu verzeichnen (113 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsspitzen im Alter zwischen 20 und 24 Jahren (Gesamtinzidenz 18,4 Erkr./100.000 Einw.), wobei die Gesamtinzidenz in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen mit 12,8 Erkr./100.000 Einw. und in der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen mit 12,1 Erkr./100.000 Einw. ebenfalls vergleichsweise hoch waren. Ein weiterer – wenngleich deutlich kleinerer Gipfel – ließ sich bei den über 79-Jährigen beobachten. In dieser Altersgruppe lag die Inzidenz bei 5,9. Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 8,9 und war damit mehr als doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (4,3). Die deutlich höhere Erkrankungs-

häufigkeit bei Jungen und Männern manifestierte sich ab dem 15. Lebensjahr (s. Abb. 6.56.3).

Nachgewiesene Erreger

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *M. tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 3.577 (66 %) der 5.429 Erkrankungen vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 97 % (3.453 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. africanum* war bei 56 Erkrankten (1,6 %) angegeben worden; *M. bovis* wurde 63-mal (1,8 %), *M. canettii* viermal und *M. microti* einmal genannt.

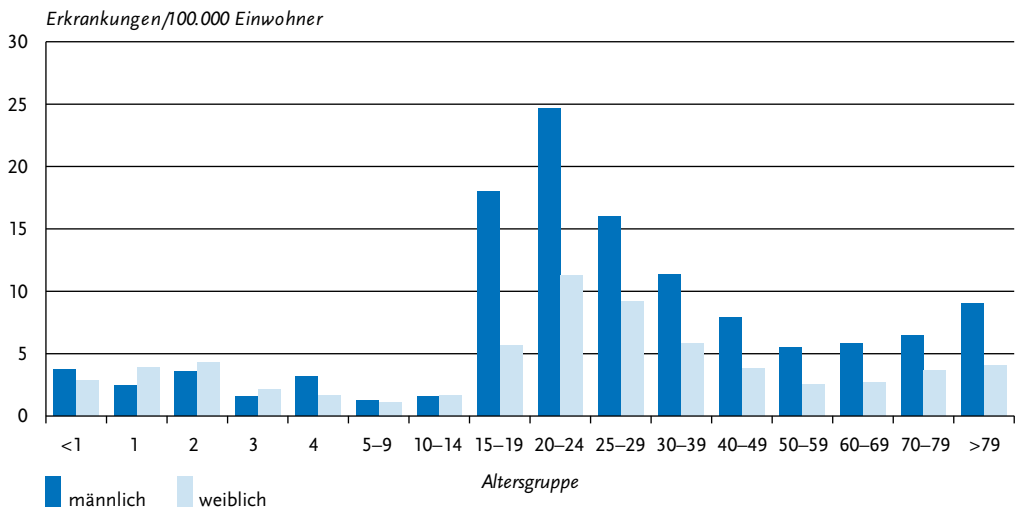
Für 851 (19 %) Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*M. tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Im Jahr 2018 wurden 118 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt.

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 73 % (3.916 von 5.371 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf, während sich 27 % der Erkrankungen (1.455) ausschließlich extrapulmonal manifestierten. Dabei waren die Lymphkno-

Abb. 6.56.3: Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=5.419)



ten mit insgesamt 14 % der Erkrankungen (761) am häufigsten betroffen – extrathorakale Lymphknoten: 9,1 % (496 Erkrankungen); intrathorakale Lymphknoten: 4,9 % (265 Erkrankungen). Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen Form 82 % (3.193 von 3.916 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 56 % (1.780 Erkrankungen) um die besonders infektiöse, mikroskopisch positive Form. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 19 % (723 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 129 von 5.296 Erkrankungen mit entsprechender Angabe übermittelt. Dies entsprach einer Letalität von 2,4 %, wobei diese bei den über 80-Jährigen mit 12 % (36 Todesfälle) am höchsten war. Eine vergleichbare Zahl von Todesfällen wurde auch in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen verzeichnet (33 Todesfälle, Letalität 8,6 %). Bei Kindern und jungen Erwachsenen im Alter unter 25 Jahren wurden 5 krankheitsbedingte Todesfälle registriert.

Ausbrüche

Für das Jahr 2018 wurden 68 Ausbrüche mit insgesamt 187 Erkrankungen übermittelt. Es gab 2 Ausbrüche mit jeweils 7 und 4 Ausbrüche mit jeweils 5 assoziierten übermittelten Erkrankungen. Bei den restlichen 62 Ausbrüchen (mit insgesamt 153 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen. Die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2017 übermittelt wurden, wurde von ursprünglich 67 mit insgesamt 193 Erkrankungen (Datenstand: 01.03.2018) auf nunmehr 82 Ausbrüche mit insgesamt 258 Erkrankungen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2017

Die folgenden Ergebnisse gelten für das Jahr 2017. Entsprechende Daten für 2018 lagen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für 4.770 der 5.495 im Jahr 2017 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (87 %) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 3.829 Erkrankte (80 %) übermittelt. Die Zielsetzung der WHO, die einen 90 %-igen

Behandlungserfolg vorsieht, wurde damit in Deutschland nicht erreicht. Das galt jedoch nicht für Kinder unter 15 Jahren. Hier lag der Anteil erfolgreicher Behandlungen bei 92 %.

Bei 182 Erkrankungen (3,8 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 220 Patienten (4,6 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 139 Erkrankungen (2,9 %) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei einer Erkrankung wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 399 Patienten (8,4 %) waren vor oder während der Behandlung an Tuberkulose (121 Erkrankungen; 2,5 %), oder an anderen Ursachen (278 Erkrankungen; 5,8 %) verstorben.

Datenqualität

Das Behandlungsergebnis wird nach internationaler Vereinbarung frühestens 12 Monate nach Abschluss des Meldejahres ausgewertet. Aus diesem Grund können die bundesweiten Daten für das Behandlungsergebnis jeweils erst mit einer entsprechenden zeitlichen Verzögerung publiziert werden.

Der Anteil von Fällen, die nicht die Referenzdefinition erfüllen, ist mit 1,3 % (70 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (2,6 %, 149 Fälle) leicht gefallen. Insgesamt bedarf es aber einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Nach dem deutlichen Anstieg der Tuberkulose im Jahr 2015 gefolgt von einem leichten Rückgang 2017 sind die aktuellen Zahlen 2018 auf hohem Niveau weitgehend unverändert geblieben. Die gegenwärtige Situation wird vor allem durch demografische Entwicklungen und Migrationsbewegungen beeinflusst.

Der hohe Anteil offener, und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, dass die Tuberkulose in Deutschland ein relevantes Gesundheitsproblem darstellt. Aufgrund einer besonderen Anfälligkeit von Kindern, und da Erkrankungen bei Kindern als Indikator für aktuell fortbestehende Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose – trotz aktuell wieder rückläufiger Zah-

len – stets einer erhöhten Aufmerksamkeit. Von hoher Relevanz sind auch Anstrengungen zur weiteren Verbesserung des Behandlungsergebnisses, welches nach wie vor – insbesondere bei älteren Menschen – unter dem Behandlungsziel der WHO bleibt. Eine erfolgreich abgeschlossene Behandlung ist entscheidend für die Genesung der Erkrankten, für eine Vermeidung von sekundär resistenter Tuberkulose sowie für den Infektionsschutz.

Um weitere Fortschritte in der Tuberkulosekontrolle zu erreichen, bedarf es einer unverzüglichen Diagnose der Tuberkulose bei erkrankten Personen sowie einer konsequenten Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention und Therapie der Tuberkulose. Wichtig ist außerdem, dass die Erfahrungen und das Wissen im Umgang mit dieser Erkrankung in Fachkreisen erhalten bleiben und durch eine entsprechende Ausbildung in Studium und Beruf gefördert werden.

Literaturhinweise

- WHO (2018): *Global Tuberculosis Report 2018*. www.who.int/tb/publications/global_report/en
- ECDC/WHO (2019): *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2019 – 2017 data*. http://ecdc.europa.eu/sites/portal/files/documents/tuberculosis-surveillance-monitoring-Europe-2019-18_Mar_2019.pdf
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Haas W: *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2017*. 2018. www.rki.de/tb-berichte.
- Perumal N, Hauer B: *Ein historisches Signal für den Kampf gegen Tuberkulose – Deutschland muss das Momentum nutzen*. *Epid Bull* 2019;11/12:95–96
- Sanchini A, Andrés M, Fiebig L, Albrecht S, Hauer B and Haas W: *Assessment of the use and need for an integrated molecular surveillance of tuberculosis: an online survey in Germany*. *BMC Public Health*. 2019;19:321
- Kröger S, Hauer B, Haas W, et al.: *Ein internationales MDR-TB-Cluster bei jungen Geflüchteten vom Horn von Afrika – Erfahrungen und Erkenntnisse aus der Perspektive Deutschlands*. *Epid Bull* 2018; 48:511–515
- Kuehne A, Hauer B, Brodhun B, Haas W, Fiebig L: *Tuberkulose-Screening bei Asylsuchenden – Behandlungsergebnisse und ihre Vollständigkeit 2002–2014*. *Epid Bull* 2018;11/12:113–118.
- Fiebig L, Hauer B, Miguel MA, Haas W: *Tuberkulosescreening bei Asylsuchenden in Deutschland 2015*. *Epid Bull* 2017; 43:491–494.
- Stadtmüller S, Schröder J, Ehlers S: *Eine Schätzung der Prävalenz von Tuberkulose bei Asylsuchenden in Deutschland*. *Epid Bull* 2017; 43:487–491.
- RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.57 Tularämie

Kurzbeschreibung

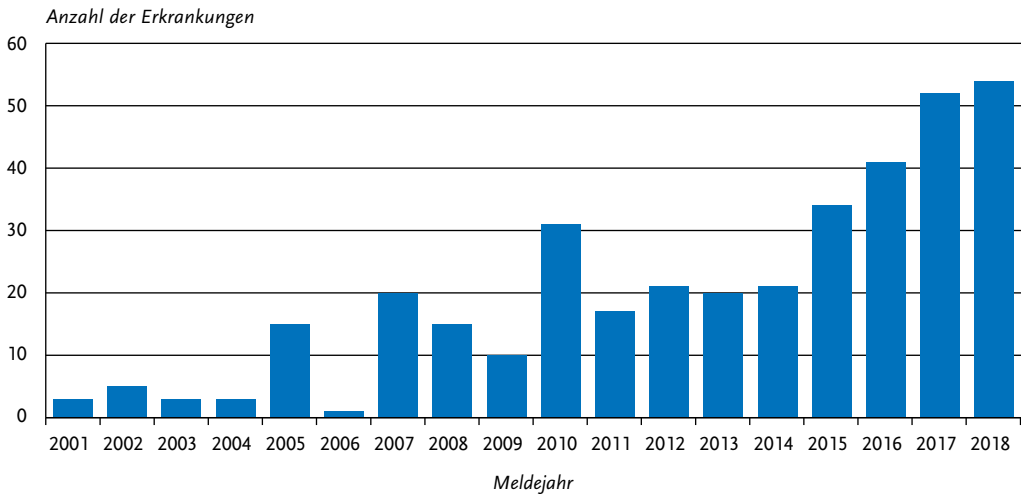
Die Tularämie, auch Hasenpest genannt, wird durch das Bakterium *Francisella tularensis* hervorgerufen. Die Infektion kann durch Haut- oder Schleimhautkontakt mit infektiösem Tiermaterial (z. B. beim Abhäuten), durch Verzehr von nicht ausreichend erhitztem kontaminierten Fleisch (Hasen), anderen Lebensmitteln oder durch Aufnahme von kontaminiertem Wasser, durch Inhalation von infektiösem Staub (aus Erde, Stroh oder Heu), Kontakt mit kontaminierten blutsaugenden Parasiten (Zecken, Mücken, Fliegen) oder beim Umgang mit den Erregern im Labor erfolgen. Das Krankheitsbild hängt unter anderem von der Eintrittspforte des Erregers ab und kann sehr verschiedenartig sein (z. B. Geschwür an der Eintrittsstelle, vergrößerte Lymphknoten, Lungenentzündung). Ohne antibiotische Behandlung kann die Sterblichkeit über 30 % betragen. Bei Infektionen mit dem in Europa auftretenden Subtyp *holarctica* kommt es oft zur Spontanheilung; Todesfälle sind, auch ohne Behandlung, bei Infektionen durch diesen Subtyp sehr selten.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden 54 Erkrankungen an Tularämie übermittelt, die höchste Fallzahl seit 2001 (s. Abb. 6.57.1). Die Erkrankten kamen aus 11 Bundesländern, wobei zusammen 34 Fälle (63 %) aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 40 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinlichstes Infektionsland angegeben und für jeweils eines Erkrankung Kasachstan, Kosovo und Mazedonien. Im Jahr 2018 waren 35 Erkrankte männlichen und 19 Erkrankte weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen betroffen. Die jüngste Erkrankte war ein 1-jähriges Mädchen mit unbekannter Infektionsquelle. Der älteste Erkrankte war 91 Jahre alt, bei ihm wurde ein Zeckenstich wurde als mögliche Infektionsquelle ermittelt.

Es wurden 2 Ausbrüche mit 8 bzw. 2 Erkrankten übermittelt. Bei dem größeren Ausbruch waren überwiegend Mitglieder einer Jagdgesellschaft betroffen, als Infektionsquelle haben sich frisch erlegte Hasen erwiesen. Bei dem kleineren Ausbruch scheint der Kontakt zu Kleinhasen ursächlich gewesen zu sein. Im Jahr 2018 wurde kein

Abb. 6.57.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Todesfall im Zusammenhang mit einer Tularämie übermittelt.

Literaturhinweise

- Burckhardt F, Hoffmann D, Jahn K, et al.: *Oropharyngeal Tularemia from Freshly Pressed Grape Must*. N Engl J Med 2018; 379:197–199.
- Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularemia in Germany – a re-emerging zoonosis*. Front Cell Infect Microbiol 2018; 8. doi: 10.3389/fcimb.2018.00040
- Borde JP, Zange S, Antwerpen MH, et al.: *Five cases of vector-borne Francisella tularensis holarctica infections in southwestern Germany and genetic diversity*. Ticks Tick Borne Dis 2017; 8:808–812.
- Kuehn A, Schulze C, Kutzer P, et al.: *Tularaemia seroprevalence of captured and wild animals in Germany: the fox (Vulpes vulpes) as a biological indicator*. Epidemiol Infect 2013; 141:833–840.
- RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. Epid Bull 2015; 46:491–492.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.58 Typhus abdominalis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 58
- ▶ Im Vergleich zu 2017 leichter Rückgang der Fallzahlen
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Nichtgeimpften
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen zwischen 20 und 39 Jahren

Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

Tab. 6.58.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	1%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	77	90%	58	83%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	9%	10	14%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0%	2	3%
alle	86	100%	70	100%
Referenzdefinition (B+C)	78	91%	58	83%

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.58.1).

Zeitlicher Verlauf

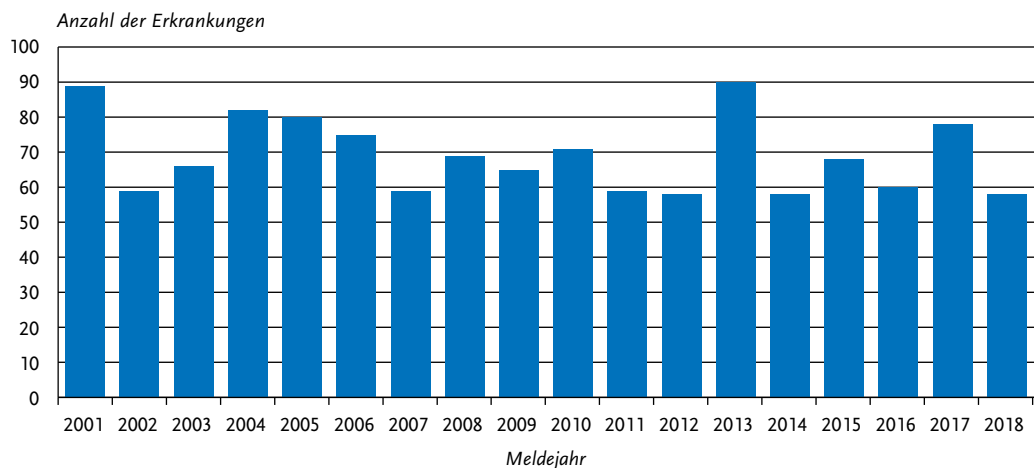
Im Jahr 2018 wurden 58 Erkrankungen übermittelt. Dies liegt etwas unter dem Durchschnitt der Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001 (s. Abb. 6.58.1). Die höchsten Erkrankungszahlen traten in den Monaten April, Mai und September auf.

Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz betrug 0,07 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Mit Ausnahme des

Saarlands, von Mecklenburg-Vorpommern und Bremen wurden aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden in absteigender Reihenfolge in Hessen, Schleswig-Holstein, Hamburg, Berlin und Baden-Württemberg verzeichnet. Für 56 übermittelte Erkrankungen (97%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei entfielen 79% der Nennungen auf Infektionsländer in Asien. Für 3 Erkrankungen wurde Deutschland als einziger Infektionsort übermittelt. Die 3 am häufigsten genannten nicht-deutschen wahrscheinlichen Infektionsländer waren Indien (28), Pakistan (5) und Nepal (3).

Abb. 6.58.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Demografische Verteilung

In der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen traten 55 % der Erkrankungen auf. Von den Erkrankten waren 33 (57 %) männlich und 25 (43 %) weiblich.

Klinische Aspekte

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (100 %), gefolgt von Durchfall (67 %), Bauchschmerzen (48 %), Kopfschmerzen (40 %), Husten (7 %) und Obstipation (7 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Impfstatus

Für 43 (74 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 40 (93 %) nicht gegen Typhus geimpft. Zu den 3 als geimpft übermittelten Erkrankten gab es einmal keine Angaben zu Datum und Impfstoff, eine Person war 30 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden (ohne Angabe zum Impfstoff) und eine Person hatte 9 Jahre vor Erkrankungsbeginn Typhus-Totimpfstoff erhalten.

Ausbrüche

Im Jahr 2018 wurden keine Ausbrüche von Typhus abdominalis übermittelt.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Nichtgeimpften.

Literaturhinweise

ECDC/EFSA (2017): *Multicountry outbreak of new Salmonella enterica 11:z41:e,n,z15 infections associated with sesame seeds – 13 June 2017*. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-multi-country-outbreak-new-salmonella-enterica>

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. *Epid Bull* 2018; 44: 467–475.

RKI-Ratgeber (2019) www.rki.de/ratgeber

6.59 Virale Hämorrhagische Fieber

Die an dieser Stelle bis 2016 berichteten Fälle von Chikungunyavirus-Erkrankungen werden seit dem Jahrbuch 2017 in einem eigenen Kapitel dargestellt (siehe Kapitel 6.7).

Lassafieber

Kurzbeschreibung

Das Lassavirus gehört in die Familie der Arenaviren. Lassafieber kommt natürlicherweise nur in Westafrika vor, wo sich in manchen Regionen bei der Hälfte der Bevölkerung Antikörper nachweisen lassen. Das tierische Reservoir ist ein Kleinnagetier. Die Übertragung erfolgt in der Regel durch Kontakt mit infektiösen Tierausscheidungen oder Patientenblut. Die Mehrzahl der Erkrankungen verläuft relativ mild mit grippeähnlichen Symptomen. Bei jedem fünften Infizierten kommt es allerdings zu schweren Verläufen mit einer Gesamtsterblichkeit von etwa 15 %.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt. Zuletzt wurden 2 Lassafieber-Erkrankungen im Jahr 2016 übermittelt: ein Patient, der zur medizinischen Behandlung aus Togo eingeflogen wurde und wenige Stunden nach Ankunft verstorben war, sowie ein in Deutschland infizierter Sekundärfall, der die Erkrankung überlebt hat.

Ebola- und Marburgfieber

Kurzbeschreibung

Ebola- und Marburgviren bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentralafrika. Sie können beim Menschen zu schweren, fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen führen. Bei den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Zu Beginn eines Ausbruchs erfolgen eine oder einige wenige Infektionen beim Menschen durch Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen. Die weitere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann

in der Regel durch Kontakt mit erregerhaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten im Rahmen von Ausbrüchen (kein endemisches Auftreten). Im Jahr 2018 kam es zu einem kleinen Cluster von Marburgfieber in Uganda (3 Fälle) und einem Ebolafieber-Ausbruch im Westen der Demokratischen Republik Kongo (54 Fälle). Im August 2018 wurde ein sehr großer Ebolafieber-Ausbruch im Osten der Demokratischen Republik Kongo bekannt, der derzeit noch anhält.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden dem RKI keine Ebolafieber- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt.

Im Jahr 2014 wurden im Zusammenhang mit dem Ausbruch in Westafrika 3 Ebolafieber-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um internationales medizinisches Personal nicht-deutscher Staatsangehörigkeit, das sich in Westafrika mit dem Ebolavirus infiziert hatte und zur medizinischen Behandlung nach Deutschland evakuiert worden war.

Gelbfieber

Kurzbeschreibung

Das Gelbfiebervirus gehört in die Familie der Flaviviren und ist im tropischen Afrika sowie im tropischen Südamerika endemisch verbreitet. Es wird durch Mücken übertragen. Die Krankheit ist durch hohes Fieber, Muskel-, Rücken- und Kopfschmerzen gekennzeichnet. Bei schweren Verläufen kommt es zu einer Leberentzündung mit Gelbsucht, Schädigung verschiedener Organe sowie inneren und äußeren Blutungen (Hämorrhagien). Die Sterblichkeit kann dann 60 bis 70% betragen. Es gibt eine wirksame Impfung. Zuletzt kam es 2016 in Afrika (in Angola und der Demokratischen Republik Kongo) und seit 2016 in Südamerika (insbesondere in Brasilien) zu großen Ausbrüchen, die auch einzelne Reisende aus Europa betrafen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurden zum ersten Mal seit 2001 3 Gelbfieber-Erkrankungen übermittelt.

Im März 2018 sind 3 Gelbfieberfälle bei ungeimpften deutschen Brasilienreisenden bekannt geworden, von denen 2 im SurvNet übermittelt

wurden. Ein 33-jähriger Mann erkrankte in Brasilien, musste schwer erkrankt die Rückreise im Vereinigten Königreich unterbrechen und verstarb dort im Krankenhaus. Eine 34-jährige Reiserrückkehrerin aus Brasilien überlebte. Ein weiterer in Deutschland nicht gemeldeter Fall wurde vom Auswärtigen Amt berichtet und betrifft einen Deutschen, der in Brasilien erkrankte, dort behandelt wurde und genas. Alle 3 Personen hatten sich im engen zeitlichen Zusammenhang im Februar 2018 vermutlich auf der Ilha Grande an der Küste zwischen São Paulo und Rio de Janeiro infiziert.

Der dritte in Deutschland gemeldete Fall erfüllt die Falldefinition, ist aber gemäß den dem RKI vorliegenden Informationen die fieberhafte Erkrankung eines 63-jährigen Mannes als Reaktion auf eine Gelbfieberimpfung in Deutschland wenige Tage zuvor.

Auch im Frühjahr 2019 setzt sich der Gelbfieber-Ausbruch in Brasilien fort und betrifft aktuell vor allem südwestlich von São Paulo gelegene Regionen.

Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber

Kurzbeschreibung

Das Krim-Kongo-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Eine Infektion mit diesem Virus ruft eine Erkrankung hervor, die häufig als hämorrhagisches Fieber verläuft. Die Erkrankung ist nach kurzer Inkubationszeit von einem bis maximal 12 Tagen hauptsächlich durch hohes Fieber charakterisiert. Hämorrhagische Verläufe gehen meist mit Leberschäden einher und sind nicht selten tödlich. *Hyalomma*-Zecken sind für das Virus zugleich Reservoir und Vektor. Eine Virusvermehrung findet in verschiedenen Wild- und Nutztieren statt. In Endemiegebieten infiziert sich der Mensch meist durch engen Kontakt zu Nutztieren und (ungeeignet erhitzten) Tierprodukten. Eine Übertragung durch Zeckenstich ist ebenfalls möglich. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen betreffen vor allem medizinisches Personal mit engem Kontakt zu Erkrankten (Blut, andere Körperflüssigkeiten). Endemiegebiete umfassen Teile Afrikas und Asiens (z. B. Naher Osten, Kleinasien) sowie Regionen in Südost-Europa. Auch in Zentralspanien sind Übertragungen bekannt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde dem RKI keine Erkrankung an Krim-Kongo-Hämorrhagischem-Fieber übermittelt.

Zwei Krim-Kongo-Virus-Infektionen wurden im Jahr 2009 übermittelt. Ein Erkrankter war ein US-Soldat, der sich in Afghanistan infiziert hatte und verstarb; ein in der Türkei infizierter Mann überlebte.

Rift-Valley-Fieber

Kurzbeschreibung

Das Rift-Valley-Fieber-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Die Erkrankung tritt meist in Ostafrika und im arabischen Raum auf. Das Virus ist hochpathogen für Rinder, Schafe und Ziegen und wird bei Tieren vor allem durch Mücken übertragen. Infektionen des Menschen treten meist im Zusammenhang mit Tier epidemien auf. Beim Menschen kann das Virus außer durch Vektoren auch durch kontaminierte Aerosole oder direkten Kontakt zu infizierten Tieren sowie (ungenügend erhitzten) tierischen Lebensmitteln übertragen werden. Die Inkubationszeit beträgt 3 bis 7 Tage. Zumeist verläuft das Rift-Valley-Fieber beim Menschen als unspezifische febrile Erkrankung, begleitet von Kopf- und Muskelschmerzen. Bei etwa 10 % der Erkrankten kommt es zu Läsionen der Retina, was eine permanente Einschränkung des Sehvermögens zur Folge haben kann. Bei jeweils etwa 1 % der Erkrankten ist mit einem fulminanten, häufig tödlichen hämorrhagischen Verlauf mit Hepatitis bzw. einer schweren Enzephalitis zu rechnen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2018 wurde dem RKI keine Rift-Valley-Fieber-Erkrankung übermittelt.

Zuletzt wurde im Jahr 2008 eine asymptomatische Infektion mit Rift-Valley-Fieber-Virus als Ko-Infektion zu einer letalen Hepatitis-A-Virus-Infektion übermittelt. Die Infektion wurde wahrscheinlich in Kenia erworben.

Literaturhinweise

- Kofman A, Choi MJ, Rollin PE: *Lassa fever in travelers from West Africa, 1969–2016*. Emerg Infect Dis 2019. doi: 10.3201/eid2502.180836
- Gossner CM, Haussig JM, de Bellegarde de Saint Lary C, et al. *Increased risk of yellow fever infections among unvaccinated European travellers due to ongoing outbreak in Brazil, July 2017 to March 2018*. Euro Surveill. 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.11.18-00106
- Boecken G. *Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt*. Epid Bull 2018;15:147.
- Ehlkes L, George M, Samosny G, et al.: *Management of a Lassa fever outbreak, Rhineland-Palatinate, Germany, 2016*. Euro Surveill. 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.16-00728
- Lehmann C, Kochanek M, Abdulla D, et al.: *Control measures following a case of imported Lassa fever from Togo, North Rhine Westphalia, Germany, 2016*. Euro Surveill. 2017. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00088
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475.
- RKI: *Neuerungen in den aktuellen Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2016/2017*. Epid Bull 2016; 35:341–346.
- RKI-Ratgeber (2011). www.rki.de/ratgeber

6.60 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: **20.448**
- ▶ Weiterer Rückgang der Fallzahlen im Vergleich zu den beiden Vorjahren
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 0 bis 9 Jahren
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ 1.134 Ausbrüche mit 4.768 Erkrankungen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Windpocken (Varizellen) sind die klinische Manifestation einer exogenen Erstinfektion mit dem Varicella-Zoster-Virus (VZV). Windpocken sind hochansteckend. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen, aerogen oder durch Schmierinfektion von Hautläsionen oder (sehr selten) auch diaplazentar. Das klinische Bild ist durch einen sich ausbreitenden Ausschlag an Haut und Schleimhäuten gekennzeichnet, beginnend im Gesicht und

am Rumpf, bei dem Hautläsionen in verschiedenen Stadien (Papeln, Pusteln, Bläschen, Schorf) gleichzeitig vorhanden sein können.

Das Virus verbleibt in den Nervenzellkörpern (Ganglien) und führt bei endogener Reaktivierung zu einem zweiten Krankheitsbild, der Gürtelrose (Herpes zoster).

Während Windpocken in den östlichen Bundesländern bereits gemäß Landesverordnungen meldepflichtig waren, besteht erst seit dem 29.03.2013 gemäß IfSG eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.60.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden mit insgesamt 20.448 Windpocken-Erkrankungen etwas weniger Fälle als in den Vorjahren übermittelt. Die Windpocken-Erkrankungen traten saisonal auf, mit den meisten Erkrankungen im Winter und Frühjahr und den wenigsten Erkrankungen im Sommer. Das Maximum lag in der 2. Meldewoche mit 719 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 34. Meldewoche mit 167 Erkrankungen (s. Abb. 6.60.1).

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Windpocken-Erkrankungen unterschied sich nur gering von der im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz lag

mit 24,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner unter dem Median der Vorjahresinzidenzen von 27,6. Außer in Thüringen, Schleswig-Holstein und Baden-Württemberg war die Inzidenz in allen anderen Bundesländern 2018 niedriger als in den Vorjahren. Zwischen den Bundesländern bestanden große Inzidenzunterschiede. Die höchsten Inzidenzen, die auch über dem bundesweiten Wert lagen, gab es in Sachsen (43,3), gefolgt von Bremen (37,0), Berlin (34,3), Bayern (34,2) und Baden-Württemberg (32,7). Die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten wie im Vorjahr Mecklenburg-Vorpommern (9,7) und das Saarland (10,2). In den übrigen 9 Bundesländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 13,5 (Sachsen-Anhalt) und 22,0 (Hamburg) (s. Abb. 6.60.2).

Demografische Verteilung

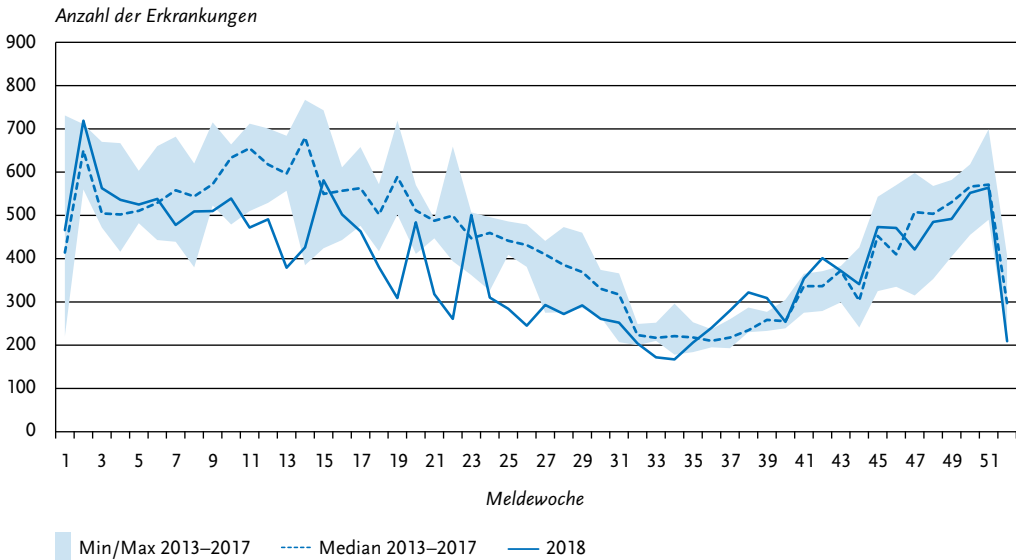
Die altersspezifische Inzidenz war in fast allen Altersgruppen niedriger als im Median der Vorjahre. Nur bei den 15- bis 19-Jährigen gab es mit 20,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2018) vs. 19,3 (Median 2014–2017) keinen Rückgang. Die Altersverteilung der Erkrankungen gliedert sich aus dem Vorjahr: 71 % der übermittelten Erkrankungen betrafen Kinder im Alter von 0 bis 9 Jahren. Die altersspezifischen Inzidenzen waren dementsprechend in diesen Altersgruppen am höchsten und stiegen von 166,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im ersten Lebensjahr auf einen Gipfel von 235,4 im Alter von 4 Jahren an, um bei den 5- bis 9-Jährigen auf eine Inzidenz von 202,4 abzufallen. Ab einem Alter von 10 Jahren ging die Inzidenz deutlich auf 79,9 bei den 10- bis 14-Jäh-

Tab. 6.60.1:

Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	16.172	73 %	14.266	70 %
klinisch-epidemiologisch (B)	4.601	21 %	4.870	24 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.445	6 %	1.312	6 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	40	0 %	3	0 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	16	0 %	5	0 %
alle	22.274	100 %	20.456	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	22.218	100 %	20.448	100 %

Abb. 6.60.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 im Vergleich mit den Vorjahren 2014–2017



rigen und auf 20,3 bei den 15- bis 19-Jährigen zurück. Bei den 20- bis 39-Jährigen lag die Inzidenz zwischen 5,5 und 7,5, bei den 40- bis 49-Jährigen unter 4 und ab einem Alter von 50 Jahren unter 2. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern leicht über der bei Mädchen und Frauen lag (25,6 zu 23,3; Abb. 6.60.3).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2018 wurde ein Todesfall an Windpocken übermittelt: ein 67-Jähriger verstarb an einer Windpocken-Pneumonie.

Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kinder im Alter von 11 bis 14 Monaten mit einer und seit 2009 mit einer 2. Impfdosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Fehlende Impfungen können jederzeit im Kindesalter nachgeholt werden. Darüber hinaus ist die 2-malige Impfung für weitere Personengruppen empfohlen, die für Windpocken empfänglich sind und entweder selbst ein erhöhtes Risiko für Windpocken-asso-

ziierte Komplikationen aufweisen oder als Überträger der Windpocken auf solche Risikogruppen infrage kommen. Für die Impfung stehen Kombinationsimpfstoffe gegen Masern, Mumps, Röteln und Varizellen sowie monovalente Varizellen-Impfstoffe zur Verfügung. Wenn die Varizellen-Impfung nicht wie empfohlen zeitgleich zur Masern-Mumps-Röteln-Impfung erfolgt, ist ein Mindestabstand von 4 Wochen zu dieser einzuhalten. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der Impfung hergestellt.

Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der Impfung auf, wird von einem Impfdurchbruch gesprochen. Treten Windpocken innerhalb von 42 Tage nach der Impfung auf, befanden sich die Erkrankten zum Zeitpunkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einem an Varizellen Erkrankten und die Impfung konnte den Ausbruch der Windpocken nicht mehr verhindern oder es kam zu den (sehr seltenen) Impfvarizellen durch das Impfvirus. Eine Unterscheidung von Wild- oder Impfvirus ist nur durch einen direkten Erregernachweis idealerweise aus einem Pustelabstrich und eine nachfolgende Sequenzierung möglich.

Abb. 6.6o.2:
 Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=20.448) im Vergleich zum Median der Vorjahre

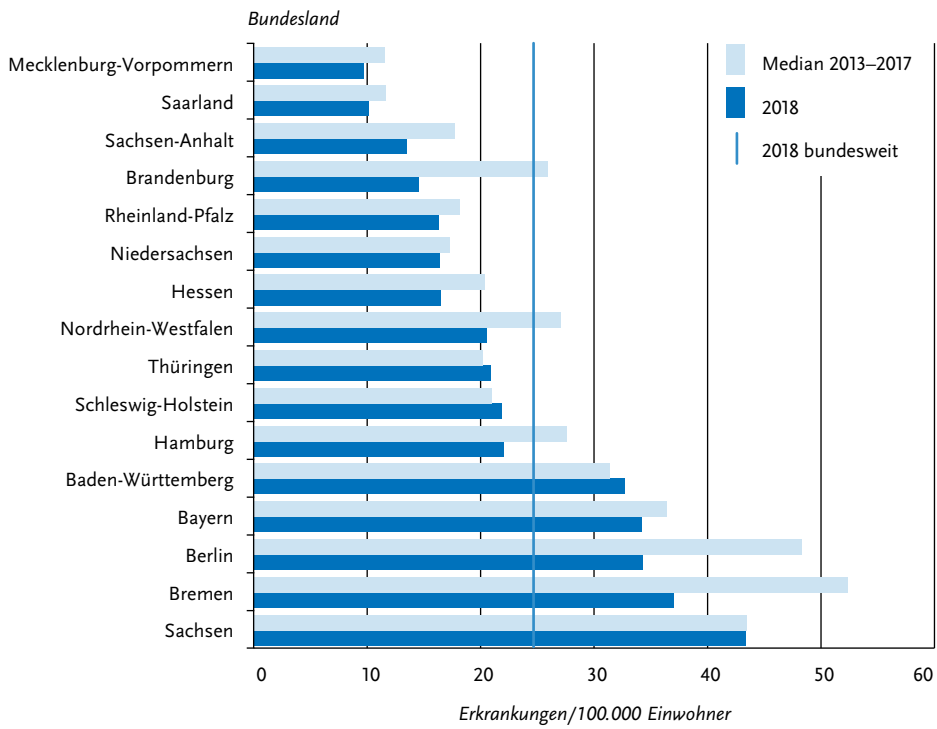
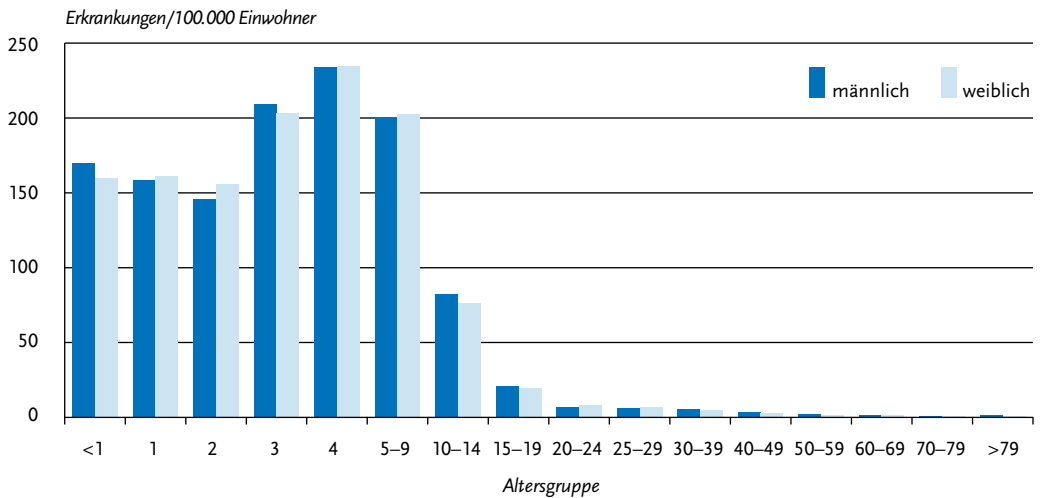


Abb. 6.6o.3:
 Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=20.221)

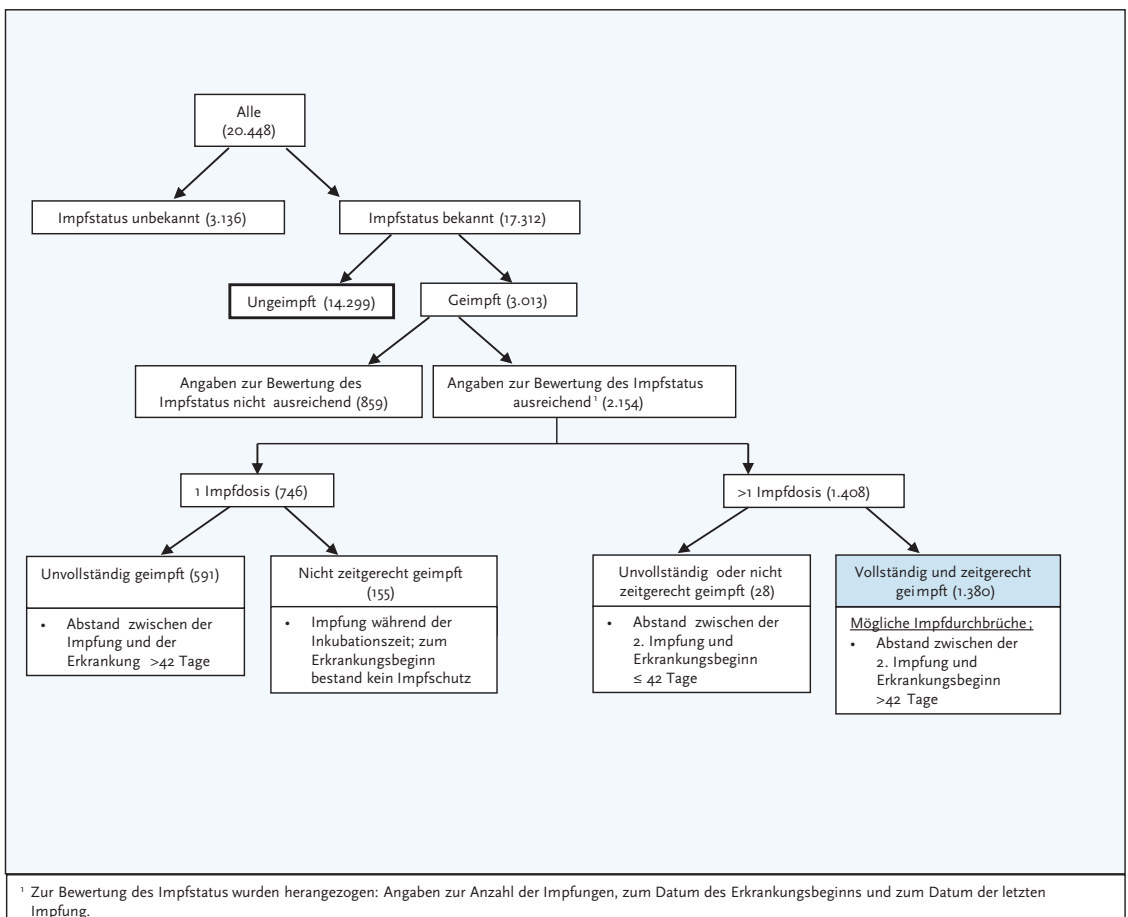


Angaben zum Impfschutz lagen bei 17.312 (85 %) von 20.448 Erkrankungen vor; die meisten Erkrankten (n=14.299; 83 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 3.013 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 859 (29 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide: 313-mal lagen gar keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen vor, 546-mal war das Impfdatum nicht angegeben worden oder nicht plausibel (Impfung nach Erkrankungsbeginn oder vor Impfstoffverfügbarkeit), sodass für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfstatus zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenom-

men werden konnte. Von den 2.154 verbleibenden Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfstatus waren 155 während der Inkubationszeit erstmalig geimpft. Für 591 Erkrankte kann ein unvollständiger Impfschutz mit nur einer Impfung zum Zeitpunkt der Infektion angenommen werden. Unvollständig geimpft waren auch 28 Erkrankte, die ihre letzte Impfung weniger als 42 Tage vor Erkrankungsbeginn erhalten hatten. Als mögliche Impfdurchbrüche müssen 1.380 Erkrankungen (8 % der Fälle mit Angaben zum Impfstatus) nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.60.4).

Abb. 6.60.4

Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2018 (n=20.448)



Ausbrüche

Etwa 23 % ($n=4.768$) der Erkrankungen waren insgesamt 1.134 Häufungen zugeordnet. Damit ist trotz der insgesamt niedrigeren Fallzahl die Zahl der übermittelten Häufungen und darin erfassten Fälle höher als im Vorjahr (2017: 1.082 Häufungen mit 4.612 Fällen). Im Jahr 2018 gab es 248 Häufungen mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen, die zusammen 2.584 Erkrankungen umfassten. Der größte registrierte Ausbruch mit 160 Fällen ereignete sich von November 2018 bis Januar 2019 im Landkreis Aichach-Friedberg. Hier waren 159 Kinder im Alter von 0 bis 14 Jahren und eine 38-Jährige erkrankt, der Altersmedian lag bei 5 Jahren. Weitere größere Häufungen gab es mit 52 Fällen im Stadtkreis Düsseldorf im Zeitraum von November 2018 bis Februar 2019 (betroffen waren 51 Kinder im Alter von 2 bis 15 Jahren und eine 26-Jährige, Altersmedian 7 Jahre), im Landkreis Roth von Oktober bis Dezember 2018 (35 Kinder im Alter von 0 bis 14 Jahren, eine 47-Jährige, Altersmedian 5 Jahre) sowie im Ennepe-Ruhr Kreis von August bis Oktober 2018 (33 Kinder von 0 bis 10 Jahren, Altersmedian 6 Jahre).

Datenqualität

Eine genaue Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Herpes Zoster, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, ist schwierig. Die Zuordnung erfolgte aufgrund der übermittelten klinischen Kriterien.

Fazit

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Fallzahlen. Der leichte Inzidenzrückgang kann sowohl auf Erfolge der Impfung als auch auf natürliche Schwankungen in der Erregerzirkulation zurückzuführen sein. Die großen Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern deuten zum einen auf eine noch unterschiedliche Umsetzung der Meldepflicht hin, sind aber auch durch regionale Ausbrüche sowie durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst.

Die Bundesländer mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen 2018 (Mecklenburg-Vorpommern und das Saarland) gehörten zu den Bundesländern mit den höchsten Windpocken-Impfquoten zum Schuleingang 2017. Umgekehrt gehörten die Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten

(Bremen, Sachsen, Bayern, Baden-Württemberg) zu den Bundesländern, deren Windpocken-Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt lagen.

Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2018 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 10 Jahren eine Impfempfehlung besteht. Weniger als 10 % der übermittelten Windpocken-Erkrankungen war vollständig geimpft. Erkrankungen nach 2-maliger Impfung sind in der Regel mild verlaufend mit geringerer Pustelbildung. In Laboruntersuchungen von Pustelabstrichen von Geimpften mit klinischem Bild für Windpocken waren die Proben von 2-mal Geimpften in der Regel häufiger negativ als die einmal Geimpften. Das spricht zum einen dafür, dass bei 2-mal Geimpften das klinische Bild häufig falsch positiv für Windpocken gewertet wird. Zum anderen ist das Virus bei 2-mal Geimpften offenbar nur über einen sehr kurzen Zeitraum nachweisbar, so dass auch die Übertragungswahrscheinlichkeit geringer ist. Windpocken führen häufig zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lange anhalten können und damit nicht nur den normalen Betrieb der Einrichtungen empfindlich beeinträchtigen, sondern es werden auch besonders vulnerable Gruppen (z. B. Säuglinge, ungeschützte Schwangere oder Personen mit geschwächtem Immunsystem), bei denen die Erkrankung in der Regel einen schweren Verlauf nimmt, einem erhöhten Risiko ausgesetzt, an Windpocken zu erkranken.

Literaturhinweise

- Harder T, Siedler A: *Systematic review and meta-analysis of chickenpox vaccination and risk of herpes zoster: a quantitative view on the „exogenous boosting hypothesis“*. Clin Infect Dis 2018. doi: 10.1093/cid/ciy1099
- Rieck T, Feig M, an der Heiden M, Siedler A, Wichmann O: *Assessing varicella vaccine effectiveness and its influencing factors using health insurance claims data, Germany, 2006 to 2015*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.17.30521
- Siedler A, Rieck T: *Varizellenimpfempfehlungen der Ständigen Impfkommission werden befolgt*. Monatsschr Kinderheilkd 2018. doi: 10.1007/s00112-018-0472-8
- Hecht J, Siedler A: *Die Epidemiologie der Varizellen in Deutschland unter Einfluss der Varizellen-Impfempfehlung. Auswertung der Sentinel- und Meldepflichtdaten 2002–2014*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:118–126.

- Siedler A, Rieck T, Tolksdorf K: *Strong Additional Effect of a Second Varicella Vaccine Dose in Children in Germany, 2009–2014*. J Pediatr 2016; 173:202–206.
- Siedler A, Dettmann M, Tolksdorf K, Polte C, Walter C, Ehlers B: *Laboratory investigations of vaccinated patients with varicella*. Vaccine 2015; 33:1968–1973. doi: 10.1016/j.vaccine.2015.02.057
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2017*. Epid Bull 2019; 18:147–153.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2018/2019*. Epid Bull 2018; 34:335–382.
- RKI: *Ergebnisse der Modellierung langfristiger epidemiologischer Auswirkungen der Varizellenimpfung in Deutschland*. Epid Bull 2016; 19:167–169.
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.61 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 2.384
- ▶ Deutliche Abnahme der Fallzahlen bis 2012; seit 2012 zwischen 2.400 und 2.800 Erkrankungen/Jahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede bei Kindern unter 5 Jahren zwischen den Bundesländern
- ▶ 11 Ausbrüche mit 23 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia*, insbesondere *Y. enterocolitica*, seltener durch *Y. pseudotuberculosis*, hervorgeru-

fen. Die Infektion kann über kontaminierte Lebensmittel vorwiegend tierischer Herkunft, kontaminiertes Trinkwasser oder in seltenen Fällen direkt über infizierte Personen erfolgen. Zum klinischen Bild gehören u. a. Durchfälle, Bauchschmerzen und Fieber. Als Folgeerkrankungen können Gelenkentzündungen (reaktive Arthritis) oder Entzündungen des Unterhautfettgewebes (Erythema nodosum) auftreten.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Yersiniose-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.61.1). Seit einer Änderung des Infektionsschutzgesetzes im Juli 2017 sind zusätzlich zum Nachweis von *Y. enterocolitica* auch Nachweise von anderen darmpathogenen Yersinien meldepflichtig geworden. Damit werden nun auch *Y. pseudotuberculosis*-Infektionen erfasst.

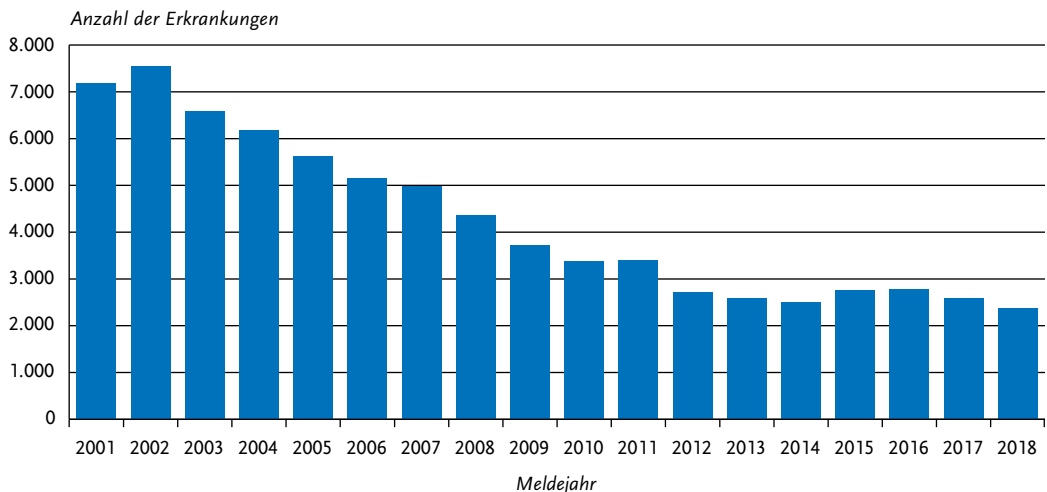
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2018 wurden 2.384 Erkrankungen übermittelt (2017: 2.587). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz ist im Vergleich zum Vorjahr leicht gesunken. Nach einem stetig fallenden Trend der Erkrankungszahlen seit 2002, mit Ausnahme von 2011, ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen seit 2012 in etwa gleich geblieben (zwischen 2.400 und 2.800 Erkrankungen) (s. Abb. 6.61.1). Die höchsten Fallzahlen wurden in den Monaten Januar (253 Erkrankungen), Mai (263) und Juni (269) verzeichnet. Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war jedoch nicht erkennbar.

Tab. 6.61.1: Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 und 2018

Kategorie	2017		2018	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	7	0%	4	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.580	90%	2.380	88%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	70	2%	54	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	217	8%	252	9%
alle	2.874	100%	2.690	100%
Referenzdefinition (B+C)	2.587	90%	2.384	89%

Abb. 6.61.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2018



Geografische Verteilung

In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Hessen und Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2018 über der bundesweiten Inzidenz (2,9 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (10), Sachsen (9) und Sachsen-Anhalt (6) registriert (Abb. 6.61.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 79; Sachsen: 50; Sachsen-Anhalt: 38). In 5 Bundesländern lag die Inzidenz 2018 über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre, und zwar in Mecklenburg-Vorpommern (27%), Hessen (20%), Berlin (19%), Sachsen (11%) und im Saarland (6%). In den übrigen Bundesländern war im Vergleich zum Median der Vorjahre ein Rückgang zu verzeichnen oder die Inzidenz blieb gleich. Die relative Abnahme der Inzidenz war in Schleswig-Holstein (46%), Hamburg (43%) und Bremen (30%) am größten (s. Abb. 6.61.2).

Bei 1.249 Erkrankungen (52%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 91% der Nennungen auf Deutschland und 5% auf ein anderes europäisches Land entfielen. Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (14 Nennungen), Kroatien (11), Frankreich (9), Österreich und Ita-

lien (jeweils 5). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden Ägypten (8), Kuba und die Türkei (jeweils 5) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigt die höchsten Werte bei Kindern unter 5 Jahren mit einem Gipfel bei den Ein- und 2-Jährigen. Die Inzidenz geht mit zunehmendem Alter zurück und verbleibt im Erwachsenenalter auf niedrigem Niveau (s. Abb. 6.61.3). Männliche Personen (54%) waren häufiger betroffen als weibliche Personen (46%) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (3,1 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,6).

Nachgewiesene Erreger

Für 2.066 Erkrankungen (87%) wurden die *Yersinia*-Spezies übermittelt. Bei den Yersiniosen mit einer Angabe zur Spezies wurde am häufigsten *Y. enterocolitica* (90%) genannt. Bei 1.103 (85%) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (8,5%, n=110) oder O:5,27 (3,6%, n=47) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 2,4% der Erkrankungen nachgewiesen (n=31). Die Spezies *Y. pseudotuberculosis* sowie *Y. frederiksenii* wurden

Abb. 6.61.2:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2018 (n=2.384) im Vergleich mit den Vorjahren

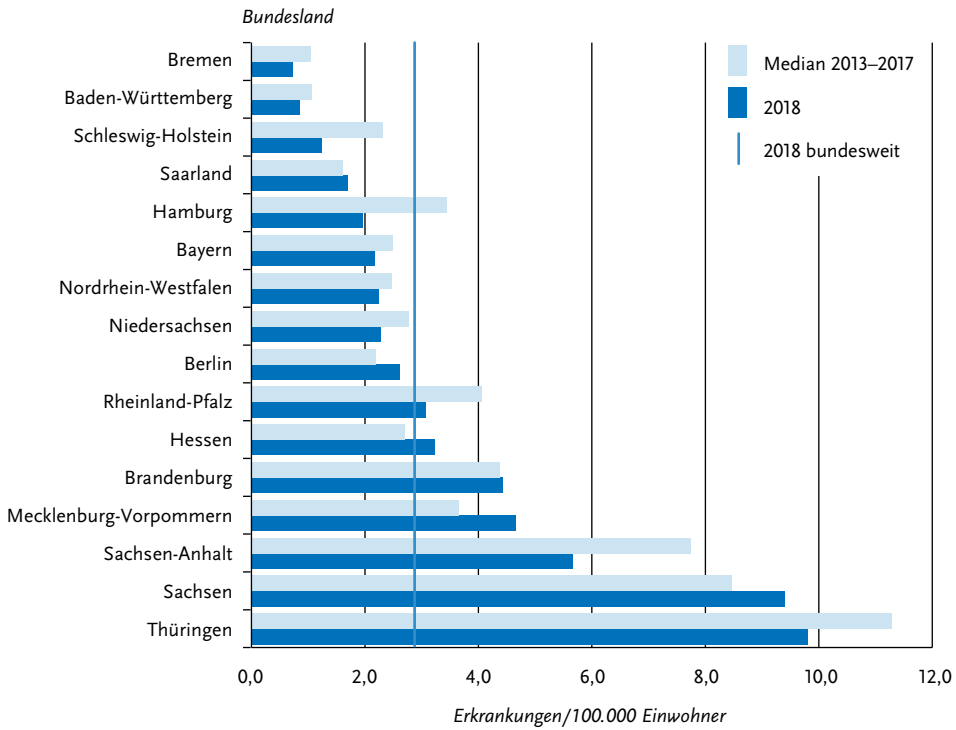
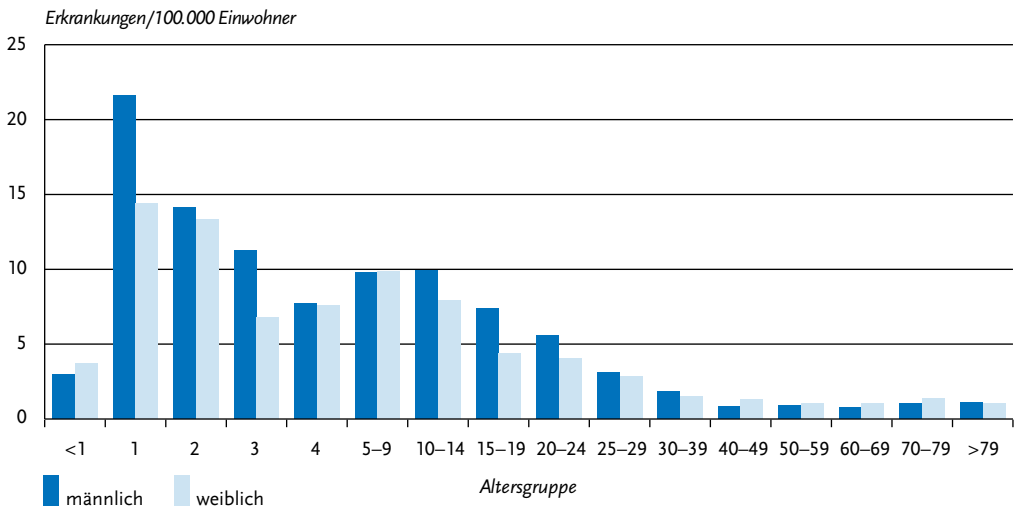


Abb. 6.61.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2018 (n=2.374)



bei jeweils 14 Erkrankungen genannt (jeweils 0,7% der Yersiniosen mit Angabe zur Spezies). Andere Spezies, z. B. *Y. bercovieri*, *Y. aleksiciae* und *Y. kristensenii*, wurden bei jeweils 1 bis 4 Erkrankungen genannt oder die Speziesangaben waren unspezifisch („andere/sonstige“ bei 166 Erkrankungen).

Klinische Aspekte

Für 2.372 Yersiniosen (99,5%) wurden Symptome angegeben (5.143 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (86%), Bauchschmerzen (78%) und Fieber (34%). Im Jahr 2018 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als „krankheitsbedingt verstorben“ übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 11 Ausbrüche mit insgesamt 23 Erkrankungen übermittelt (2017: 10 Ausbrüche mit 22 Erkrankungen). In einem Ausbruch waren 3 Personen betroffen, in 10 Ausbrüchen jeweils nur 2 Personen. Von den Ausbrüchen mit Angaben zum Infektionsumfeld (n=10) ereigneten sich die meisten (n=9) in Privathaushalten.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hatte in den Jahren von 2002 bis 2012, mit Ausnahme von 2011, kontinuierlich abgenommen. Seit 2012 schwankt die jährliche Anzahl der Erkrankungen im Bereich zwischen etwa 2.400 und 2.800. Nach wie vor sind Kinder unter 5 Jahren am häufigsten betroffen. Vor allem in dieser Altersgruppe gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern.

Literaturhinweise

- Rosner BM, Werber D, Höhle M, Stark K: *Clinical aspects and self-reported symptoms of sequelae of Yersinia enterocolitica infections in a population-based study, Germany 2009–2010*. BMC Infect Dis 2013; 13:112.
- Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections, Germany 2009–2010*. Epidemiol Infect 2012; 140:1738–1747.
- Rosner BM, Stark K, Werber D: *Epidemiology of reported Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001–2008*. BMC Public Health 2010; 10:337.
- RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012; 6:47–51.
- RKI-Ratgeber (2019). Journal; www.rki.de/ratgeber

6.62 Zikavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2018: 18
- ▶ Deutliche Abnahme der übermittelten Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Erkrankungen v.a. aus der Karibik importiert; 2 Erkrankungen bei einem Laborunfall in Deutschland erworben
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen 21 bis 65 Jahre

Kurzbeschreibung

Das Zikavirus wird vorwiegend von *Aedes-aegypti*-Mücken in vielen Ländern der Tropen und der tropennahen Subtropen übertragen. Auch die sexuelle Übertragung ist möglich. Spätestens 2015 kam es zu einer Einschleppung auf den amerikanischen Kontinent und in Folge zu großen Ausbrüchen in vielen Ländern Süd- und Mittelamerikas bis in die südlichen USA. Zikavirus kann eine akute Erkrankung verursachen, die meist nur mit mildem Fieber, Hautausschlag und Kopf- und Gliederschmerzen einhergeht. Viele Infektionen bleiben völlig asymptomatisch. Schwere Verläufe oder Todesfälle sind extrem selten. Durch Übertritt des Virus auf den Fötus, vor allem in der frühen Schwangerschaft, kann es zu schweren Fehlbildungen beim Kind kommen (z. B. Mikrozephalie). Die Prävention konzentriert sich deshalb darauf, die Infektion von Schwangeren zu verhindern. Ein Impfstoff ist noch nicht verfügbar.

Falldefinition

Infektionen mit Zikavirus wurden erstmalig 2015 vereinzelt auf Basis des § 7 Abs. 2 IfSG gemeldet. Seit dem 01.05.2016 besteht eine Meldepflicht für labordiagnostizierte akute Infektionen gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung. Die elektronische Übermittlung der Fälle an das RKI war zunächst nur in einer Auffangkategorie möglich, in der z. B. kaum strukturierte Daten zu Symptomen und zum Labornachweis eingegeben werden konnten. Seit 2018 konnten alle Gesundheitsämter Fälle in der neuen Zikavirus-Kategorie übermitteln. Für die Referenzdefinition werden alle Erkrankungen gewertet, die mit einem Labor-

nachweis übermittelt wurden und die die klinische Falldefinition erfüllen. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle wurden ausgeschlossen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2018 wurden 18 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2017: 68, 2016: 222). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr deutlich von 0,08 auf 0,02 Erkrankungen/100.000 Einwohner gesunken.

Die höchste Anzahl an Erkrankungen wurden im Januar (8), Februar (3) und Oktober (2) übermittelt.

Geografische Verteilung

Zikavirus-Erkrankungen wurden aus 9 Bundesländern übermittelt: 5 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 4 Fälle aus Baden-Württemberg, jeweils 2 Fälle aus Bayern und Sachsen-Anhalt und jeweils ein Fall aus Brandenburg, Berlin, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Sachsen.

Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen 9-mal (50 %) in der Karibik, 4-mal (22 %) in Asien, 2-mal (11 %) in Afrika, 1-mal (6 %) auf dem südamerikanischen Festland und 2-mal in Deutschland. Beide in Deutschland erworbene Fälle wurden im Rahmen eines Unfalls in einem Forschungslabor für Zikaviren über Schnittverletzungen übertragen.

Die genannten wahrscheinlichen Infektionsländer außerhalb Europas waren Kuba (8 Nennungen) und jeweils ein Fall aus der Dominikanischen Republik, Thailand, Malediven, Philippinen, Brasilien und Ghana.

Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 9 (50 %) Frauen und 9 (50 %) Männer. Die Altersspanne betrug 21 bis 65 Jahre. Zwölf (67 %) Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen auf, davon waren 8 Frauen. In der Altersgruppe der 40 bis 65-Jährigen wurden 6 (33 %) Fälle diagnostiziert. Hier wurden Männer mit 5 Fällen häufiger übermittelt.

Klinische Aspekte

Ein Guillain-Barré-Syndrom wurde bei keinem Fall übermittelt. Von 15 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 2 Erkrankungen (13 %) eine Hospitalisierung vermerkt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass neben asymptomatischen Infektionen auch viele Erkrankungen mit wenigen oder leichteren Symptomen ohne Labordiagnose und damit ohne Meldung blieben. Der höhere Anteil junger erwachsener Frauen ist vermutlich Ausdruck des größeren Anreizes, auch bei leichten Symptomen eine labordiagnostische Diagnose einzuholen (unter dem Aspekt einer bestehenden oder geplanten Schwangerschaft).

Fazit

Im Jahr 2018 wurden nochmalig deutlich weniger Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Dies ist vermutlich mit dem Rückgang der Zikavirus-Zirkulation in Amerika, aber auch mit einer zurückgegangenen Aufmerksamkeit zu erklären.

Reisende aus Deutschland waren 2018 vor allem in Kuba betroffen, aber auch in anderen Ländern der Karibik, in Asien, Afrika und dem südamerikanischen Festland. Die Anzahl der nach Deutschland importierten Zikavirus-Infektionen hängt stark von der Schwankungen unterworfenen epidemiologischen Situation in den Reiseländern sowie der Veränderung von Reisesströmen ab.

Literaturhinweise

- Frank C, Faber M, Stark K: *Causal or not: applying the Bradford Hill aspects of evidence to the association between Zika virus and microcephaly*. EMBO Mol Med 2016; 8:305–307.
- Frank C, Cadar D, Schlaphof A, et al.: *Sexual transmission of Zika virus in Germany, April 2016*. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.23.30252
- Wilkling H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Arztebl 2016; 113:547–549.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2017*. Epid Bull 2018; 44:467–475.
- RKI: *Zikavirus-Infektion bei einer Reiserückkehrerin aus Vietnam*. Epid Bull 2016; 42:467.

6.63 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Middle East Respiratory Syndrome (MERS)

Kurzbeschreibung

Das Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) ist seit dem Jahr 2012 bekannt, als es erstmals bei einem in Jeddah, Saudi-Arabien, behandelten Patienten mit akuter Pneumonie und Nierenversagen identifiziert wurde. Bis zum 20.02.2019 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 2.358 Fälle, davon starben 856 (36%). Zwischen dem 20.12.2017 und 19.12.2018 wurden 152 Fälle, darunter 49 Todesfälle aus Saudi-Arabien, Malaysia, den Vereinigten Arabischen Emiraten, Oman, dem Vereinigte Königreich und Südkorea gemeldet.

Ein Großteil der bekannten Fälle mit Information zu Alter und Geschlecht waren über 40 Jahre alte Männer. Das Erkrankungs- und demografische Spektrum der bekannten Fälle ist stark durch Surveillance-Aktivitäten und die dabei angewendeten Falldefinitionen beeinflusst. Eine typische Erkrankung beginnt mit Fieber und Husten, gefolgt von Atemnot. Häufig treten auch gastrointestinale Symptome auf. Die meisten Patienten entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitsspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der Patienten, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzerkrankung.

Sämtliche bekannten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch der große südkoreanische Ausbruch im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien, welches etwa 80% aller Erkrankungen an die WHO meldete, berichteten 26 weitere Länder von mindestens einem Fall. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

Das epidemiologische Profil hat sich im Jahr 2018 nicht geändert. Nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft sind Dromedare die wichtigste Wirtspezies für MERS-CoV und stellen die bisher einzige nachgewiesene Quelle für zoonotische menschliche Erkrankungen dar. Erkrankungen beim Menschen ereignen sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare (als Zoonose) und sind vermutlich auch der Ausgangspunkt für Häufungen (Cluster). Dennoch können infizierte Dromedare selbst völlig symptomlos sein. Sowohl ihre genaue Rolle bei der Übertragung des Virus als auch die genauen Übertragungswege sind noch unbekannt.

Hauptsächlich erfolgte die Übertragung bei den meisten Erkrankungen jedoch von Mensch zu Mensch, insbesondere unter Besuchern, Patienten oder Mitarbeitern von Gesundheitseinrichtungen, in denen Patienten mit MERS vorstellig, gepflegt oder behandelt wurden. Bis jetzt wurden die meisten Fälle im Rahmen von Krankenhaus-Ausbrüchen gemeldet.

Bei einigen dieser Ausbrüche waren mehr als 100 Personen betroffen. Nach 2 großen Krankenhaus-assoziierten Ausbrüchen in Südkorea und Riad (Saudi-Arabien) im Jahr 2015 ereigneten sich auch in den Folgejahren wieder – allerdings eher kleinere – Krankenhaus-assoziierte Ausbrüche. Aufgrund verbesserter Infektionspräventions- und Kontrollpraktiken in den Krankenhäusern ist die Anzahl der im Krankenhaus erworbenen Fälle von MERS im Vergleich zu den Vorjahren deutlich zurückgegangen. Übertragungen im Haushaltsbereich sind dokumentiert, kommen jedoch seltener vor. Bei einem nicht unerheblichen Teil der Infektionen war die Infektionsquelle unbekannt, da keiner der genannten Übertragungswege in Zusammenhang mit den Infektionen gebracht werden konnte. Wichtig für die globale Risikoeinschätzung – aber auch für Deutschland – ist, dass es bisher noch keine Hinweise auf eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch gibt, auch nicht in Ländern der arabischen Halbinsel.

Situation in Deutschland

Nach Deutschland importierte Erkrankungen sind jederzeit möglich, da ca. 1 Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland einfliegen. Touristen, die

die arabische Halbinsel besuchen, sind vor allem dann einem erhöhten Risiko ausgesetzt, wenn sie Kamelmärkte besuchen, Kamelmilch konsumieren, oder auf andere Art und Weise Kontakt mit dromedarischen Kamelen, deren Produkten oder Ausscheidungen haben. Im Oktober 2012 und im März 2013 wurden 2 Patienten, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt, davon verstarb ein Patient. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab in keinem der beiden Fälle einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal ein MERS-Fall diagnostiziert. Es handelte sich um einen 65 Jahre alten Deutschen, der sich vermutlich beim Besuch eines Kamelmarktes in den Vereinigten Arabischen Emiraten infiziert hatte und an den Spätfolgen der Erkrankung verstarb. Im Jahr 2018 wurde kein MERS-Fall in Deutschland übermittelt.

Buchholz U, Muller MA, Nitsche A, Sanewski A, Wevering N, Bauer-Balci T: *Contact investigation of a case of human novel coronavirus infection treated in a German hospital, October-November 2012*. Euro Surveill 2013. doi: 10.2807/ese.18.08.20406-en
RKI: *Webseite zu MERS*. www.rki.de/mers

Literaturhinweise

- Patrick D, Rahman MM, Faruque P, Morse SS: *What Have We Learned About Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus Emergence in Humans? A Systematic Literature Review*. Vector Borne Zoonotic Dis 2019. doi: 10.1089/vbz.2017.2191
- Cho H, Excler JL, Kim JH, Yoon IK: *Development of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus vaccines – advances and challenges*. Hum Vaccin Immunother 2018; 1:304-313. doi: 10.1080/21645515.2017.1389362
- Al-Osail AM, Al-Wazzah MJ: *The history and epidemiology of Middle East respiratory syndrome corona virus*. Multidisciplinary Respiratory Medicine. 2017;12(1):20. Multidiscip Respir Med 2017; 12. doi: 10.1186/s40248-017-0101-8
- WHO (2018): *Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)*. www.who.int/emergencies/mers-cov/en
- Majumder MS, Brownstein JS, Finkelstein SN, Larson RC, Bourouiba L: *Nosocomial amplification of MERS-coronavirus in South Korea, 2015*. Trans R Soc Trop Med Hyg 2017; 111:261–269. doi: 10.1093/trstmh/trx046
- Arabi YM, Balkhy HH, Hayden FG, et al.: *Middle East Respiratory Syndrome*. N Engl J Med 2017; 376:584–594. doi: 10.1056/NEJM1408795
- ECDC: *Severe respiratory disease associated with Middle East respiratory syndrome coronavirus, 22nd update. Rapid Risk assessment*. 2018. <https://ecdc.europa.eu/sites/portal/files/documents/RRA-Severe-respiratory-disease-associated-MERS-CoV-22nd%20update-29-aug-2018.pdf>
- Reuss A, Litterst A, Drosten C, et al.: *Contact investigation for imported case of Middle East respiratory syndrome, Germany*. Emerg Infect Dis 2014; 20:620–625. doi: 10.3201/eid2004.131375

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018
Robert Koch-Institut, Berlin, 2019

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin Internet: www.rki.de
E-Mail: zentrale@rki.de
Twitter: [@rki_de](https://twitter.com/rki_de)

Redaktion

Mona Askar, Abteilung für Infektionsepidemiologie

Satz

L101 Mediengestaltung, Fürstenwalde/Spree

Druck

ruksaldruck, Berlin

Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist online abrufbar unter www.rki.de/jahrbuch.
Es kann gegen Einsendung eines rückadressierten und mit 2,70 € frankierten Umschlags
(DIN A4) angefordert werden bei:
Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektionsepidemiologie, Kennwort »Jahrbuch«,
Nordufer 20, 13353 Berlin

Nachdruck

Nachdrucke aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch sowie die Verwendung von Daten aus
SurvStat@RKI in Veröffentlichungen sind unter Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen
Zwecken. Ein Belegexemplar wird erbeten.

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018,
Berlin 2019

ISBN

ISBN: 978-3-89606-297-0
DOI: 10.25646/5978

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie;
detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.dnb.de> abrufbar.



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

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die bundesweit einheitlich erfassten und an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet. Grundlage dazu ist das Infektionsschutzgesetz, welches auch festlegt, dass das RKI Falldefinitionen erstellt. Auf deren Grundlage wird an den Gesundheitsämtern entschieden, welche eingegangenen Meldungen an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Diese Daten werden jedes Jahr zusammengestellt und in diesem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht.