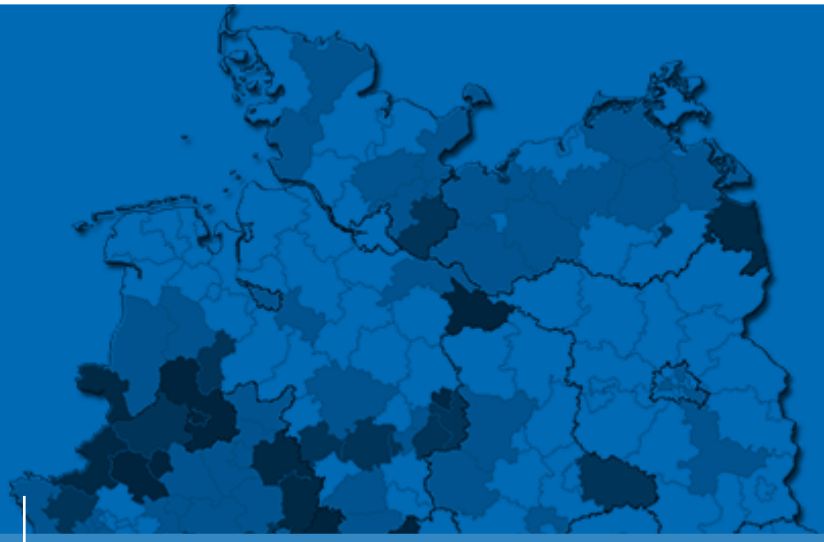
ROBERT KOCH INSTITUT



Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019

Datenstand: 1. März 2020

Vorwort

Die COVID-19-Pandemie verdeutlicht in nie dagewesenem Maße die Bedeutung des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) für den Infektionsschutz in Deutschland. Dabei übernimmt der ÖGD zentrale Aufgaben bei der Gesundheitsförderung, Prävention, Kontrolle und Eindämmung von Krankheiten und ist zentraler Knotenpunkt der Pandemiebewältigung. Die Daten aus dem Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz bilden dabei eine wichtige Grundlage für die Bewertung der aktuellen epidemiologischen Situation sowie für die Evaluation der Wirksamkeit von Empfehlungen und Maßnahmen.

Die Daten werden mit großem Aufwand von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt und dienen als Grundlage für die Bewertung und Entscheidung über notwendige Maßnahmen. Und dies war bereits vor der COVID-19-Pandemie der Fall – nur fand diese Leistung nicht die gebührende Beachtung. Um bei knappen personellen Ressourcen den Fokus auf den Infektionsschutz legen zu können, sollen die Gesundheitsämter durch die weitere Digitalisierung von Arbeitsprozessen merkbar entlastet werden. Das RKI unterstützt seit vielen Jahren gemeinsam mit vielen Kooperationspartnern die Entwicklung von digitalen Tools und ein wesentlicher Meilenstein wurde mit dem Ausrollen der ersten Ausbaustufe des Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystems für den Infektionsschutz (DEMIS) im Juni 2020 bereits erreicht. Das hätte schon deutlich früher der Fall sein können, nur fehlte die adäquate Unterstützung. Nun ist sie da – wir sollten diese Chance mit aller Kraft nutzen. Auch für diese zusätzliche Leistung gebührt allen Tatkräftigen mein großer Dank.

Mit dem vorliegenden Jahrbuch möchte ich Ihnen erneut die Möglichkeit geben einen strukturierten Blick auf die Meldedaten des vergangenen Jahres zu werfen. Die Meldedaten werden in bewährter Weise mit den Daten der Vorjahre ins Verhältnis gesetzt, aber auch mit verschiedenen Daten anderer Krankheiten verglichen. Als Änderung wurde in diesem Jahr eine weiterentwickelte Darstellung der Impfabbildungen eingeführt. Die reduzierte Darstellung soll die wesentlichen Aspekte der Impfabbildungen in den Mittelpunkt rücken.

Im letzten Jahr war das Auftreten der ersten mutmaßlich durch Mücken übertragenen dokumentierten West-Nil-Virus-Infektionen ein Novum. Offenbar ist das Virus in der Lage in Deutschland zu überwintern und wird vor allem durch die in Deutschland weit verbreitete Stechmücke der Gattung *Culex* übertragen. Zudem legt der hohe Anteil der neuroinvasiven Erkrankungen unter den übermittelten Fällen eine hohe Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe nahe. Die Untererfassung ist eine grundsätzliche Problematik, die uns Fachleuten wohlbekannt ist. Die COVID-19-Pandemie ist auch hier ein echter Treiber der Erkenntnis für die Allgemeinbevölkerung: plötzlich erkennen viele dieses Phänomen und erwarten Lösungen, an denen in den vorhergehenden Jahrzehnten wenig Interesse bestand. Auch diese Chance sollten wir zukünftig intensiver nutzen, um die Bedeutung der von uns allen gewonnenen Daten noch stärker in das Bewusstsein zu rücken. Das Auftreten von autochthonen Infektionen von bisher typischerweise reiseassoziierten Krankheiten stellt darüber hinaus eine neue Herausforderung dar, die es in den kommenden Jahren sorgfältig zu beobachten gilt.

Glücklicherweise nimmt auch die Bedeutung der molekularen Surveillance in den letzten Jahren immer weiter zu. Plötzlich haben so manche Entscheider Interesse an den Erkenntnissen, die ausschließlich durch Genomanalysen gewonnen werden können. Während die Nachweise von SARS-CoV-2 mit einer kaum je dagewesenen Intensität verfolgt werden, nehmen seit Jahren die übermittelten Angaben zur Erregertypisierung, wie beispielsweise bei EHEC-Erkrankung, HUS oder Listeriose, stetig ab, wodurch die Ausbruchserkennung erschwert wird. Weitergehende Typisierungsergebnisse sind aber oftmals essenziell für eine valide Beurteilung der epidemiologischen Lage. So können beispielsweise mögliche Veränderungen des Erregerspektrums (z.B. Informationen zum vorliegenden Kapseltyp bei *Haemophilus-influenzae*-Infektionen) nur beurteilt werden, wenn genügend Information vorliegen. Auch bei Masern

spielt die Nachverfolgung von Infektionsketten auf Basis der Ergebnisse der Genotypisierung eine entscheidende Rolle, um den Fortschritt der Elimination bewerten zu können.

Gerade im Hinblick auf die Bemühungen um einen Ausbau der molekularen Surveillance in Deutschland sollten hier zukünftig Verbesserungen bei der Erfassung von Typisierungsergebnissen umgesetzt werden. Auch führt die COVID-19-Pandemie hoffentlich endlich zu einer dauerhaften Beschleunigung der Implementierung lange etablierter Methoden.

Weshalb veröffentlichen wir selbst in Zeiten einer globalen Pandemie das Infektionsepidemiologische Jahrbuch in dieser Form? Die hier veröffentlichen, gemäß IfSG erhobenen Daten wurden mit hohem Aufwand und Arbeitseinsatz von vielen Beteiligten des ÖGD zusammengetragen und bilden die Evidenzgrundlage für differenzierte Public-Health-Entscheidungen. Als solche sollten sie selbst in Zeiten größter Arbeitsbelastung gewürdigt und verfügbar gemacht werden. Wir werden aber nicht ruhen und weiterhin unsere Kraft dafür einsetzen, dass diese Daten zukünftig auch vermehrt mittels anschaulicher Dashboards visualisiert werden.

Allen Beteiligten gilt auch in diesem Jahr – und ganz besonders in diesen Zeiten der Pandemie – mein Dank für Ihren außerordentlich wichtigen Beitrag. Ohne Ihren unermüdlichen Einsatz wäre weder die erfolgreiche Umsetzung des Infektionsschutzes in Deutschland, noch die Erstellung dieses Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs möglich.

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

Inhalt

Vorwort ... 3
Inhalt ... 5
Beteiligte Mitarbeitende ... 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 ... 26
3 Datenqualität ... 27
3.1 EDV-technische Unterstützung ... 27
3.2 Sicherung der Datenqualität ... 27
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung ... 28
3.4 Vollständigkeit der Datensätze ... 31
3.5 Zeitnähe ... 32
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 ... 46
6 Spezielle Krankheiten ... 51
6.1 *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ... 51
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis ... 55
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige ... 59
6.4 Botulismus ... 60
6.5 Brucellose ... 61
6.6 *Campylobacter*-Enteritis ... 62
6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung ... 66
6.8 Cholera ... 67
6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) ... 68
6.10 *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform ... 70
6.11 Denguefieber ... 74
6.12 Diphtherie ... 77
6.13 Echinokokkose ... 79
6.14 EHEC-Erkrankung ... 82
6.15 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ... 86
6.16 Fleckfieber ... 91
6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) ... 92

6.18 Giardiasis ... 97
6.19 *Haemophilus influenzae*, invasive Infektion ... 100
6.20 Hantavirus-Erkrankung ... 104
6.21 Hepatitis A ... 107
6.22 Hepatitis B ... 113
6.23 Hepatitis C ... 119
6.24 Hepatitis D ... 124
6.25 Hepatitis E ... 126
6.26 HIV-Infektion ... 128
6.27 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch ... 134
6.28 Influenza ... 137
6.29 Keuchhusten ... 146
6.30 Kryptosporidiose ... 152
6.31 Läuserückfallfieber ... 156
6.32 Legionellose ... 156
6.33 Lepra ... 162
6.34 Leptospirose ... 163
6.35 Listeriose ... 165
6.36 Malaria ... 169
6.37 Masern ... 172
6.38 Meningokokken, invasive Infektion ... 179
6.39 Milzbrand ... 185
6.40 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion ... 185
6.41 Mumps ... 189
6.42 Norovirus-Gastroenteritis ... 194
6.43 Ornithose ... 198
6.44 Paratyphus ... 199
6.45 Pest ... 201
6.46 Poliomyelitis ... 201
6.47 Q-Fieber ... 202
6.48 Rotavirus-Gastroenteritis ... 204
6.49 Röteln ... 210
6.50 Salmonellose ... 214
6.51 Shigellose ... 218
6.52 Syphilis ... 222
6.53 Tollwut ... 226
6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion ... 226
6.55 Trichinellose ... 227
6.56 Tuberkulose ... 228
6.57 Tularämie ... 233
6.58 Typhus abdominalis ... 234
6.59 Virale Hämorrhagische Fieber ... 236
6.60 West-Nil-Virus-Erkrankung ... 238
6.61 Windpocken ... 240
6.62 Yersiniose ... 245
6.63 Zikavirus-Erkrankung ... 248
6.64 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung ... 250

Impressum ... 255

Autoren

Mona Askar
Susanne Behnke
Sonia Boender
Michael Brandl
Viviane Bremer
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Wei Cai
Tanja Charles
Michaela Diercke
Sandra Dudareva
Tim Eckmanns
Julia Enkelmann
Werner Espelage
Mirko Faber
Christina Frank
Luise Goerlitz
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Wiebke Hellenbrand
Alexandra Holzer
Klaus Jansen
Anja Klingeberg
Judith Koch
Katrin Kremer
Teresa Kreusch
Wiebe Külper-Schiek
Raskit Lachmann
Anna Maisa
Ulrich Marcus
Adine Marquis
Dorothea Matysiak-Klose
Anika Meinen
Kai Michaelis
Felix Moek
Inge Mücke
Nadine Muller
Kirsten Pörtner
Felix Reichert
Annicka Reuß
Ute Rexroth
Bettina Rosner
Julia Schilling
Nicole Schmidt
Viktoria Schönfeld
Anette Siedler
Doreen Staat
Klaus Stark
Gyde Steffen
Sabine Vygen-Bonnet
Hendrik Wilking
Aryna Zanuzdana
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Mona Askar
Hermann Claus
Michaela Diercke
Inge Mücke
Ute Rexroth
Meike Schöll

Weitere Mitarbeitende

Kerstin Dehmel
Inessa Markus
Sabine Ritter
Andrea Sailer
Madlen Schranz
Hartwig Wehrmeyer

Abkürzungen

Abs.	Absatz
AGI	Arbeitsgemeinschaft Influenza
AIDS	Acquired Immune Deficiency Syndrome (erworbenes Immundefizienz-Syndrom)
AK	Antikörper
CJK (CJD)	Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (Creutzfeldt-Jakob Disease)
COVID-19	Coronavirus-Krankheit-2019
DEMIS	Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EHEC	Enterohämorrhagische *Escherichia coli*
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
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 *Staphylococcus aureus*
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
SARS-CoV-2	Severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2
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 bereitgestellt wird
SurvStat@RKI	Software zur Auswertung von Meldedaten, die das RKI der Fachöffentlichkeit online im Internet 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 zählen **Influenza** und die **Windpocken**, die gastrointestinalen Krankheiten **Norovirus-Gastroenteritis**, ***Campylobacter*-Enteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis** zu den 5 häufigsten meldepflichtigen Infektionskrankheiten. Nach der ungewöhnlich starken Grippesaison im Vorjahr spiegeln die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2018/19 einen moderaten Verlauf der Grippewelle wider. Auch die Zahl der übermittelten ***Campylobacter*-Enteritiden**, der häufigsten bakteriell verursachten meldepflichtigen Darmerkrankung, lag im Jahr 2019 deutlich unter dem Niveau der Vorjahre. Auch die Inzidenz der ***C.-difficile*-Erkrankungen** ist 2019 deutlich gesunken. Eine Ursache für diesen Rückgang ist anhand der übermittelten Daten nicht erkennbar und wird weiter untersucht.

Steigende Fallzahlen waren 2019 insbesondere bei **Hepatitis E** und der **Leptospirose** zu beobachten. Bei den beiden Krankheiten ist dies vermutlich auch auf eine erhöhte ärztliche Aufmerksamkeit und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen. Seit Jahren ist eine Zunahme der übermittelten **Legionellosen** zu verzeichnen. Dieser Trend setzte sich auch 2019 fort. Für **Hantavirus-Erkrankungen** sind extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch. Nach einer ausgeprägten Buchenmast 2018 war die Inzidenz der **Hantavirus-Erkrankungen** im Jahr 2019 wieder sehr hoch. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl übermittelter **FSME-Erkrankungen** wieder deutlich abgenommen. Stärkeren Schwankungen unterliegen auch klassischerweise reiseassoziierte Krankheiten, die stark von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern, sowie von Veränderungen in den Reiseströmen abhängig sind. Im Jahr 2019 waren die Fallzahlen von **Chikungunyavirus-Erkrankungen** und **Denguefieber** stark erhöht. Häufigstes Infektionsland war bei beiden Krankheiten Thailand. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch geeignete Vektoren vor.

Im Jahr 2019 ist es zu den ersten mutmaßlich durch Mücken übertragenen dokumentierten **West-Nil-Virus (WNV)-Infektionen** in Deutschland gekommen. Dabei ist auffällig, dass die bestätigten Fälle nur in Gebieten mit WNV-Zirkulation in Vögeln und Pferden auftraten und sich Fälle in anderen Regionen nicht bestätigten. Das Virus ist offenbar in der Lage, in Deutschland zu überwintern und wird vor allem von in Deutschland weit verbreiteten Stechmücken der Gattung *Culex* übertragen. Daher sollten Ärzte vor allem im Sommer und Spätsommer und in Gebieten mit bekannter WNV-Zirkulation in Tieren bei Personen mit ätiologisch unklaren Enzephalitiden und bei örtlichen Häufungen von mit Fieber unklaren Ursprungs (mit oder ohne Hautausschlag) erkrankten Personen eine WNV-Diagnostik in die Wege leiten – auch wenn die Personen keine Reiseanamnese aufweisen.

Ein großes Problem stellt die seit Jahren zu beobachtende Abnahme der übermittelten Angaben zur Erregertypisierung dar, was zum Beispiel bei **EHEC-Erkrankung**, **HUS** oder **Listeriose** eine Ausbruchserkennung erschwert. Auch bei den **invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektionen** wird weiterhin noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht; so lässt sich derzeit nicht feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. 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.

Bei einem Großteil der impfpräventablen Krankheiten, z. B. **Hepatitis A**, **Windpocken** und **Keuchhusten**, traten die meisten Erkrankungen bei Ungeimpften auf, obwohl eine wirksame Schutzimpfung zur Verfügung steht. Bedenklich ist die hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen bei den an **Mumps** Erkrankten in 2019. Dieser

Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht ausreichenden Schutz nach vollständiger und zeitgerechter Impfung verantwortlich sind.

Ein eindeutiger Effekt der zunehmenden Verwendung der HIV-Präexpositionsprophylaxe (HIV-PrEP) auf die Zahl der **HIV-Neudiagnosen** lässt sich anhand der Meldedaten im Jahr 2019 nicht feststellen. Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2019 nach einem drei Jahre anhaltenden Rückgang erneut an. Zwar ist nicht auszuschließen, dass im Rahmen der Voruntersuchungen vor Beginn einer HIV-PrEP vermehrt bereits länger bestehende HIV-Infektionen diagnostiziert werden, was natürlich ein wünschenswerter Effekt wäre. Der erhoffte und aus anderen Ländern berichtete deutliche Rückgang von HIV-Neudiagnosen nach Ausweitung der Zahl der PrEP-Nutzer ist jedoch bis Ende 2019 in Deutschland nicht zu beobachten.

Executive Summary

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

As in the previous year, **influenza** and **chickenpox**, the gastrointestinal diseases **norovirus gastroenteritis**, ***Campylobacter* enteritis** and **rotavirus gastroenteritis** were the five most commonly reported notifiable diseases. After the unusually severe flu season in the previous year, the number of notified influenza cases as well as data from the Working Group Influenza (AGI) sentinel surveillance from 2018/2019 indicate a moderate season. Additionally, the number of notified cases of ***Campylobacter* enteritis**, the most commonly mandatory notifiable bacterial gastrointestinal disease, was markedly less in 2019 than in previous years. Possible causes for this decrease have not been determined and are currently being investigated.

In 2019, increases in reported **Hepatitis E** and **leptospirosis** cases were observed. For both diseases, increases are likely attributable to increased awareness of these diseases by physicians as well as increased laboratory testing. The increasing trend of notified **Legionnaire's disease** cases that has been observed over the past several years continued for 2019. For **Hantavirus infections**, marked fluctuations in notified cases from year to year are typical. Due to the intense beech mast in 2018, the incidence of Hantavirus infections in 2019 was very high. In comparison to the previous year, the number of notified **tick-borne encephalitis** cases decreased markedly. Large fluctuations occur with regard to travel-related infections, which are dependent on the epidemiological situation in countries where infection took place as well as travel patterns. In 2019, the number of notified cases of **chikungunya** and **denguefever** increased steeply. The main reported country of infection for both was Thailand. In Germany, there are suitable regional conditions for support of the vector responsible for transmission of chikungunya and dengue.

The first cases of mosquito-borne **West Nile virus (WNV) infection** transmitted in Germany were documented in 2019. All confirmed cases were from areas where WNV circulation in horses and birds has been recorded. The virus has the capability to overwinter in Germany and is primarily transmitted by *Culex* mosquitoes. Physicians are recommended to test for WNV in patients with encephalitis or fever of unknown aetiology (with or without rash), particularly in summer and for patients that were in areas with known WNV circulation in animals or humans. The recommendation also applies to patients with no travel-related history.

The continued decrease in pathogen typing of diseases such as **EHEC**, **HUS** and **listeriosis** over the past several years has posed a significant challenge regarding identification of outbreaks. Additionally, capsule typing is not carried out frequently for ***Haemophilus influenzae* infections**, which prevents the determination of whether a change in the pathogen spectrum is accompanying the increase in reported cases. The monitoring of serotype distribution, for example for invasive **meningococcal infections**, as well as recording of individual vaccination status and vaccination coverage in the population is crucial for evaluation of vaccination recommendations and decision making regarding vaccination against additional serogroups.

Despite the availability of effective vaccinations, the majority of vaccine preventable diseases, for example, **Hepatitis A**, **chickenpox** and **whooping cough** occurred in unvaccinated individuals. The large number of **mumps** cases in vaccinated individuals in 2019 is a cause for concern and must be further investigated to determine possible factors for inadequate protection despite timely vaccination.

A clear effect of the increased use of HIV pre-exposure prophylaxis (HIV PrEP) on the number of newly diagnosed **HIV infections** was not able to be determined from the notification data from 2019. After a continued decrease in notified, newly diagnosed HIV infections over the past 3 years, the number of notified, newly diagnosed infections increased in 2019. It can not be ruled out that already existing HIV infections were diagnosed during testing carried out in conjunction with HIV PrEP, which is a desirable effect of PrEP. The decrease in reported, newly diagnosed HIV infections

associated with the increase in the number of individuals undergoing PrEP reported in other countries has not been, as of the end of 2019, observed in Germany.

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.

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-Meld AnpV) in Kraft. Mit der IfSGMeldAnpV wurden Meldepflichten für *Clostridioides-difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und Nachweise von Enterobacterales 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 eingeführt worden war, wurde

in die IfSGMeldAnpV übernommen. Die Inhalte der Verordnung wurden zum 01.03.2020 in das IfSG integriert.

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 Meldesystems zu modernisieren. Die zentrale Regelung in § 14 IfSG schafft die Basis für das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS). 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.

Gesetz für den Schutz vor Masern und zur Stärkung der Impfprävention (Masernschutzgesetz)

Am 01.03.2020 ist das Masernschutzgesetz in Kraft getreten. Neben umfangreichen Änderungen des IfSG, um die Impfprävention zu stärken, beinhaltet es auch Regelungen zur Änderungen der Meldepflicht. Die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung wurde in das IfSG integriert, einschließlich Anpassungen in der Nomenklatur der Erreger mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit. Zudem wurden neue Meldepflichten eingeführt, dazu gehören die Meldepflichten für den direkten Nachweis von humanpathogenen Bornaviren, den Nachweis von Middle-East-Respiratory-Syndrome-Coronavirus (MERS-CoV), den direkten Nachweis von *Streptococcus pneumoniae* aus Liquor, Blut, Gelenkpunktat oder anderen normalerweise sterilen Substraten sowie die Ausweitung der Meldepflicht vom Nachweis der Choleravibrionen auf die Nicht-Choleravibrionen. Ebenso muss dem Gesundheitsamt gemeldet werden, wenn Personen an einer subakuten sklerosierenden Panenzephalitis infolge einer Maserninfektion erkranken oder versterben. Nichtnamentlich an das RKI muss zudem der Nachweis von *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon gemeldet werden. Da diese Änderungen erst im Jahr 2020 in Kraft getreten sind, werden sie noch nicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2019 berücksichtigt.

Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite

Zur besseren Bewältigung der COVID-19-Pandemie wurden Änderungen des Infektionsschutzgesetzes vorgenommen. Insbesondere wurde die Meldepflicht für den Verdacht, die Erkrankung und den Tod in Bezug auf COVID-19 und den Nachweis von SARS-CoV-2 eingeführt.

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 in der eigenen Praxis 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 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 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.

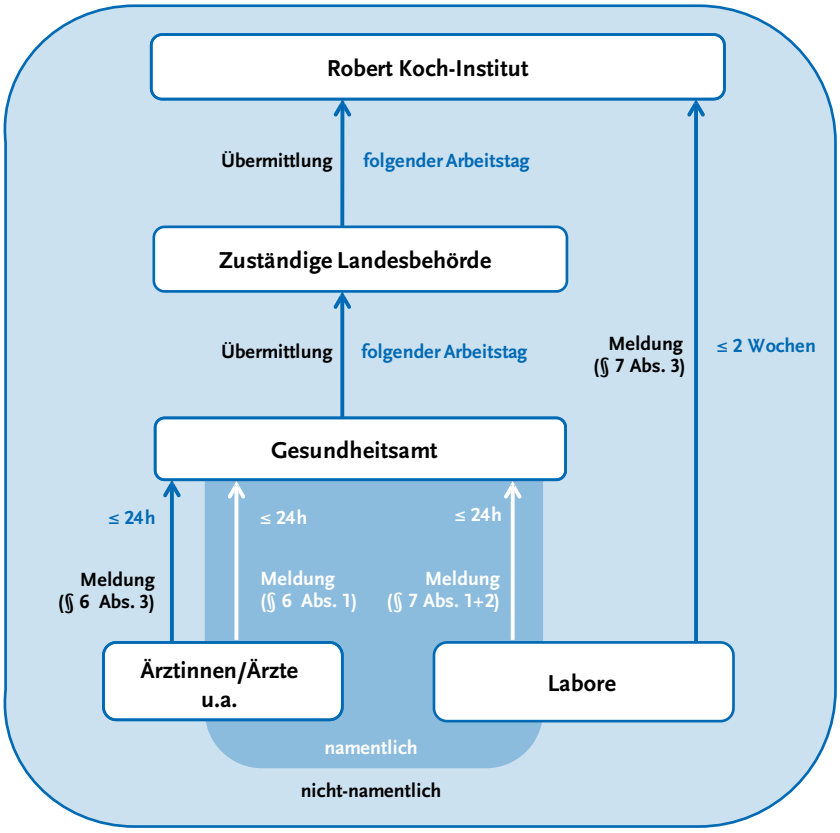
Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien, so wird dieser Fall ohne Angabe personenbezogener Daten jeweils spätestens am folgenden Arbeitstag vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde sowie spätestens am folgenden Arbeitstag von der zuständigen Landesbehörde an das RKI übermittelt. 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.

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



Tab. 2.1.1:
Meldepflichtige Krankheiten und Erregernachweise gemäß IfSG

		Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	
		Arzt-meldung[1]	Labor-meldung[2]	Labor-meldung[2]	Einzelfall-kontrolle am RKI[3]
6.1	*Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)		■		
6.2	Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.3	Arbovirus-Erkrankung		■		■
6.4	Botulismus	■	■		■
6.5	Brucellose		■		■
6.6	*Campylobacter*-Enteritis		■		

		Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	
		Arztmeldung[1]	Labormeldung[2]	Labormeldung[2]	Einzelfallkontrolle am RKI[3]
6.7	Chikungunyavirus-Erkrankung[4]		■		■
6.8	Cholera	■	■		■
6.9	CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/vCJK (variante CJK)	■			■
6.10	*Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwerer Verlauf	■[9]			■
6.11	Denguefieber	■[4]	■		■
6.12	Diphtherie	■	■		■
6.13	Echinokokkose			■	
6.14	EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.15	Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)		■		
6.16	Fleckfieber		■		■
6.17	FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.18	Giardiasis		■		
6.19	*Haemophilus influenzae*, invasive Infektion		■		■
6.20	Hantavirus-Erkrankung	■[4]	■		
6.21	Hepatitis A	■	■		
6.22	Hepatitis B	■	■		
6.23	Hepatitis C	■	■		
6.24	Hepatitis D	■	■		■
6.25	Hepatitis E	■	■		
6.26	HIV-Infektion			■	
6.27	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■[5]		■
6.28	Influenza	■[6]	■		■[6]
6.29	Keuchhusten[7]	■	■		■[8]
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 *Staphylococcous aureus* (MRSA), invasive Infektion		■		

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	
	Arzt-meldung[1]	Labor-meldung[2]	Labor-meldung[2]	Einzelfall-kontrolle am RKI[3]
6.41 Mumps[7]	■	■		
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[10]	■	■		■
Röteln, postnatale Infektion[7]	■	■		
6.50 Salmonellose		■		
6.51 Shigellose		■		
6.52 Syphilis			■	
6.53 Tollwut	■	■		■
6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion			■	
6.55 Trichinellose		■		■
6.56 Tuberkulose	■[9]	■		
6.57 Tularämie		■		■
6.58 Typhus abdominalis	■	■		■
6.59 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige[11]	■	■		■
6.60 West-Nil-Virus-Erkrankung		■		■
6.61 Windpocken[7]	■	■		
6.62 Yersiniose		■		
6.63 Zikavirus-Erkrankung		■		■

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 Nur bei hämorrhagischem Verlauf
5 Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger
6 Nur bei zoonotischer Influenza
7 Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013
8 Bei unter 1-Jährigen
9 Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.
10 Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI
11 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 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.

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 erfülltem 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.

Falldefinitionskategorien
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-labordiagnostisch 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 erfülltem 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-labordiagnostisch 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 erfüllen, 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

Gesetz für den Schutz vor Masern und zur Stärkung der Impfprävention (Masernschutzgesetz) (2020). BGBl I; 6: 148–157.

Zweites Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite (2020). BGBl 1; 23: 1018–1036

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, *Campylobacter*-Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, 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, *Clostridioides-difficile*-Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber), West-Nil-Virus-Erkrankung			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (konnatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
Haemophilus influenzae (invasive Infektion), Influenza, Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

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/ifsgmeldanpv/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 2019 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 31.12.2018 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 29.12.2019 (einem Sonntag) endet. Die letzten beiden Tage des Kalenderjahres 2019 werden dem Meldejahr 2020 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 vorkom-

men, 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 reiseassoziierten 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. Inzidenzberechnungen) 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 Echinokokkose 93 %, bei Syphilis 92 %, bei Malaria 83 % und bei HIV-Infektionen 78 %. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2019 nur für sehr wenige der gemeldeten Erregernachweise.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandgrenzen überschreiten. In diesen Fällen wurden die Postleitzahlbereiche

Tab. 2.2.2:
Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2019

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	7.874	92 %	8 %	1 %
HIV-Infektion	3.093	78 %	20 %	2 %
Malaria	992	83 %	14 %	3 %
Echinokokkose	134	93 %	7 %	0 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	18	94 %	0 %	6 %

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 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 krankheitsspezifischen 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 aufgegliedert 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 Zuzug 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 2019 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2018 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 Vorjahren 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 2019 Fallzahlen für das Jahr 2018 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2020 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 2018 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2018 – mit Datenstand 01.03.2019 – abweichen.

2.3 Veröffentlichung der Meldedaten

Das RKI veröffentlicht die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelten Daten 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 212 (56 %) SurvNet@RKI bzw. eine Software, die SurvNet@RKI integriert (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.

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	Datenliefernde Gesundheitsämter	
	Anzahl	Anteil
SurvNet@RKI	212	56 %
Octoware	73	19 %
ISGA	50	13 %
Unisoft	28	7 %
Gumax	14	4 %
Gesamt	**377**	**100 %**

Literaturhinweis

RKI: *SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.13 zu SurvNet Version 0.9.29.2.* https://survnet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx

3.2 Sicherung der Datenqualität

Das RKI unterstützt und berät die Meldepflichtigen 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 den zuständigen Landesbehörden und 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 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 1.13 zu SurvNet Version 0.9.29.2*. 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 Vollzähligkeit der Erfassung

Eine häufige Frage bezüglich der Qualität der epidemiologischen Überwachung ist die der Vollzähligkeit, 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 In-

fektionen, 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 labordiagnostische 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 in 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 Salmonellosen 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 es würden im Anschluss mehr positive Salmonellen-Befunde, aber möglicherweise auch andere Erreger gastrointestinaler Symptome gemeldet werden. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellosen, 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 Vollzähligkeit 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), dessen erste Ausbaustufe seit Juni 2020 für die Meldung von SARS-CoV-2-Erregernachweisen verfügbar ist.

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

von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, Altmann D, Zimmermann R, Dudareva S: *Implications of a change in case definition and screening of asylum seekers for hepatitis B surveillance in Germany in 2015 and 2016*. Epidemiol Infect 2020. doi.org/10.1017/S0950268820000242

Boes L, Houareau C, Altmann D, et al.: *Evaluation of the German surveillance system for hepatitis B regarding timeliness, data quality, and simplicity, from 2005 to 2014*. Public Health 2020; 180: 141–148.

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, Mangen MJ, Kraemer A, et al.: *The disease burden of hepatitis B, influenza, measles and salmonellosis in Ger-*

many: 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.

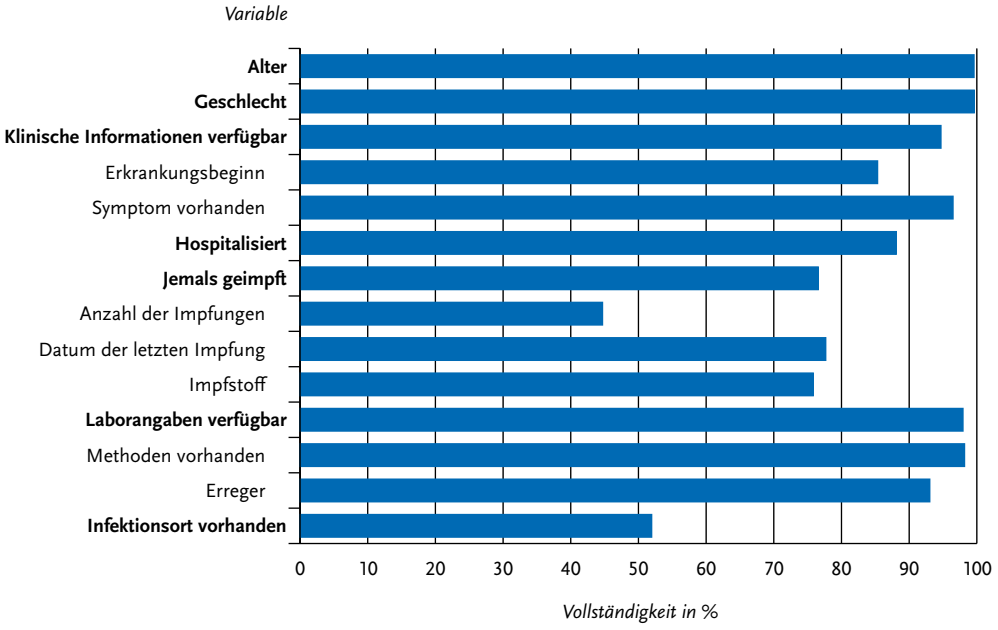
3.4 Vollständigkeit der Datensätze

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 Erregereigenschaften 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 95 % 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 77 % bzw. 52 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2019



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 2019 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 ein, die mittels SurvNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im aktuellen Berichtsjahr 466.551 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)
- **Meldedatum:** Datum des Eingangs einer Meldung beim Gesundheitsamt
- **Falleingabedatum:** Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Gesundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeitstempel 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 demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 185.313 Fällen (40 %) berechnet werden. Im Jahr 2019 dauerte es im Median 3 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 2019 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.

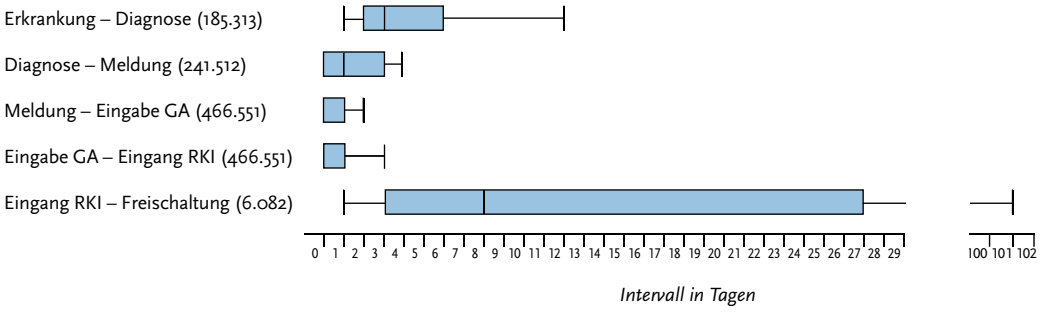
Die Übermittlung vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI muss gemäß IfSG jeweils innerhalb eines Arbeitstages erfolgen. Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum am RKI) betrug im Median 1 Tag.

Eine weitere Verzögerung kann sich durch die Datenaufbereitung und Qualitätskontrolle, die der bundesweiten wöchentlichen Veröffentlichung 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 die 6.082 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 8 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

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2019 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



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 2019 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die höchste Inzidenz hatte im Jahr 2019 die Influenza mit 233 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern. Zu den häufigsten Krankheiten gehören hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie Norovirus-Gastroenteritis (95 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), *Campylobacter*-Enteritis (74), Rotavirus-Gastroenteritis (44) und Salmonellose (16), aber auch impfpräventable Krankheiten wie Windpocken (27) und Keuchhusten (12).

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 2019 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 2019 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 (7 Jahre) und die Yersiniose (16 Jahre). Der Median von einigen gastrointestinalen Krankheiten wie EHEC-Erkrankung, Kryptosporidiose, Rotavirus-Gastroenteritis und Salmonellose lag zwischen 24 und 38 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 39 Jahren auf. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian zwischen 73 und 79 Jahren.

Abb. 4.1.1:
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2019

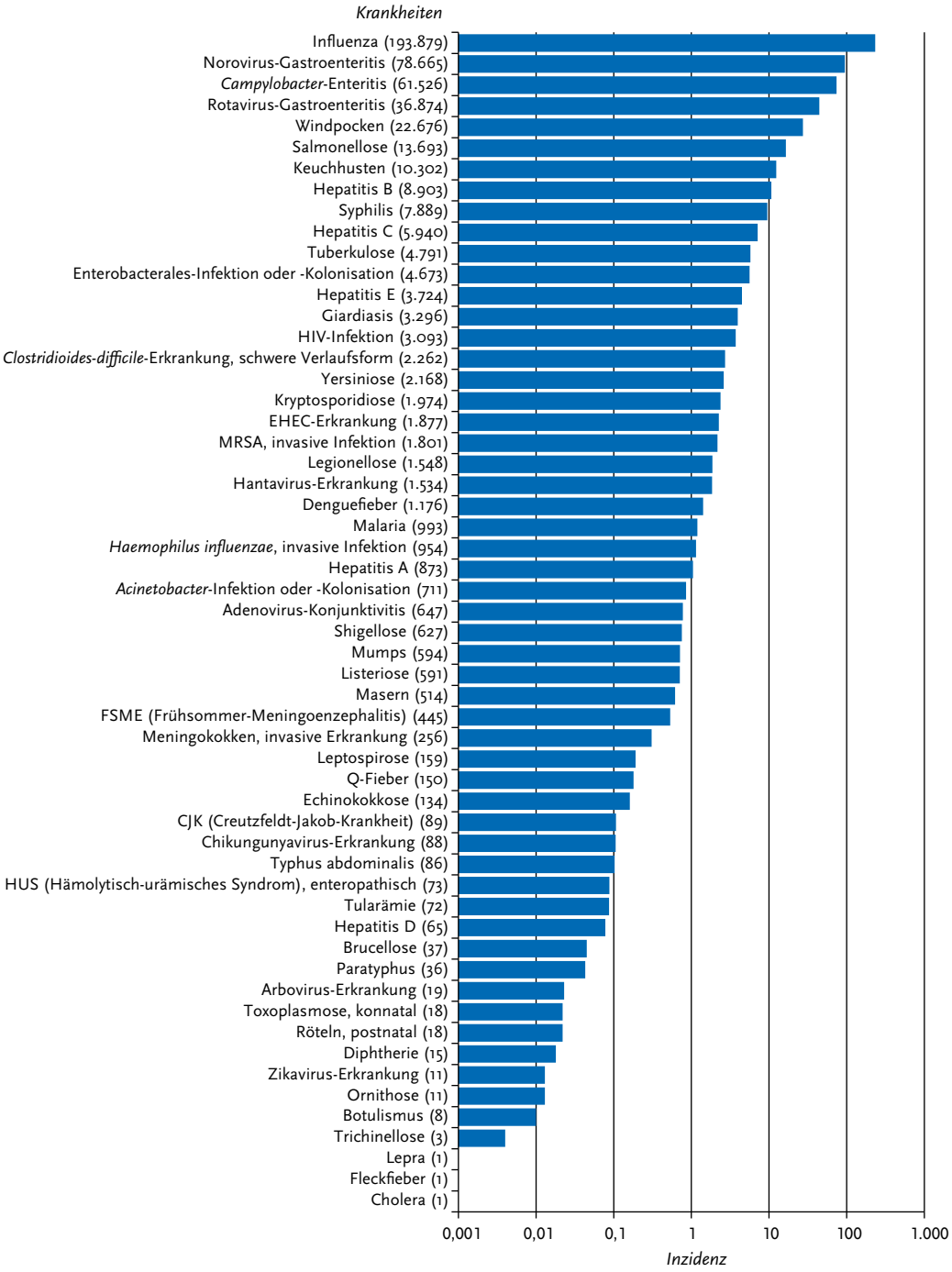


Abb. 4.2.1:
Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten nach Altersgruppe, Deutschland, 2019

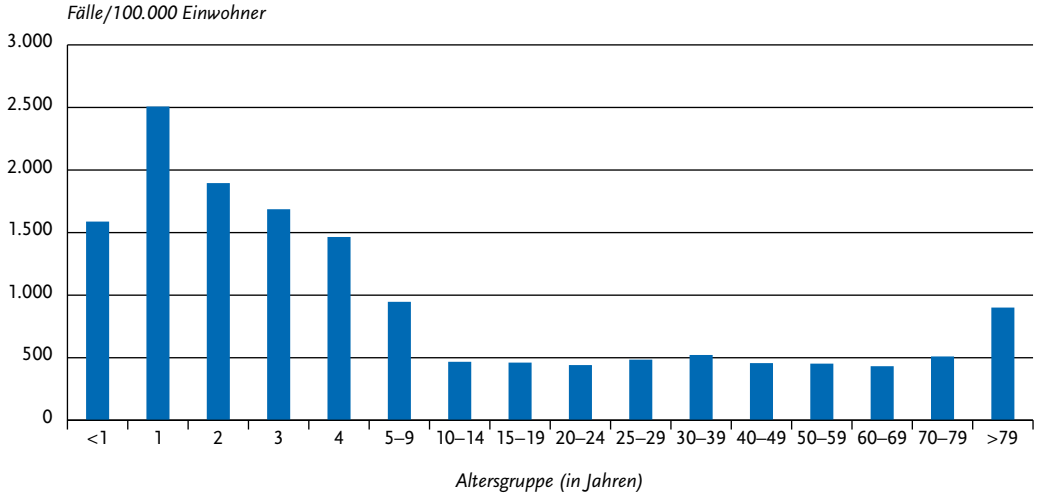
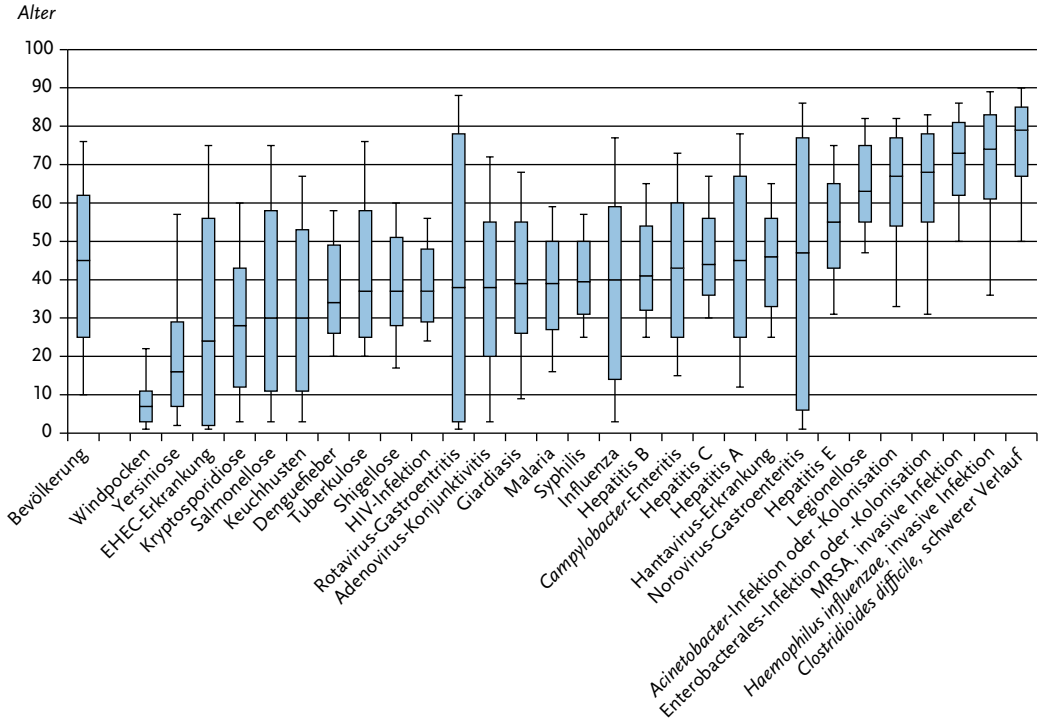


Abb. 4.2.2:
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2019



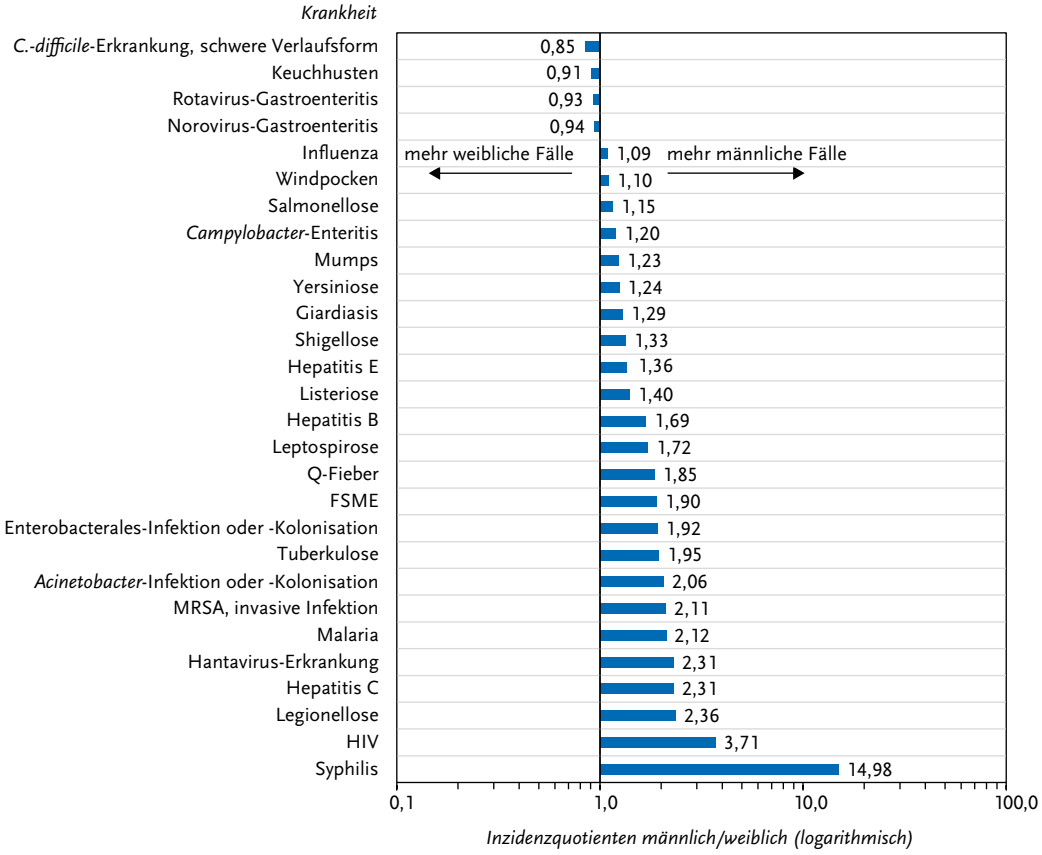
Fälle nach Geschlecht

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 und Hepatitis C, aber auch für Legionellose, Hantavirus-Erkrankung, Malaria und invasive MRSA-Infektionen. Dagegen waren die Inzidenzen von schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, Keuchhusten, Rotavirus-Gastroenteritis und Norovirus-Gastroenteritis 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 das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine exakte Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). Die Abbildung zeigt, dass in Stadtkreisen höhere Inziden-

Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2019



zen u. a. überwiegend für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Shigellose, Denguefieber und Giardiasis, für impfpräventable Krankheiten, wie Mumps, und für vorwiegend im Krankenhaus erworbene Infektionen oder Kolonisationen wie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation, beobachtet wurden. Auch für Tuberkulose, die Adenovirus-Konjunktivitis sowie Hepatitis B, Hepatitis C und Hepatitis A lagen die Inzidenzen in den Stadtkreisen höher als auf dem Land.

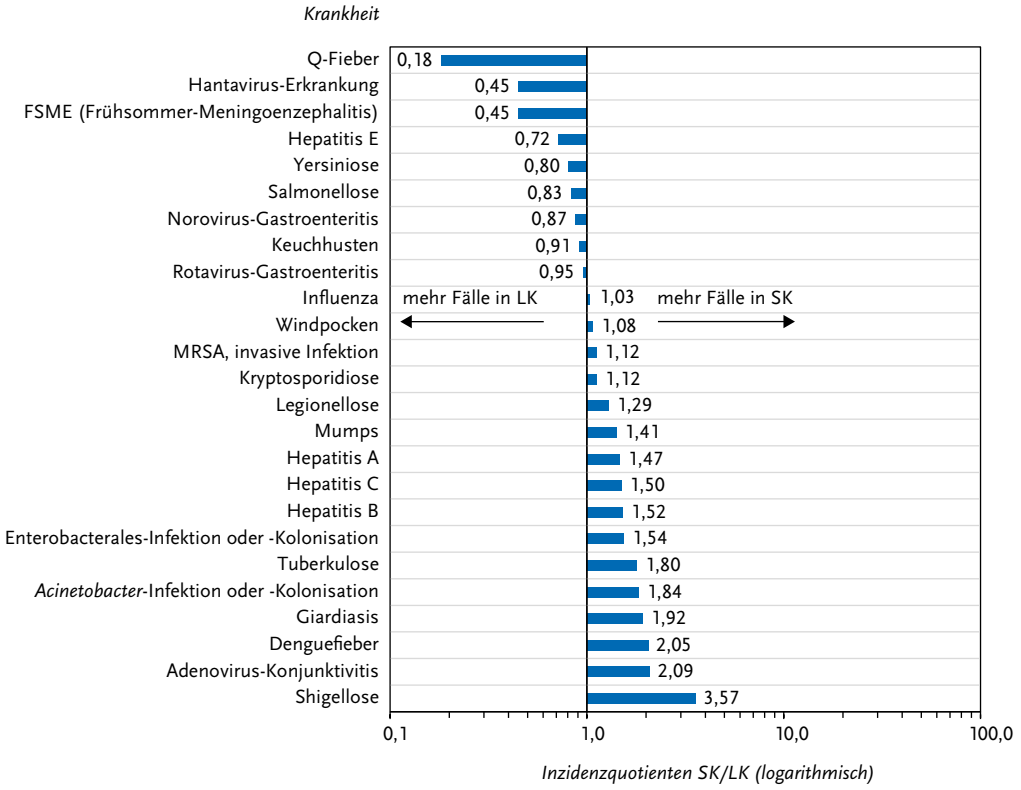
In Landkreisen wurden hingegen u. a. höhere Inzidenzen bei Zoonosen, wie Q-Fieber, Hantavirus-Erkrankung, FSME und bei gastrointestinalen Krankheiten, wie Hepatitis E, Yersiniose, Salmonellose, Norovirus-Gastroenteritis und Rotavirus-Gastroenteritis, festgestellt.

4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 84 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 36 % stationär im Krankenhaus behandelt. In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2019 dargestellt. Krankheiten wie HIV-Infektion, Syphilis und Malaria, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden.

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, 2019



Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95 % wurden für die invasive MRSA-Infektion, invasive Meningokokken-Infektion, Legionellose, schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion und Listeriose ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurde bei Influenza (41.602), Norovirus-Gastroenteritis (39.589), Rotavirus-Gastroenteritis (16.201) und *Campylobacter*-Enteritis (13.024) 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 wird 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 des Anteils der Verstorbenen 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 98 % 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 2019 dargestellt. Krankheiten, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wie HIV-Infektion, Syphilis und Malaria, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen im Verlauf nicht erhoben werden kann, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbener wurde für schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (20 %), invasive Meningokokken-Infektionen (10 %), invasive MRSA-Infektionen (7 %), Listeriose (7 %), Legionellose (5 %) und invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen (4 %) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei Influenza (607), schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (451), invasiven MRSA-Infektionen (129) und Tuberkulose (129) beobachtet.

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, 2019

	Fälle gesamt	Fälle mit Angaben zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
Krankheit	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anteil (%)**	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anteil (%)**
Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation	711	660	595	90	699	7	1
Adenovirus-Konjunktivitis	647	580	69	12	639	0	0
Campylobacter-Enteritis	61.526	56.126	13.024	23	60.824	4	0

	Fälle gesamt	Fälle mit Angaben zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
Krankheit	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anteil (%)**	**Anzahl**	**Anzahl**	**Anteil (%)**
Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform	2.262	2.220	2.137	96	2.209	451	20
Denguefieber	1.176	1.068	365	34	1.175	0	0
EHEC-Erkrankung	1.877	1.714	479	28	1.856	1	0
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	4.673	4.379	3.980	91	4.568	24	1
FSME (Frühsommer-meningoenzephalitis)	445	438	376	86	445	2	0
Giardiasis	3.296	2.979	385	13	3.248	0	0
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	954	920	873	95	939	40	4
Hantavirus-Erkrankung	1.534	1.438	1.076	75	1.530	1	0
Hepatitis A	873	842	554	66	864	0	0
Hepatitis B	8.903	6.762	1.121	17	8.726	5	0
Hepatitis C	5.940	4.292	1.146	27	5.838	9	0
Hepatitis E	3.724	3.534	1.938	55	3.674	8	0
Influenza	193.879	147.610	41.602	28	189.694	607	0
Keuchhusten	10.302	9.238	494	5	10.106	0	0
Kryptosporidiose	1.974	1.822	201	11	1.941	0	0
Legionellose	1.548	1.534	1.477	96	1.536	84	5
Leptospirose	159	152	117	77	158	1	1
Listeriose	591	574	543	95	571	40	7
Masern	514	485	178	37	514	1	0
Meningokokken, invasive Infektion	256	250	244	98	254	25	10
MRSA	1.801	1.746	1.717	98	1.769	129	7
Mumps	594	538	69	13	587	0	0
Norovirus-Gastroenteritis	78.665	71.899	39.589	55	77.608	35	0
Q-Fieber	150	142	74	52	148	0	0
Rotavirus-Gastroenteritis	36.874	32.844	16.201	49	36.433	24	0
Salmonellose	13.693	12.695	4.752	37	13.539	18	0
Shigellose	627	576	130	23	624	0	0
Tuberkulose	4.791	4.400	3.931	89	4.673	129	3
Windpocken	22.676	19.441	652	3	22.327	0	0
Yersiniose	2.168	2.000	621	31	2.151	1	0

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 Falles, bei dem das früheste Meldedatum angegeben ist, 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 Falldefinitionen die epidemiologische Bestätigung entfällt, werden nicht berücksichtigt, dies betrifft u. a. Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.42). Für das Meldejahr 2019 wurden insgesamt 8.729 Ausbrüche übermittelt.

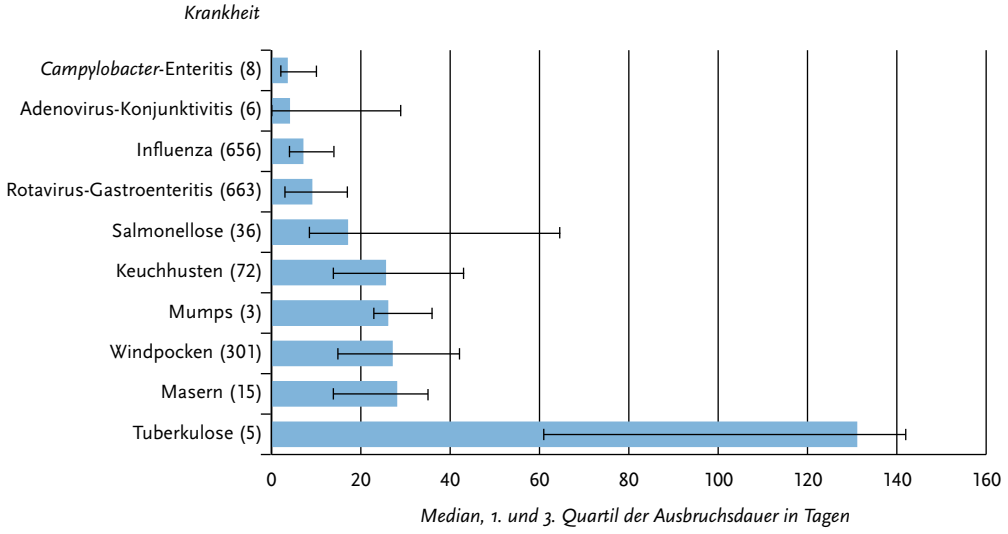
Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten auch 2019 die meisten Ausbrüche. Am häufigsten wurden Ausbrüche von Influenza (4.346 Ausbrüche mit 17.677 darin enthaltenen Fällen), Windpocken (1.407 Ausbrüche mit 5.632 Fällen), Rotavirus-Gastroenteritis (1.385 Ausbrüche mit 12.294 Fällen) und Keuchhusten (499 Ausbrüche mit 1.638 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche von *Campylobacter*-Enteritis (387 Ausbrüche mit 901 Fällen) und Salmonellose (277 Ausbrüche mit 1.101 Fällen) (s. Tab. 5.1.1) übermittelt.

Die höchste einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl lag bei 285 und wurde im Rahmen eines Influenzaausbruches übermittelt (s. Tab. 5.1.1). Die mittlere Anzahl der Fälle pro Ausbruch war bei Q-Fieber-Ausbrüchen mit 34 Fällen im Vergleich zu den anderen Krankheiten am höchsten, jedoch wurden 2019 nur 2 Ausbrüche übermittelt. Danach folgten Rotavirus-Gastroenteritis-Ausbrüche, von denen ein Ausbruch allein 64 Fälle umfasste, mit einer mittleren Anzahl von 8 Fällen pro Ausbruch. 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 131 Tage) zu beobachten.

Abb. 5.1.1:
Ausbruchsdauer der 10 Krankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen, Deutschland, 2019 (dargestellt sind Median, 25. und 75 Perzentil sowie in Klammern: Anzahl der ausgewerteten Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen)



Tab. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2019

Krankheit	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
Influenza	4.346	17.677	4	285
Windpocken	1.407	5.632	4	81
Rotavirus-Gastroenteritis	1.385	12.294	8	97
Keuchhusten	499	1.638	3	26
Campylobacter-Enteritis	387	901	2	22
Salmonellose	277	1.101	3	47
Masern	65	311	4	59
Tuberkulose	60	164	2	6
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	52	128	2	5
Giardiasis	49	120	2	6
Hepatitis A	41	140	3	35
Kryptosporidiose	26	67	2	9
Shigellose	22	64	2	13
Adenovirus-Konjunktivitis	20	130	6	46
Mumps	19	64	3	11
Listeriose	15	40	2	7
Yersiniose	13	31	2	4
Legionellose	9	24	2	4
Hepatitis E	9	18	2	2
Hepatitis B	8	18	2	4
Typhus abdominalis	6	12	2	2
Hepatitis C	4	8	2	2
Paratyphus	2	4	2	2
Q-Fieber	2	69	34	64
Tularämie	2	4	2	2
Röteln	1	2	2	2
FSME	1	2	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	1	5	5	5
Botulismus	1	2	2	2
Summe	**8.729**	**40.670**		

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 Infektionsvehikel 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 meldepflichtigen Erregern, die durch Lebensmittel übertragen werden können, gehören *Brucella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridium botulinum, Cryptosporidium* spp., enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), *Francisella tularensis, 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 2019 wurden 902 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren ca. 2 % mehr Ausbrüche als im Vorjahr (n=886). Insgesamt traten im Jahr 2019 in diesen Ausbrüchen 2.632 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 387 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um etwa 3 % zugenommen (2018: 377). Bei 277 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche stieg damit im Vergleich zum Jahr 2018 (n=274) geringfügig um 1 %.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 902 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 333 (37 %; 2018: 38 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.213 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Darunter waren 163 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (49 %) mit 391 Fällen und 126 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (38 %) mit 676 Fällen. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 2 Todesfälle übermittelt. Beide Todesfälle waren durch Listeriosen verursacht (s. Tab. 5.2.1).

Bei 144 Ausbrüchen (43 %) wurden Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 204 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich) waren am häufigsten die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (69 Nennungen; 34 %), Ei oder Eiprodukte (47; 23 %), Milch oder Milchprodukte (29; 14 %), Fisch oder Meeresfrüchte (12; 6 %) und Suppen oder Saucen (10; 5 %). Bei den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch 10-mal eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtigt, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigten Lebensmittel (82 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2019

Erreger	Potenziell lebensmittel-bedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittel-bedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien					
Campylobacter spp.	387	901	163	391	
Salmonella spp.	277	1.101	126	676	
EHEC*	52	128	7	16	
Shigella spp.	22	64	7	14	
Listeria monocytogenes	15	40	4	14	2
Yersinia spp.	13	31	4	9	
S. Typhi	6	12	1	2	
S. Paratyphi	2	4	1	2	
Francisella tularensis	2	4			
Clostridium botulinum	1	2			
Viren					
Hepatitis-A-Virus	41	140	9	60	
Hepatitis-E-Virus	9	18	3	6	
Parasiten					
Giardia lamblia	49	120	7	21	
Cryptosporidium spp.	26	67	1	2	
Gesamt	**902**	**2.632**	**333**	**1.213**	**2**

* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

Fleischprodukte (54 %) und Milch oder Milchprodukte (20 %) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (105 Nennungen) wurden vor allem Ei oder Eiprodukte (38 %) und Fleisch oder Fleischprodukte (21 %) als Infektionsvehikel verdächtigt.

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 2019 wurden 11 (0,3 %) aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (n=3.611) als lebensmittelbedingt übermittelt. 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. Den 11 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 43 Fälle zugeordnet. Für 5 Ausbrüche (45 %) lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen mög-

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2019

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	HAV	EHC	GIL	SHI	LIS	YEN	HEV	CRY	SPA	STY
Fleisch, Fleischprodukte	69	44	22		1			1	1				
Ei, Eiprodukte	47	7	40										
Milch, Milchprodukte	29	16	11		1	1							
Suppen, Saucen	10	2	8										
Getränke (keine Milch)	6	1	1	1		3							
Fisch, Meeresfrüchte	12	4	7	1									
Gemüse, Gemüseprodukte	7	3	3		1								
Obst, Obstprodukte	9	2	2	3	1		1						
Getreide, Getreideprodukte	1		1										
Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten	4		3		1								
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	10	3	7										
Gesamt (Nennungen)	**204**	**82**	**105**	**5**	**5**	**4**	**1**	**1**	**1**	**0**	**0**	**0**	**0**
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	144	65	65	4	3	4	1	1	1	0	0	0	0
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	189	98	61	5	4	3	6	3	3	3	1	1	1
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	**333**	**163**	**126**	**9**	**7**	**7**	**7**	**4**	**4**	**3**	**1**	**1**	**1**

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.
SAL: *Salmonella* spp.
HAV: Hepatitis-A-Virus
EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)
GIL: *Giardia lamblia*
SHI: *Shigella* spp.
LIS: *Listeria monocytogenes*
YEN: Darmpathogene *Yersinia* spp.
HEV: Hepatitis-E-Virus
CRY: *Cryptosporidium* spp.
SPA: *Salmonella* Paratyphi
STY: *Salmonella* Typhi

lich). Von insgesamt 13 Nennungen entfielen 3 auf Obst oder Obstprodukte und 2 auf Gemüse oder Gemüseprodukte. Die Kategorien Fleisch oder Fleischprodukte, Ei oder Eiprodukte, Milch oder Milchprodukte, Suppen oder Saucen, Getränke (keine Milch) und Fisch oder Meeresfrüchte wurden jeweils einmal genannt. Zweimal wurde eine Mahlzeit verdächtigt, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel eingegrenzt werden konnte. Es wurden 0,3 % aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (n=3.611) als lebensmittelbedingt übermittelt. 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.

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 Krankheit oder dem Erregernachweis zum Teil gleichzeitig auch andere Meldetatbestände erfüllen und somit anderen Meldekategorien zugeordnet werden.

Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der in SurvNet@RKI elektronisch übermittelten Daten zu nosokomialen Ausbrüchen 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 2019 erfüllten 2.072 nosokomiale Ausbrüche die oben genannte Definition.

Bei insgesamt 127 Ausbrüchen wurde kein Erreger übermittelt. Von den 1.945 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe wurden 99 Ausbrüche (5 %) durch bakterielle Erreger, 1.820 (94 %) durch virale Erreger, 25 (1 %) durch Parasiten und 1 Ausbruch (0,1 %) durch Pilze hervorgerufen. Insgesamt wurden 20.199 Fälle nosokomialen Ausbrüchen zugeordnet, davon 17.906 Fälle zu Ausbrüchen, die durch virale Erreger hervorgerufen wurden und 486 Fälle zu bakteriell verursachten Ausbrüchen. Es wurden insgesamt 129 Todesfälle übermittelt, davon 84 (65 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger, 35 (27 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern, 8 (6 %) im Zusammenhang mit Pilzen und je 1 Todesfall (1 %) in Zusammenhang mit Parasiten und mit unbekanntem Erreger (s. Tab. 5.2.3).

Literaturhinweise

Dohle C, Korr G, Friedrichs M, et al.: *Effektives Management eines Ausbruchs mit multiresistenten Klebsiella pneumoniae in der Neurorehabilitation*. Bundesgesundheitsbl 2018; 61: 543–552.

Haller S, Kramer R, Becker K, et al.: *Extensively drug-resistant Klebsiella pneumoniae ST307 outbreak, north-eastern Germany, June to October 2019*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.50.1900734

Steffen G, Pietsch M, Kaase M, et al.: *Overestimation of an Outbreak of Enterobacter cloacae in a Neonatal Intensive Care Unit in Germany, 2015*. Pediatr Infect Dis 2018; 38: 631–637.

Kremer K, Kramer R, Neumann B, et al.: *Rapid spread of OXA-244-producing Escherichia coli ST38 in Germany: insights from an integrated molecular surveillance approach; 2017 to January 2020*. Euro Surveill 2020. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.25.2000923

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

RKI: *Nosokomiale Ausbrüche*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale_Ausbrueche_node.html

Tab. 5.2.3:
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2019 (n=2.072)

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	1.268	13.398	2	106	34
	Influenzavirus	326	2.264	2	56	44
	Rotavirus	200	2.033	2	82	6
	Varicella-Zoster-Virus	10	106	2	81	0
	Respiratory-Syncytial-Virus	5	21	3	6	0
	Masernvirus	2	10	2	8	0
	mehrere/sonstige	9	74	2	40	0
	Gesamt	**1.820**	**17.906**	**2**	**106**	**84**
Bakterien	*Clostridioides difficile*	28	107	2	10	7
	Klebsiella spp.	12	106	2	22	12
	Enterococcus spp.	10	54	2	13	5
	Bordetella pertussis	8	23	2	5	1
	Staphylococcus spp.	7	61	2	23	0
	Streptococcus pyogenes	7	25	2	6	0
	Acinetobacter spp.	5	30	2	13	3
	Salmonella spp.	4	9	2	3	0
	Serratia spp.	3	27	5	16	1
	Escherichia coli	3	11	3	5	3
	Mycobacterium spp.	3	6	2	2	0
	Pseudomonas spp.	2	5	2	3	1
	Clostridium perfringens	1	2	2	2	2
	mehrere/sonstige	6	20	2	6	0
	Gesamt	**99**	**486**	**2**	**23**	**35**
Parasiten	*Sarcoptes scabiei* (Scabies)	19	131	2	37	1
	Pediculus humanus capitis (Kopfläuse)	4	27	4	10	0
	mehrere/sonstige	2	4	2	2	0
	Gesamt	**25**	**162**	**2**	**37**	**1**
Pilze	*Candida* spp.	1	17	17	17	8
unbekannt	**Gesamt**	**127**	**1.628**	**2**	**73**	**1**
Alle	**Gesamt**	**2.072**	**20.199**	**2**	**106**	**129**

6 Spezielle Krankheiten

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

Weitere Krankheiten von besonderem infektionsepidemiologischen Interesse finden sich im Kapitel »Zusätzliche Krankheiten« am Ende (s. Kap. 6.63).

6.1 *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **711**
- Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren
- Männer doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- Meldepflicht sowohl Infektionen als auch Kolonisationen

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. dijkshoorniae*) 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 verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase, eines Enzyms, das Carbapeneme spalten kann. Die verminderte Empfindlichkeit umfasst sowohl resistente (R) *Acinetobacter* als auch Acinetobacter, die in der Empfindlichkeitsprüfung sensibel bei erhöhter Exposition (I) getestet wurden. Bei *A. baumannii* ist eine Carbapenemase meistens die Ursache einer verminderten Carbapenem-Empfindlichkeit.

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

Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 über eine Verordnung eingeführt und zum 01.03.2020 ins IfSG integriert. Dabei wurden auch Anpassungen hinsichtlich der Nomenklatur und der Neudefinition der Kategorie I zur Bewertung der Ergebnisse von Resistenztestungen vorgenommen. So wird nicht mehr der Begriff Nichtempfindlichkeit, sondern der Begriff verminderte Empfindlichkeit verwendet.

Falldefinition

Seit 2019 umfasst die Falldefinition nicht mehr nur *Acinetobacter*, die zum *A.-baumannii*-Komplex gehören, sondern alle *Acinetobacter* spp. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Nicht alle Gesundheitsämter hatten im Jahr 2019 die Software für die Übermittlung aktualisiert. Daher wurden die Fälle (n=711) entweder in der Übermittlungskategorie

Tab. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	195	25 %	171	24 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	423	54 %	367	52 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	162	21 %	173	24 %
alle	780	100 %	711	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	**780**	**100 %**	**711**	**100 %**

Acinetobacter (n=703) oder bei nicht aktualisierter Software als »Weitere bedrohliche Krankheit« (WBK) (n=8) übermittelt. 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 (s. Tab. 6.1.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 711 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,9 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 (1,9 Fälle/100.000 Einw.), Hamburg (1,8), Hessen (1,6), Bremen (1,2) und Nordrhein-Westfalen (1,0) beobachtet. In diesen Bundesländern lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde für Mecklenburg-Vorpommern und das Saarland übermittelt (0,2 Fälle/100.000 Einw.).

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen steigt besonders ab der Altersgruppe der 60- bis 69-Jährigen mit zunehmendem Alter an (s. Abb. 6.1.2). Die in absoluten Zahlen am stärksten betroffenen Altersgruppen waren Erwachsene ab 60 Jahre (67 % aller Fälle). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (2,7 Fälle/100.000 Einw.) und bei den über 79-Jährigen (1,9) beobachtet. Männer (1,1 Fälle/100.000 Einw.) sind doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,6).

Klinische Aspekte

Für 523 der übermittelten Fälle (74 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 179 Fälle (34 %) wurden als Infektion und 344 Fälle (66 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 710 Fälle (99,9 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 781 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Screening-Abstrichen (331-mal, 42 % der Nennungen) und in Wundabstrichen (184-mal, 24 % der Nennungen) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 660 Fälle (93 %) vorhanden. 595 Fälle (90 %) waren hospitalisiert. Unter 700 Fällen (98 %) mit entsprechender Angabe wurden 31 Todesfälle registriert (4,4 %). Von diesen wurden 7 Fälle (23 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für alle 711 übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n=427; 60 %) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter-bauman-*

Abb. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=711) im Vergleich mit dem Vorjahr

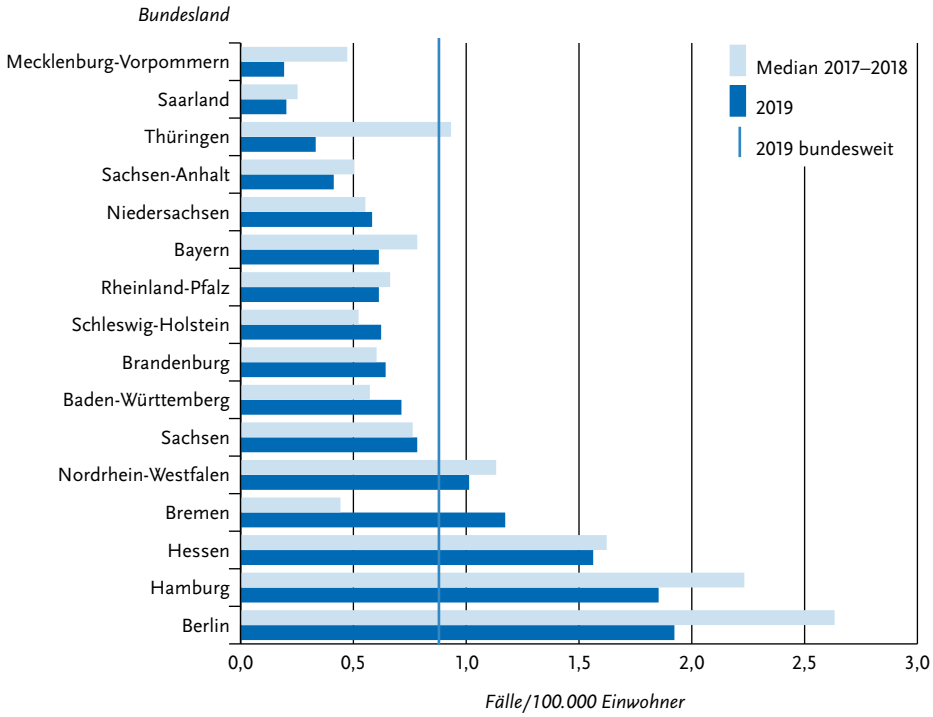
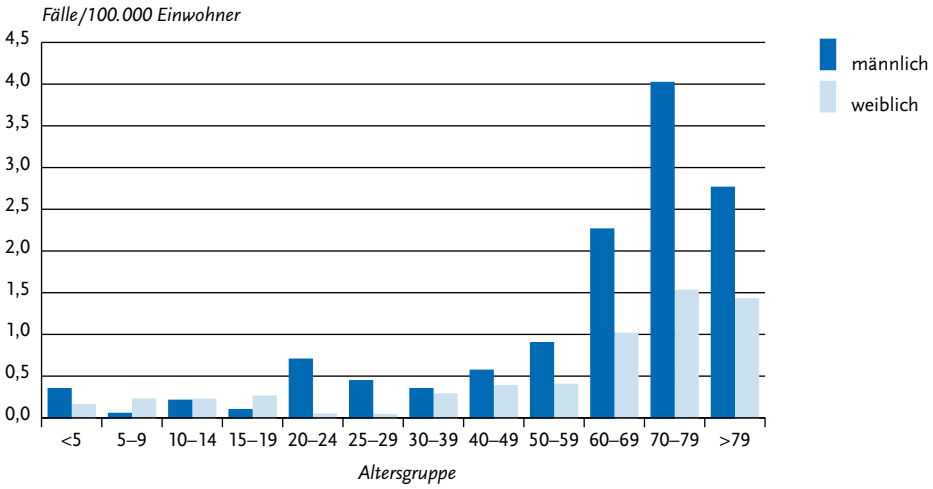


Abb. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=709)



Tab. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2019 (n=711)

Erreger	Anzahl	Anteil
Acinetobacter baumannii	427	60,1 %
Acinetobacter-baumannii-Komplex	168	23,6 %
Acinetobacter pittii	35	4,9 %
Acinetobacter spp.	27	3,8 %
Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus-Komplex	19	2,7 %
Acinetobacter ursingii	9	1,3 %
Acinetobacter johnsonii	9	1,3 %
Acinetobacter lwoffi	5	0,7 %
Acinetobacter nosocomialis	4	0,6 %
Acinetobacter dijkshoorniae	4	0,6 %
Acinetobacter haemolyticus	2	0,3 %
Acinetobacter junii	1	0,1 %
Acinetobacter guillouiae	1	0,1 %
Summe	**711**	**100,0 %**

nii-Komplex (n=168; 24 %), *Acinetobacter pittii* (n=35; 4,9 %) und *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=27; 3,8 %).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 629 der 703 Fälle (89 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur verminderten Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 573 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 539 Fälle (94 %) gegen Imipenem und 556 Fälle (97 %) gegen Meropenem nichtempfindlich. 525 Fälle (92 %) waren gegen beide Carbapeneme nichtempfindlich. Für die 8 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 410 von 703 Fällen (58 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 353 Fällen (86 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 310 Fällen (88 %) nachgewiesen, Angaben zum Resistenzgen liegen für 297 Fälle vor. Am häufigsten wurden die Resistenzgene für OXA-23 (174 Fälle, 59 %) und OXA-72 (52 Fälle, 18 %) nachgewiesen.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 11 Ausbrüche mit insgesamt 37 Fällen übermittelt. Davon hatte ein Ausbruch insgesamt 13 Fälle.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2019 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag bei 74 %. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 58 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung

wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

Aufgrund der Falldefinitionsänderung im Jahr 2019 wurden vorliegenden Kapitel im Gegensatz zu den Vorjahren auch *Acinetobacter* spp. ausgewertet, die nicht dem *A.-baumannii*-Komplex angehören.

Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies u. a. auch von der Umsetzung der Meldepflicht in der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Nach Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016 werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2019 zum dritten Mal Daten zu *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante veröffentlicht. Fälle wurden aus allen Bundesländern übermittelt, was für eine gute Akzeptanz der Meldepflicht spricht. Gründe für die regionalen Unterschiede könnten die noch relativ neue und komplexe Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein.

Literaturhinweise

Ayobami O, Willrich N, Suwono B, Eckmanns T, Markwart R: *The epidemiology of carbapenem-non-susceptible Acinetobacter species in Europe: analysis of EARS-Net data from 2013 to 2017.* Antimicrob Resist Infect Control 2020. doi: 10.1186/s13756-020-00750-5

Noll I, Eckmanns T, Abu Sin M: *Antibiotikaresistenzen: Ein heterogenes Bild.* Dtsch Arztebl 2020; 117: A-28/B-26/C-26

Ayobami O, Willrich N, Harder T, Okeke IN, Eckmanns T, Markwart R: *The incidence and prevalence of hospital-acquired (carbapenem-resistant) Acinetobacter baumannii in Europe, Eastern Mediterranean and Africa: a systematic review and meta-analysis.* Emerg Microbes Infect 2019. doi: 10.1080/22221751.2019.1698273

ECDC (2020): *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) – Annual Epidemiological Report for 2019.* www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-resistance-europe-2019

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

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

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 für gramnegative Krankenhauserreger, 2018.* Epid Bull 2019; 31: 289–294.

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.

RKI: *Acinetobacter baumannii – ein Krankenhauskeim mit beunruhigendem Entwicklungspotenzial.* Epid Bull 2013; 32: 295–299.

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis

- Fälle nach Referenzdefinition 2018: **647**
- Anzahl der Erkrankungen auf dem Niveau der Vorjahre
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei 30- 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 verunrei-

nigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden. Auch andere, weniger schwere Adenovirus-Konjunktivitiden (pharyngokonjunktivales Fieber, follikuläre Konjunktivitis) werden primär von der Meldepflicht miterfasst, sofern eine Labordiagnostik mittels Augenabstrich durchgeführt wurde.

Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Die Anzahl der Erkrankungen ist im Jahr 2019 mit 647 Adenovirus-Konjunktivitiden im Vergleich zum Jahr 2018 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-Konjunktivitiden lag bei 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

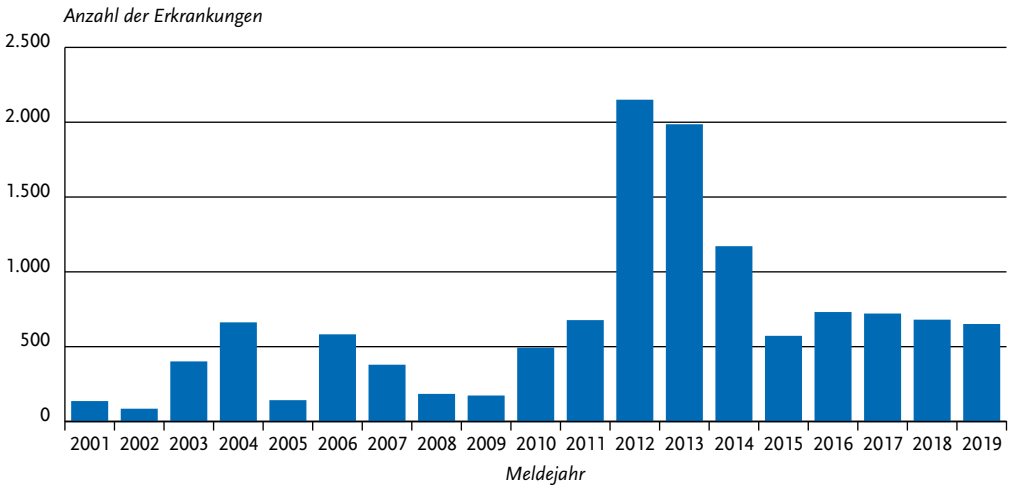
Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen

Tab. 6.2.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	14	2 %	77	10 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	662	83 %	570	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	10	1 %	9	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	107	13 %	82	11 %
alle	793	100 %	738	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**676**	**85 %**	**647**	**88 %**

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Inzidenzen waren in Sachsen-Anhalt (2,3 Erkr./100.000 Einw.), Hamburg (2,0), Sachsen (1,9), Brandenburg (1,8) und Thüringen (1,6) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2). Bei 380 der insgesamt 647 Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor, 373 Nennungen (98 %) entfielen hierbei auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (2,3 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen (2,5) etwas häufiger betroffen waren als Mädchen (2,1). Ein weiterer Altersgipfel trat mit einer Inzidenz von 1,2 in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (s. Abb. 6.2.3).

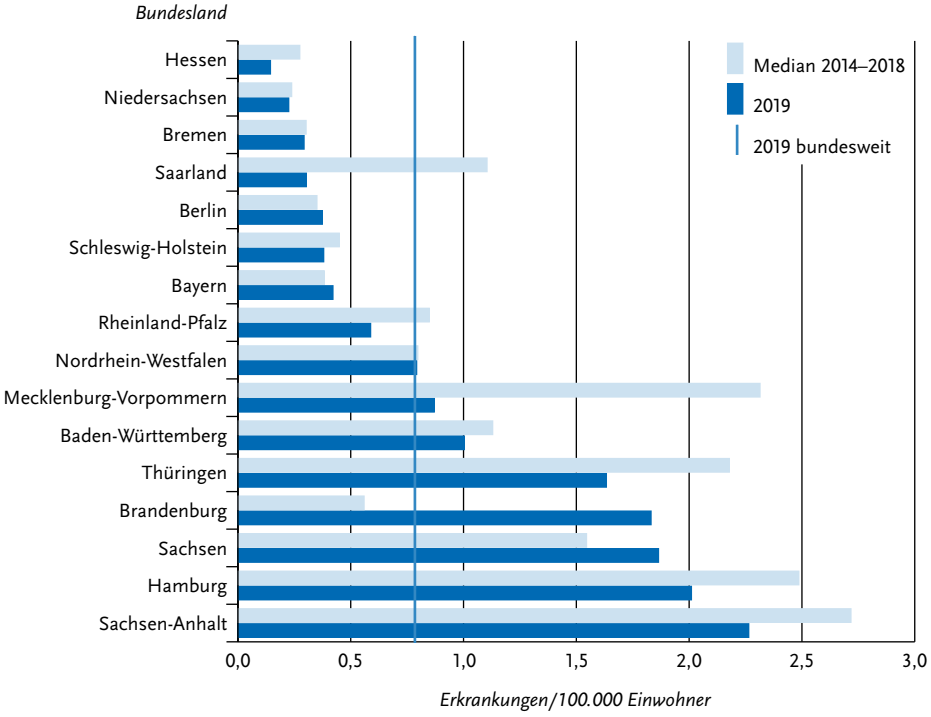
Ausbrüche

Es wurden 13 kleinere Ausbrüche mit insgesamt 30 Fällen und 6 Ausbrüche mit 5 und mehr Erkrankungen erfasst (s. Tab. 6.2.2), darunter ein Ausbruch mit insgesamt 46 Erkrankungen im Umfeld einer Arztpraxis und ein Ausbruch mit 30 Erkrankungen in einem Kindergarten.

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-Konjunktivitiden 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 abgesi-

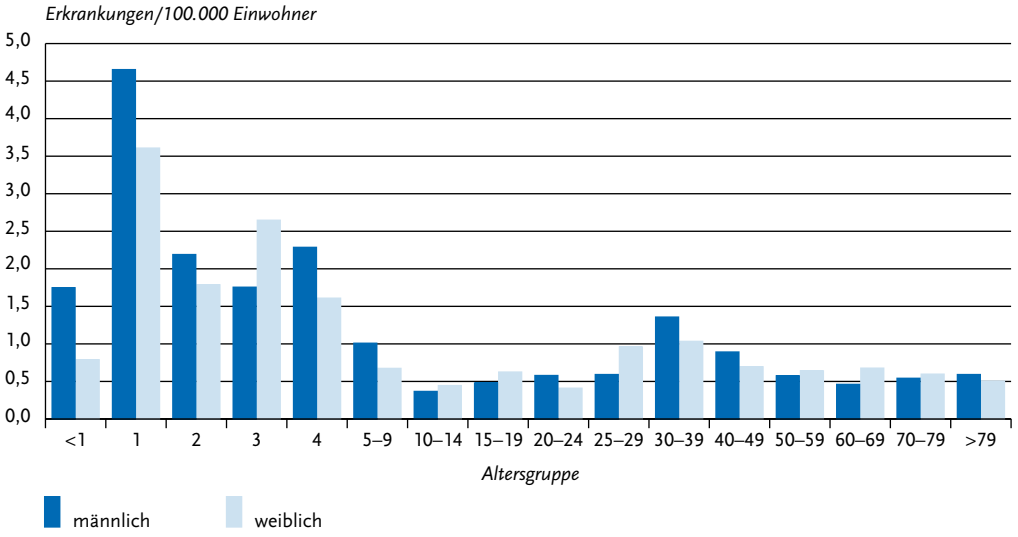
Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=647) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktivitiden, Deutschland, 2018 und 2019

	2018		2019	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit <5 Fällen	9	21	13	30
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	2	45	6	98
Alle Ausbrüche	**11**	**66**	**19**	**128**

Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=647)



chert 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 2019 mit 647 Erkrankungen etwa auf dem Niveau der Vorjahre.

Literaturhinweise

Gonzalez G, Yawata N, Aoki K, Kitaichi N: *Challenges in management of epidemic keratoconjunctivitis with emerging recombinant human adenoviruses.* J Clin Virol 2019. doi: 10.1016/j.jcv.2019.01.004

Muller MP, Siddiqui N, Ivancic R, Wong D: *Adenovirus-related epidemic keratoconjunctivitis outbreak at a hospital-affiliated ophthalmology clinic.* Am J Infect Control. 2018; 46(5): 581–583.

Hage E, Espelage W, Eckmanns T, et al.: *Molecular phylogeny of a novel human adenovirus type 8 strain causing a pro-*

longed, multi-state keratoconjunctivitis epidemic in Germany. Sci Rep. 2017; 7: 40680.
Meyer-Rüsenberg B, Loderstädt U, Richard G, Kaulfers PM, Gesser C: *Epidemic keratoconjunctivitis: the current situation and recommendations for prevention and treatment*. 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-, West-Nil- und Zikavirus gibt es eigene Übermittlungskategorien, sie werden in jeweils eigenen Kapiteln beschrieben (s. Kap. 6.7, 6.11, 6.17, 6.60, 6.63). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischen Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Rifttal-Fieber) werden im Kapitel »Virale Hämorrhagische Fieber« beschrieben. In der Kategorie »Arbovirus-Erkrankung« werden alle übrigen übermittelten Erkrankungen beschrieben.

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.

Sandfliegenfiebervirus: In die »Sandfly Fever Naples Group« der Phleboviren 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 z. B. bei Untersuchungen asymptomatischer Blutspender auf WNV auch Usutuvirus-Infektionen entdeckt werden können.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 wurden in Deutschland 7 Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Darunter sind 4 Erkrankungen an Ross-River-Arthritis nach Australienaufenthalt (2017: 3 Fälle; 2018: 1 Fall) und 3 Toskanavirus-Erkrankungen nach Italienaufenthalten (2017 und 2018: jeweils ein Fall).

Nicht die Referenzdefinition erfüllte eine Usutuvirus-Infektionen bei einem asymptomatischen Blutspender.

Alle 8 seit 2016 gemeldeten Ross-River-Infektionen wurden bei Australienaufenthalten erworben. Dies passt zum begrenzten geografischen Endemiegebiet dieser Infektion. Der Erkrankungsbeginn lag jeweils zwischen Dezember und Anfang April.

Erstaunlich ist jedoch, dass bislang auch alle 5 gemeldeten Toskanavirus-Infektionen nach Italienaufenthalt diagnostiziert wurden (davon 4 mit der genaueren Spezifizierung des Infektionsortes auf die Toskana), während das Virus auch in anderen Ländern rund um das Mittelmeer vorkommt. Möglicherweise treffen in Italien, insbesondere der Toskana, hohe Reisendenzahlen und eine besonders hohe Inzidenz aufeinander, vielleicht existiert aber auch ein differenzialdiagnostischer Bias für eine Toskanavirus-Diagnostik bei Italienrückkehrern.

Literaturhinweise

Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018. doi: 10.1016/j.cmi.2017.05.029

Stahn B, Sudeck H, Frickmann H, et al.: *Sandmückenfieber – eine »vernachlässigte« Krankheit*. Hautarzt 2018; 69: 928–937.

Tappe D, Pérez-Girón JV, Gómez-Medina S, Günther S, Muñoz-Fontela C, Schmidt-Chanasit J: *Increased proinflammatory cytokine levels in prolonged arthralgia in Ross River virus infection*. Emerg Infect Dis 2017. doi: 10.3201/eid2304.160466

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

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).

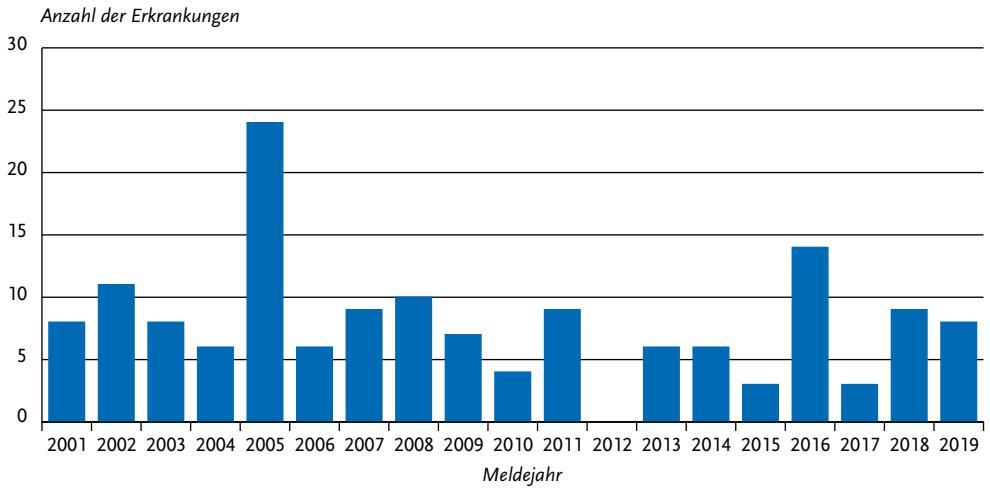
Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 wurden 8 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2018: 9 Erkrankungen). Sechs Erkrankungen waren lebensmittelbedingt, zweimal trat Säuglingsbotulismus auf. Alle Erkrankungen wurden in Deutschland erworben (s. Abb. 6.4.1). Die Erkrankungen traten bei einer 59-jährigen Frau, 5 Männern zwischen 33 und 75 Jahren, einem männlichen Säugling von 8 Monaten und einem weiblichen Säugling im Alter von circa einem Monat auf.

Ein Ehepaar erkrankte nach dem Verzehr von selbst eingemachtem Gemüse, das es von Familienangehörigen aus Italien mitgebracht hatte. Es konnten sowohl in dem Gemüse als auch bei der Ehefrau Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen werden. Ein 75-jähriger Mann erkrankte nach Verzehr von privat hergestellter Blutwurst aus Hausschlachtung. Bei ihm konnte Botulinum-Neurotoxin Serotyp B festgestellt werden. Lebensmittelproben waren nicht mehr vorhanden.

Bei einem 53-jährigen Mann konnte Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen werden. Verdächtige Lebensmittel (selbst eingekochtes Gemüse und Obst) wurden negativ getestet. Bei einem 33-jährigen Mann wurde labordiagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen, das Lebensmittel (gekochte Mettwurst/

Abb. 6.4.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Bratwurst im Glas) wurde ebenfalls positiv auf *Clostridium botulinum* Typ B getestet.

Die Erkrankung eines 43-jährigen Mannes wurde auf den Verzehr von Trockenfisch zurückgeführt. Sowohl im Fisch als auch im Patienten wurde labordiagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Botulinum-Neurotoxin Serotyp E nachgewiesen.

Bei einem 8-monatigen männlichen Säugling wurde Botulinum-Neurotoxin Serotyp A gefunden, im verzehrten Honig wurde *Clostridium botulinum* Serotyp A, jedoch nicht das Toxin nachgewiesen.

Ein wenige Wochen alter weiblicher Säugling erkrankte ebenfalls nach Verzehr von Honig, der möglicherweise aus privater Produktion stammte. Sowohl im Honig als auch bei dem Säugling gelang der Nachweis von Botulinum-Neurotoxin Serotyp A.

Kein Fall, der die Referenzdefinition erfüllte, wurde als verstorben übermittelt.

Literaturhinweise

Campbell A J, Knight G, Walsh P, et al.: *Effective treatment of infant botulism on day 13 after symptom onset with human botulism 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 Infektionen besteht. Die Falldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 wurden wie im Vorjahr 37 Brucellose-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.5.1). Es erkrankten 17 Männer und 20 Frauen. Bei Männern traten die höchsten Inzidenzen in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen (0,12 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) und bei Frauen in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (0,13 Erkr./100.000 Einw.) auf. Fünf Erkrankungen betrafen Kinder. Aus 11 Bundesländern wurden zwischen ein und 8 Erkrankungen übermittelt.

Für 30 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (31 Nennungen); für 25 Erkrankungen (83 %) lag dieses im Ausland (25 Nennungen). Am häufigsten wurden hier die Türkei (6 Nennungen), Irak (5) und Spanien (3) genannt. Bei 18 von 18 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde *B. melitensis* als Erreger angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

Literaturhinweise

Enkelmann J, Stark K, Faber M: *Epidemiological trends of notified human brucellosis in Germany, 2006–2018*. Int J Infect Dis 2020. doi: 10.1016/j.ijid.2020.02.019

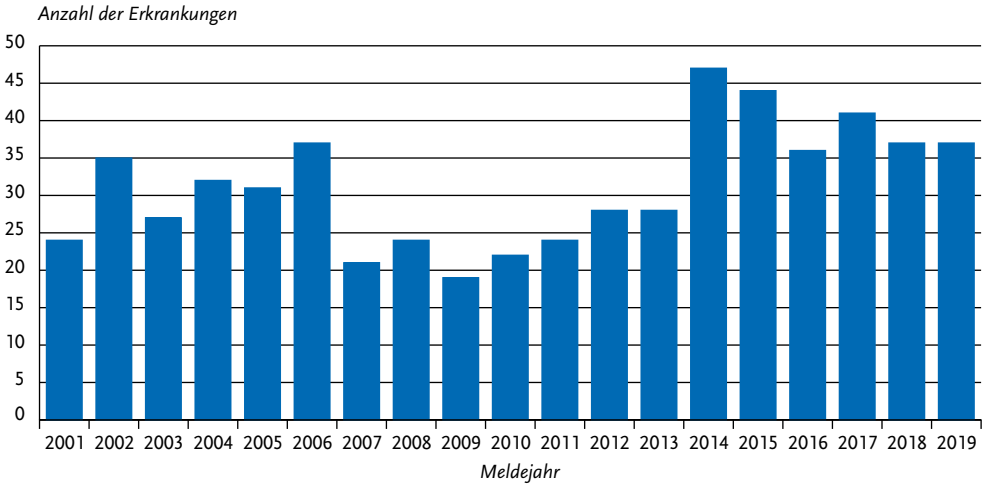
Vollmar P, Zange S, Zöller L, et al.: *Brucellose. Überblick und aktuelle Bedeutung*. Dtsch Med Wochenschr 2016; 141: 1014–1018.

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, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



6.6 *Campylobacter*-Enteritis

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **61.526**
- Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- Inzidenz um 14 % niedriger als der Median der 5 Vorjahre
- Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- Meist sporadische Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit 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 Lähmungserscheinungen einhergehende Nervenerkrankung) auftreten.

Falldefinition

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

Verlauf

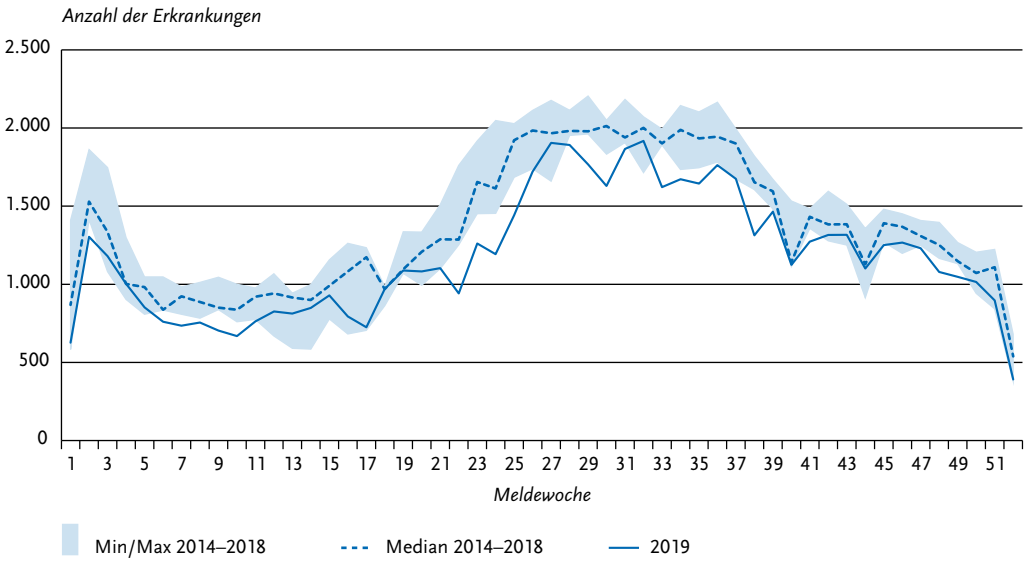
Im Jahr 2019 wurden insgesamt 61.526 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 74 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2019 um 9 % niedriger als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis die zweithäufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2019.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juli bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang (2. bis 4. 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 Januartagen (s. Abb. 6.6.1).

Tab. 6.6.1:
Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	287	0 %	272	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	67.646	88 %	61.254	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	689	1 %	640	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7.868	10 %	7.871	11 %
alle	76.490	100 %	70.037	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**67.933**	**89 %**	**61.526**	**88 %**

Abb. 6.6.1:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2019 (n=61.526) im Vergleich mit den Vorjahren

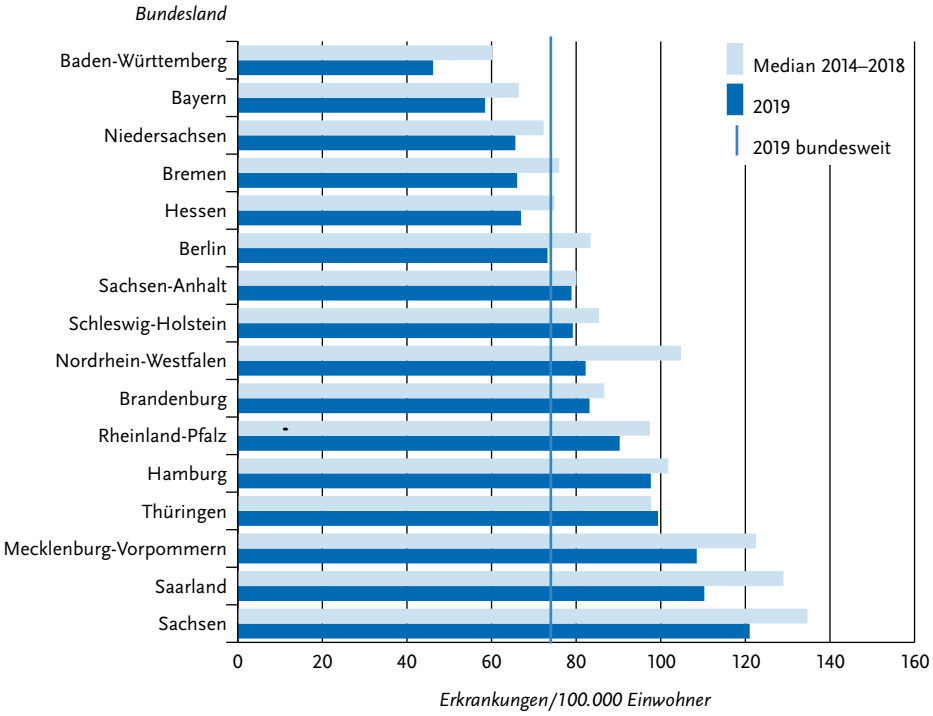


Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (121 Erkr./100.000 Einw.), im Saarland (110) und in Mecklenburg-Vorpommern (108) registriert. In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Thüringen, lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2014 bis 2018 (s. Abb. 6.6.2). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der Vorjahre war in Baden-Württemberg (23 %), Nordrhein-Westfalen (22 %) und im Saarland (15 %) am stärksten. In Thüringen war eine leichte Zunahme (2 %) zu verzeichnen.

Für 37.598 (61 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (38.038 Nennungen). Dabei entfielen 84 % der Nennungen (32.021) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren in Europa Spanien (644 Nennungen), Italien (291), Frankreich und Portugal (jeweils 247) sowie außerhalb von Europa die Tür-

Abb. 6.6.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=61.520) im Vergleich mit den Vorjahren



kei (425), Marokko (403), Indonesien (361) und Thailand (326).

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 111 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (108) und den 25- bis 29-Jährigen (101) am höchsten. Jungen und Männer (81 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (67). Lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher als bei den Männern (s. Abb. 6.6.3).

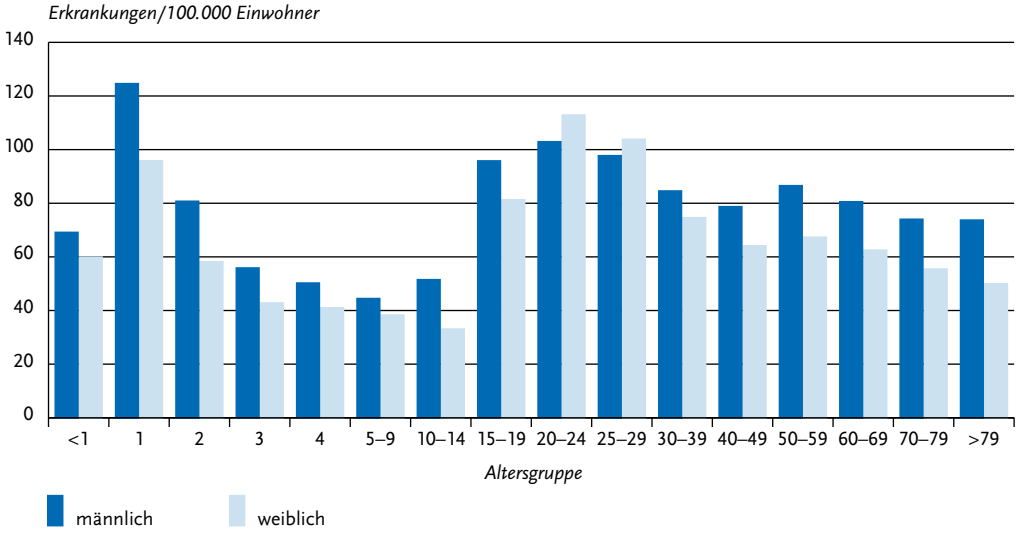
Nachgewiesene Erreger

Zu 42.585 (69 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 73 % auf *C. jejuni*, 10 % auf *C. coli* und 14 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. upsaliensis*, *C. lari* und *C. fetus*, entfielen jeweils weniger als 0,2 % der Angaben.

Klinische Aspekte

Für 61.395 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (131.932 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (99 % der Erkrankungen mit den entsprechenden Angaben), gefolgt von Bauchschmerzen (69 %), Fieber (32 %) und Erbrechen (15 %). Im Jahr 2019 wurden 4 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 3 Männer und eine Frau im Alter zwischen 63 und 82 Jahren.

Abb. 6.6.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=61.379)



Ausbrüche

Es wurden insgesamt 387 Ausbrüche mit 901 Erkrankungen übermittelt; das entsprach einer leichten Zunahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 3 %. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 1,5 %. Es wurden 379 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 828 Erkrankungen) und 8 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 73 Erkrankungen) übermittelt. Der größte Ausbruch (22 Erkrankungen) war lebensmittelbedingt und wurde aus Niedersachsen übermittelt. Als verdächtige Lebensmittelkategorie wurde »Schweinefleisch/Schweinefleischerzeugnisse« angegeben.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2019 mit etwa 61.500 deutlich unter dem Niveau der 5 Vorjahre (2014 bis 2018: zwischen 67.933 und 74.075) und unter dem Median der Jahre 2001–2018 (64.195). Ein Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Vorjahr konnte in allen Bundesländern, mit Ausnahme von Thüringen, beobachtet werden. Im Jahr 2019 war die Inzidenz in allen Altersgruppen, mit Ausnahme der unter Einjährigen, niedriger als im Vorjahr.

Literaturhinweise

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. doi: 10.1038/s41598-017-05227-x

Gölz 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. doi: 10.1186/1471-2334-14-30

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

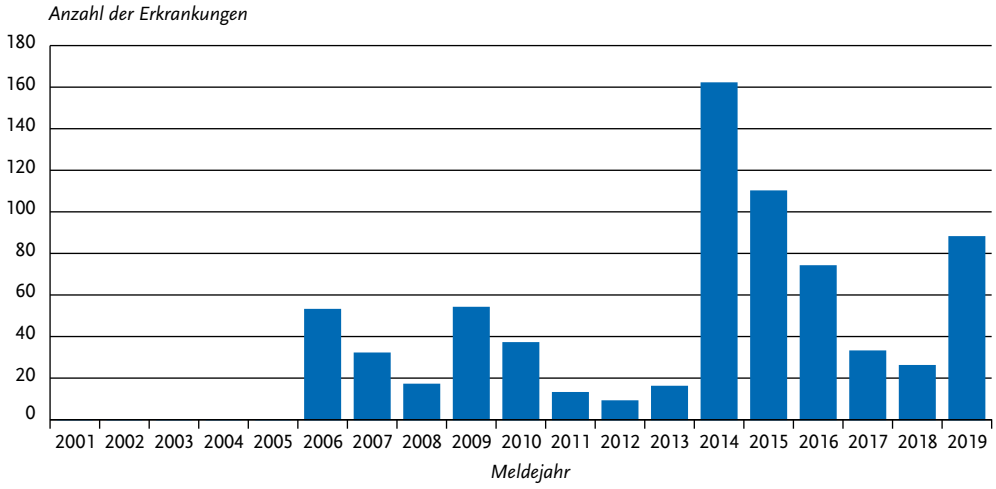
Das Chikungunyavirus gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern (z. B. dem Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. den Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch 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 Gelenkbeschwerden 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.

Situation in Deutschland

In Deutschland wurden 2019 88 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten (2018: 26 Fälle). Während die Fallzahlen in Deutschland von einem Höhepunkt 2014 bis einschließlich 2018 ständig abgenommen hatten, stiegen sie 2019 wieder an (s. Abb. 6.7.1). Dies war vor allem durch einen starken Ausbruch in Thailand bedingt, der schon seit Ende 2018 auch Reiserückkehrer aus Deutschland betraf.

Im Jahr 2019 erkrankten 38 Frauen und 50 Männer; 85 % aller Erkrankungen traten in den Altersgruppen der 25- bis 69-Jährigen auf. Todesfälle wurden nicht übermittelt. Für 85 Erkrankungen lagen 90 Nennungen zu wahrscheinlichen Infektionsländern vor (Mehrfachnennungen möglich, s. Tab. 6.7.1). Alle Fälle mit Angabe zum Infektionsland hatten eine mögliche Exposition außerhalb Europas bzw. in französischen Überseegebieten. Hinweise auf autochthone Infektionen gab es nicht. Mit Abstand die meisten Chikungunyavirus-Infektionen wurden in Thailand (45 Nennungen) erworben, gefolgt von Myanmar

Abb. 6.7.1:
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



(15 Nennungen). Der Anteil der Erkrankungen mit wahrscheinlichem Infektionsland in Asien betrug 2019 88 %.

Tab. 6.7.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyavirus-Erkrankungen (Mehrfachnennungen möglich), Deutschland, 2019

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	45	49 %
Myanmar	15	16 %
Malediven	6	7 %
Indien	5	5 %
Brasilien	3	3 %
Sri Lanka	3	3 %
Frankreich	2	2 %
Andere	12	13 %
Summe	**91**	**100 %**

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

Venturi G, Aberle SW, Avšič-Županc T, et al.: *Specialist laboratory networks as preparedness and response tool – the Emerging Viral Diseases-Expert Laboratory Network and the Chikungunya outbreak, Thailand, 2019*. Euro Surveill 2020. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.13.1900438

Díaz-Menéndez M, Trigo Esteban E, Ujiie M, et al.: *Travel-associated chikungunya acquired in Myanmar in 2019*. Euro Surveill 2020. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.1.1900721

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.

RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019; 27: 246.

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

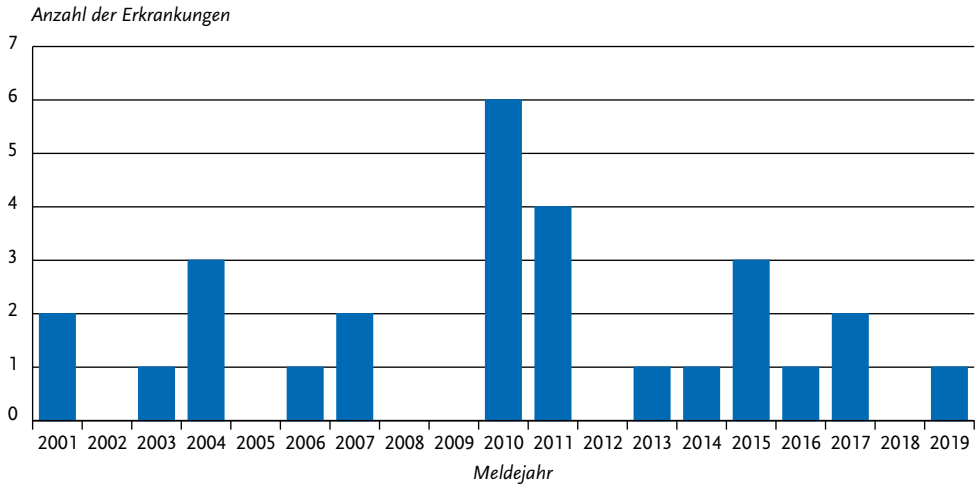
Im Jahr 2019 wurde eine Cholera-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.8.1) Die Betroffene war 57 Jahre alt, ihr Impfstatus ist nicht bekannt. Die Infektion wurde durch *Vibrio cholerae* der Serogruppe O1 verursacht. Als wahrscheinliches Infektionsland wurde Indien angegeben. Ausgehend von reiseassoziierten Erkrankungen sind dem RKI seit 2001 keine Übertragungen innerhalb Deutschlands bekannt.

Literaturhinweise

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

Abb. 6.8.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **89**
- Fallzahl im Jahr 2019 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 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 stattfindende 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.

Falldefinition

Seit der Version 2015 der Falldefinitionen 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 2019 wurden dem RKI 89 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.9.1). Damit liegt die Anzahl der übermittelten Fälle etwas höher als im Jahr 2018 (s. Abb. 6.9.1).

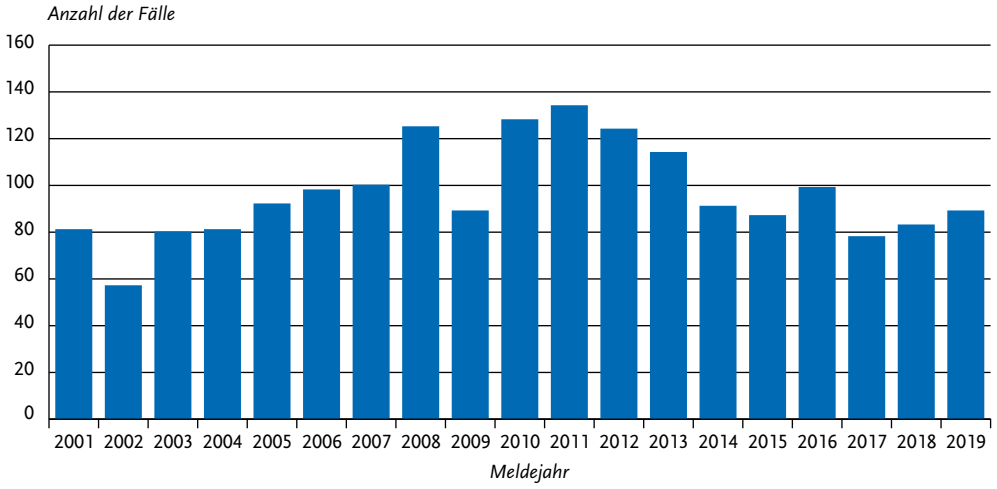
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Die meisten Fälle

Tab. 6.9.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	49	59 %	42	47 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	28	34 %	42	47 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	7 %	5	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	83	100 %	89	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	**83**	**100 %**	**89**	**100 %**

Abb. 6.9.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



wurden aus Nordrhein-Westfalen und Bayern übermittelt (jeweils 19 und 15 Fälle). Alle Bundesländer haben in 2019 Fälle übermittelt außer Bremen. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

Ein CJK Fall trat in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen auf, der Rest der übermittelten Fälle trat bei Personen 50 Jahre und älter auf. Die Inzidenz war mit 0,5 pro 100.000 Einwohner in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Männer am höchsten. Bei Frauen dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz 0,3 pro 100.000 Einwohner.

Männer waren mit 48 Fällen häufiger betroffen als Frauen mit 41 Fällen.

Klinische Aspekte

Bei 45 der 89 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 38 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 7 Fällen war die Todesursache unbekannt bzw. anderer Genese. 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 2019 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle (42; 47 %) als klinisch bestätigt übermittelt. Dies erfolgte entsprechend der klinischen Beurteilung des Nationalen Referenzzentrums für TSE (transmissible spongiforme Enzephalopathien) in Göttingen. Der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle liegt im Jahr 2019 bei 47 % und ist im Vergleich zu 2018 gestiegen (34 %). 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 2019 lag die CJK-Fallzahl etwas höher als im Jahr 2018. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch 2019 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

Zafar S, Noor A, Zerr I: *Therapies for prion diseases*. Handb Clin Neurol 2019; 165: 47–58.

Hermann P, Laux M, Glatzel M, et al.: *Validation and utilization of amended diagnostic criteria in Creutzfeldt-Jakob disease surveillance*. Neurology 2018. doi: 10.1212/WNL.0000000000005860

Zerr I, Hermann P: *Diagnostic challenges in rapidly progressive dementia*. Expert Rev Neurother 2018; 18: 761–772.

Zerr I, Schmitz M, Karch A, et al.: *Cerebrospinal fluid neurofilament light levels in neurodegenerative dementia: Evaluation of diagnostic accuracy in the differential diagnosis of prion diseases*. Alzheimers Dement 2018. doi: 10.1016/j.jalz.2017.12.008

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 2019: **2.262**
- Inzidenz von 2,7 Erkr./100.000 Einw. (Abnahme im Vergleich zu 2018)
- 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 Krankheits-

bilder 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 2019 wurden 2.262 *C.-difficile*-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten.

Zeitlicher Verlauf

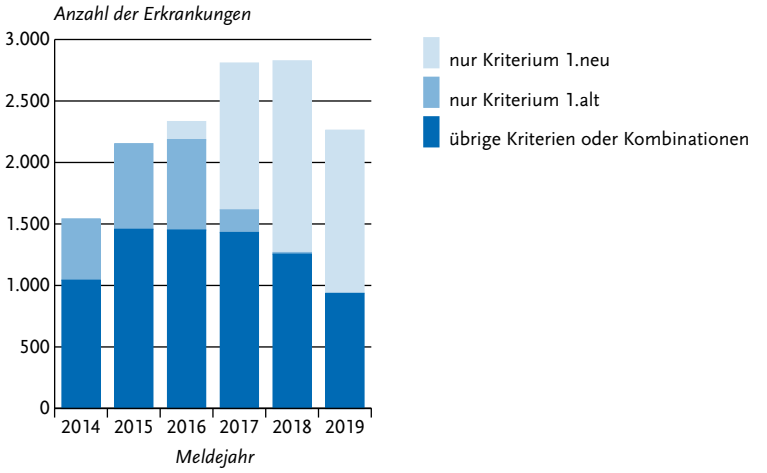
Insgesamt wurden 2.262 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten. Die bundesweite Inzidenz lag damit im Jahr 2019 bei 2,7 Erkr./100.000 Einw. und ist im Vergleich zu den Jahren 2017 und 2018 abfallend.

Es wurden im Jahr 2019 keine Erkrankungen mehr nach dem alten Kriterium (1. alt) ›Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten Infektion‹ übermittelt. Insgesamt wurden 1.327 Erkrankungen allein aufgrund des 2016 neu formulierten Kriteriums (1. neu) ›Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung‹ übermittelt. Im Vergleich zu 2018 ist eine Abnahme der allein auf Kriterium 1.neu zurückzuführenden Übermittlungen zu verzeichnen. Insgesamt erfüllten 935 Erkrankungen Kriterien, die durch die Änderung der Falldefinition nicht beeinflusst wurden (2 bis 4). Hier zeigt sich im Vergleich zu den Jahren 2017 und 2018 ebenso ein Rückgang der übermittelten Erkrankungen (s. Abb. 6.10.1).

Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,4 Erkran-

Abb. 6.10.1:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2019



kungen pro 100.000 Einwohner im Saarland und 6,1 in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 2,7 (2018: 3,4) Erkr./100.000 Einw. In 12 Bundesländern zeigt sich im Vergleich zu 2017 und 2018 ein deutlicher Abfall der Inzidenz, in Hessen ist die Inzidenz unverändert und in Baden-Württemberg, Schleswig-Holstein und Sachsen ist ein leichter Anstieg zu verzeichnen (s. Abb. 6.10.2).

Demografische Verteilung

C.-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 1.619 Erkrankte (72 %) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,7 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 1,2, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,6 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 6,9. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 20,2 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. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 2,5 und bei Frauen bei 3 Erkr./100.000 Einw.

Klinische Aspekte

Das Kriterium (1.neu) ›Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung‹ war 1.579-mal (70 %) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium ›Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation‹ wurde bei 404 (18 %) Erkrankungen angegeben. Ein ›chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis‹ wurde bei 64 (3 %) der Erkrankungen genannt.

Bei 651 (29 %) Erkrankungen wurde ›Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer

Abb. 6.10.2:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=2.262)

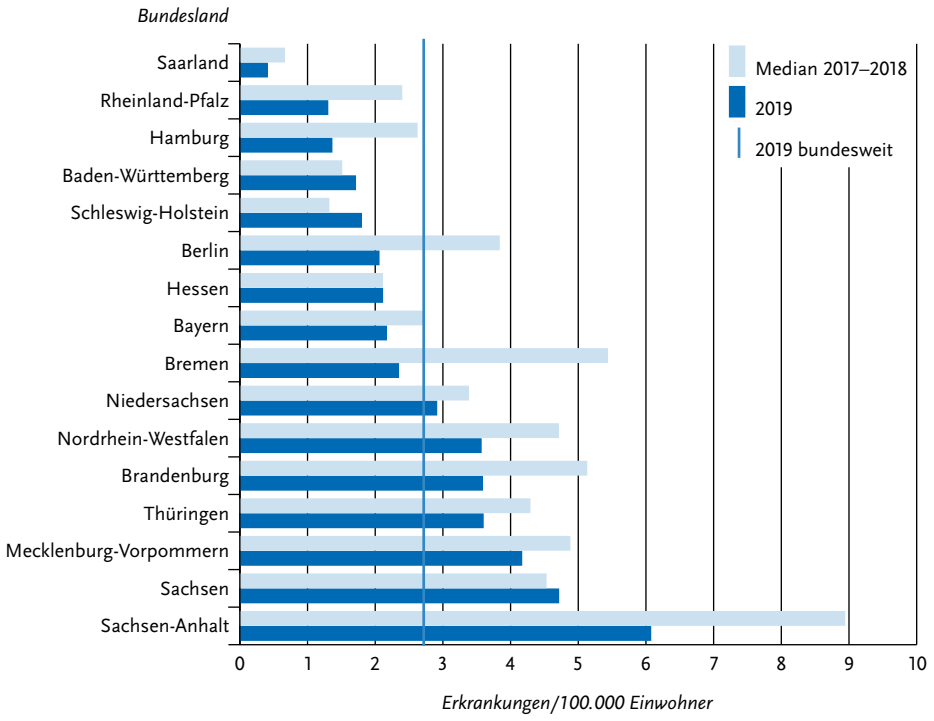
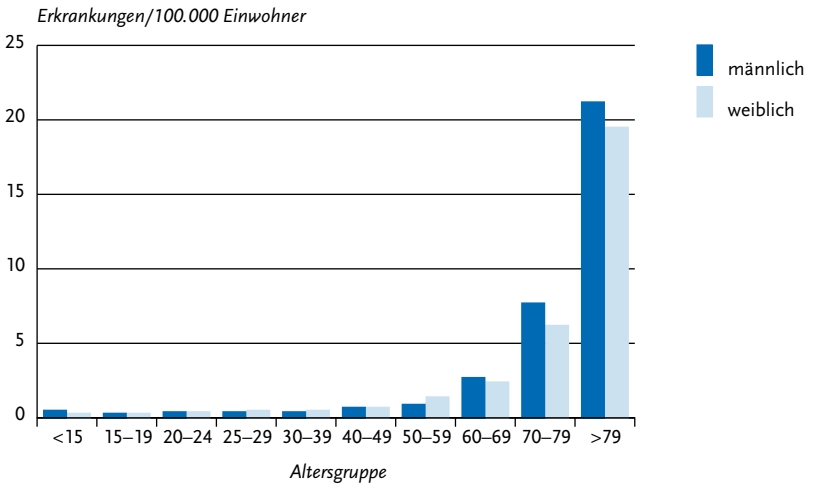


Abb. 6.10.3:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2019 (n=2.257)



C.-difficile-Erkrankung und Wertung der *C.-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung‹ angegeben.

Fazit

Die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C.-difficile*-Erkrankungen ist mit 2,7 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2017 und 2018 um 20 % gesunken. Auf regionaler Ebene ist der Rückgang der Inzidenz auf einen Rückgang der Übermittlungen in 12 Bundesländern zurückzuführen und betrifft die Übermittlung aller 4 Melde- und Übermittlungskriterien. Eine Ursache für den Rückgang der Inzidenz ist anhand der übermittelten Daten nicht erkennbar. Eine Evaluation des Meldesystems für *C.-difficile*-Erkrankungen mit schwerer Verlaufsform wird aktuell vorbereitet.

Literaturhinweise

Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): *Hygienemaßnahmen bei Clostridioides difficile-Infektion (CDI)*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62: 906–923.

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 2019*. www.nrz-hygiene.de/fileadmin/nrz/module/cdad/201901_201912_CDAD_Ref_DE.pdf

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

6.11 Denguefieber

- Fälle nach Referenzdefinition 2018: **1.176**
- Verdopplung der Fälle gegenüber dem Vorjahr und höchste Fallzahl seit Beginn der Erfassung (2001)
- Alle Infektionen wurden (abgesehen von einer Nadelstichverletzung in Deutschland) im Ausland erworben, ungefähr ein Drittel davon in Thailand

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 fieberhafte Erkrankung mit Kopf- und Gliederschmerzen und gelegentlich Hautausschlag. Die schweren, zum Teil tödlichen Verlaufsformen mit diffusen Blutungen (hämorrhagisches Denguefieber) und Kreislaufversagen (Dengue-Schock-Syndrom) 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 2019 wurden 1.176 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt, 23 % mehr als im Jahr 2016, in dem mit 956 die bislang höchste jährliche Fallzahl verzeichnet wurde (s. Abb. 6.11.1). Die Inzidenz betrug 1,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und hat sich gegenüber dem Vorjahr 2018 nahezu verdoppelt. Erkrankungen wurden das ganze Jahr hindurch mit höheren Fallzahlen in den Quartalen II und IV übermittelt.

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (4,0 Erkr./100.000 Einw.), Hamburg (3,0 Erkr./100.000 Einw.) und Bayern (2,1 Erkr./100.000 Einw.).

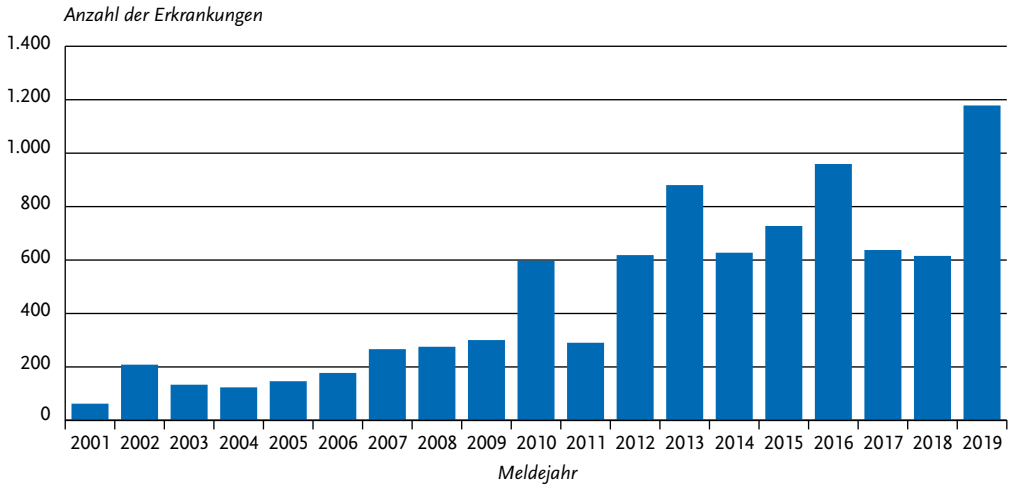
Zu 1.172 Erkrankungen lagen 1.242 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.11.2 sind die 10 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (31 % der Nennungen, Vorjahr: 38 %). Es folgten Indonesien (8 %), Indien und Kuba (jeweils 6 %) und Mexiko (5 %).

Im Vergleich zum Vorjahr wurden anteilig etwas mehr Infektionen in Süd- und Mittelamerika erworben (21 %; Vorjahr: 12 %), und etwas weniger in Asien (70 %; Vorjahr: 77 %). Auf afrikanische Länder entfielen 6 % (Vorjahr: 8 %), Australien/Ozeanien blieb bei 1 %. Für 21 Erkrankungen wurden europäische Staaten als Infektionsländer übermittelt (2 %; Vorjahr: 13 Erkrankungen, 2 %): 5-mal wurde neben einem Aufenthalt in Dengue-Endemieregionen zusätzlich ein Aufenthalt in Deutschland angegeben; 14 Erkrankte hatten Reiseanamnesen in französischen Überseegebieten oder Départements (11-mal Franz. Polynesien, 3-mal La Réunion). Eine Patientin hatte sich vor Erkrankungsbeginn Ende August in der Provence (u. a. in Nizza und Cannes) aufgehalten. Zeitlich und

Tab. 6.11.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	613	93 %	1.176	91 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	25	4 %	37	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	24	4 %	76	6 %
alle	662	100 %	1.289	100 %
Referenzdefinition (C)	**613**	**93 %**	**1.176**	**91 %**

Abb. 6.11.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Tab. 6.11.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 1.172 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	379	31 %
Indonesien	101	8 %
Indien	79	6 %
Kuba	78	6 %
Mexiko	65	5 %
Vietnam	50	4 %
Sri Lanka	46	4 %
Malediven	43	3 %
Kambodscha	38	3 %
Philippinen	34	3 %
Andere	329	26 %
Summe	**1.242**	**100 %**

räumlich nahe war in Vallauris bei Cannes ein kleines Cluster von autochthonen Denguefieberfällen bekannt. Leider wurde der Fall erst spät gemeldet und es konnten keine weiteren Details zum Aufenthalt in Frankreich erfragt werden; als Labornachweis lagen ein Antigennachweis und Serologie vor. Ein gemeldeter Fall ging in Deutschland auf eine Nadelstichverletzung zurück.

Insgesamt verteilt sich der starke Anstieg der Fallzahlen auf viele Länder, vor allem in Asien und den Amerikas. Die Anzahl der nach Malediven-Reisen gemeldeten Infektionen war ein zweites Jahr in Folge deutlich erhöht (2015 bis 2017 jeweils 17 Erkrankte; 2018: 32; 2019: 43). Im Vergleich zum Vorjahr waren in Asien die Fallzahlen aus Indonesien, den Philippinen und Nepal stark erhöht; in den Amerikas aus Jamaika, Brasilien, der Dominikanischen Republik und Mexiko.

Nach Aufenthalten an der ägyptischen Küste des Roten Meeres wurden im Berichtsjahr 5 Fälle mit Erkrankungsbeginn im April, Mai und Oktober 2019 übermittelt. Im Jahr 2017 hatte es in Ägypten – kein klassisches Dengue-Endemieland – einen größeren Ausbruch gegeben, in dessen Rahmen sich auch 7 Reisende aus Deutschland infiziert hatten; 2018 wurden 4 derartige Fälle gemeldet.

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 2019 wurden 3 Fälle übermittelt, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf erfüllen. Alle 3 Patienten (28 bis 38 Jahre alt, 2 Frauen und ein Mann) infizierten sich in Thailand, 2 von ihnen mussten stationär behandelt werden. Fälle von Dengue-Schock-Syndrom oder Todesfälle wurden auch 2019 nicht übermittelt.

Datenqualität

Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig waren, 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

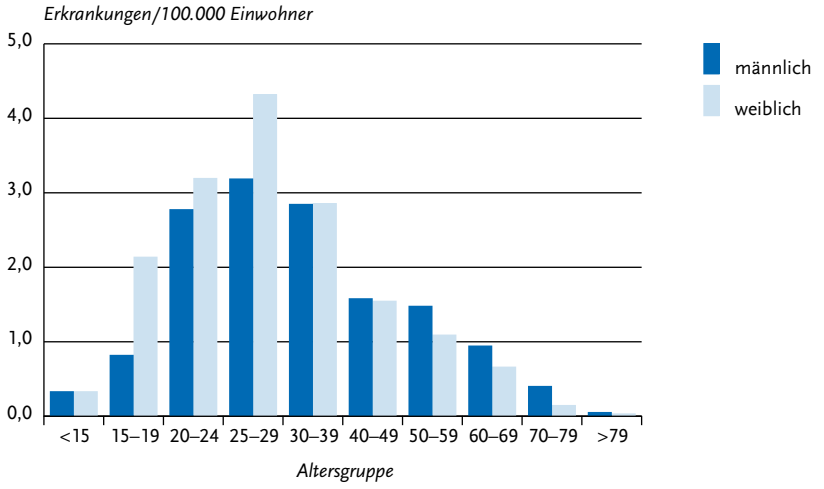
Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie von Veränderungen in den Reiseströmen. In Bezug auf die jährlich hohen Fallzahlen nach 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. doi: 10.3201/eid2404.172131

Abb. 6.11.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.170)



Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57: 557–567.
Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.
RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019; 27: 246.

6.12 Diphtherie

Kurzbeschreibung

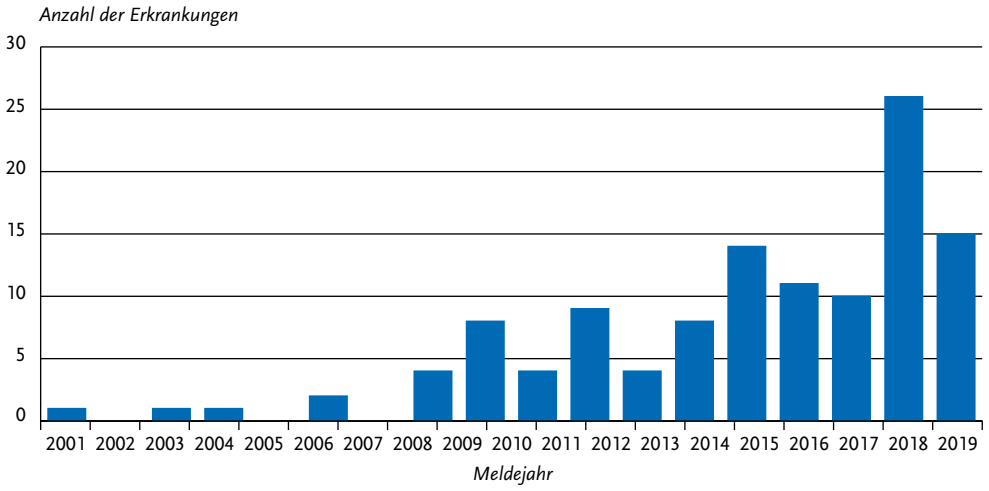
Diphtherie wird klassischerweise durch toxinproduzierende Bakterien der Art *Corynebacterium (C.) diphtheriae* hervorgerufen, kann aber auch durch die zoonotischen Erreger *C. ulcerans* oder (sehr selten) *C. pseudotuberculosis* verursacht werden. Diphtherie kann sich als schwere Rachenentzündung manifestieren (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 2019 wurden 15 Diphtherie-Erkrankungen übermittelt, die alle die Referenzdefinition erfüllten. Im Vergleich zum Vorjahr (2018: 26 Fälle) nahm die Anzahl um 11 Fälle ab (s. Abb. 6.12.1). Die Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen (5), Niedersachsen, Brandenburg (jeweils 2), Bremen, Thüringen, Sachsen, Hessen, Baden-Württemberg und Bayern (jeweils 1 Fall) übermittelt.

Alle 15 Erkrankungen manifestierten sich als Hautdiphtherie. Bei 12 Erkrankungen wurde der Erreger *C. ulcerans* nachgewiesen, bei den verbleibenden 3 Fällen *C. diphtheriae*. Bei einem durch *C. diphtheriae* verursachten Fall lag zusätzlich der Biotyp vor, der den *C.-diphtheriae*-Stamm anhand biochemischer Kriterien weiter differenziert (*C. diphtheriae mitis*). Als wahrscheinliches Infektionsland wurde bei 8 Erkrankungen Deutschland

Abb. 6.12.1:
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



angegeben, bei jeweils einer Erkrankung Sri Lanka, Thailand bzw. Ägypten. Für 4 Erkrankungen wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt. Die Erkrankungen betrafen 4 Frauen und 11 Männer im Alter von 21 bis 79 Jahren.

Angaben zum Impfstatus lagen bei 12 der 15 Erkrankungen vor. Demnach waren 4 Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung ungeimpft. Bei den 8 geimpften Erkrankten lag die letzte Impfung zwar nicht mehr als 10 Jahre zurück, jedoch war nur bei 5 von ihnen auch die Anzahl der insgesamt erhaltenen Impfstoffdosen angegeben, anhand derer die Vollständigkeit des Impfstatus beurteilt werden kann. Bei 2 von ihnen war nur eine Impfung dokumentiert, so dass zum Zeitpunkt der Erkrankung kein ausreichender Impfschutz vorlag. Die anderen 3 Erkrankten hatten jeweils ≥ 6 Impfungen erhalten: 2 durch *C. ulcerans* Erkrankte hatten 9 bzw. 10 Impfungen in der Vergangenheit erhalten, ein durch *C. diphtheriae* Erkrankter hatte 6 Impfungen erhalten. Auch wenn für einen dieser 3 Fälle der Erkrankungsbeginn nicht bekannt ist, kann anhand der übermittelten Angaben zum Alter bei Meldung (42, 60 bzw. 62 Jahre) ein vollständiger Impfschutz zum Zeitpunkt der Erkrankung angenommen und in diesen Fällen ein mögliches Impfversagen vermutet werden.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

Fazit

Im Vergleich zum Vorjahr, mit der höchsten Anzahl übermittelter Diphtherie-Erkrankungen seit 2001, ist die Fallzahl 2019 um 42 % gesunken und liegt damit etwa wieder auf Höhe des Jahres 2015.

Bei allen Fällen handelte es sich um Fälle von Hautdiphtherie, die zu 80 % durch toxigene *C. ulcerans* bedingt waren. Der prozentuale Anteil von *C.-ulcerans*-bedingten Fällen blieb somit im Vergleich zu den Jahren 2017 und 2018 annähernd konstant (2017: 80 %, 2018: 73 %). Die Datenlage zum Impfstatus der Erkrankten (inkl. Anzahl und Zeitpunkt von Impfungen) hat sich verbessert. So lagen für 80 % der Erkrankten Angaben zum Impfstatus vor, für alle Geimpften der Zeitpunkt der letzten Impfung und in > 60 % der Fälle auch Angaben zur Anzahl der Impfungen. In 3 Erkrankungsfällen kann ein mögliches Impfversagen vermutet werden. Es kann abschließend nicht beurteilt werden, ob das Impfversagen in den genannten Fällen Zeichen einer verminderten Impfeffektivität ist (z. B. aufgrund einer zugrundliegenden Vorerkrankung und/oder einer verminderten Wirksamkeit des Impfstoffs gegenüber *C. ulcerans*) oder Ausdruck von Zufallsbefunden. Letztere können vor allem bei Haut-/Wundinfektionen durch die verbesserte und immer weiter verbreitete Nachweismethode von *C.* spp. mittels MALDI-TOF-MS (z. T. auch mit Nachweis mehrerer Erreger) entstehen, ohne dass initial ein klinischer Diphtherieverdacht bestand. Da sich die Diphtherie-Impfung gegen das Diphtherietoxin richtet und nicht gegen den Diphtherie-Erreger, kann es auch bei Geimpften zu einer Besiedelung mit toxigenen Erregern kommen, ohne dass Toxin-bedingte Symptome vorliegen.

Das Robert Koch-Institut führt seit Frühjahr 2019 eine intensivierte Diphtherie-Surveillance durch, um zusätzliche Informationen zu Diphtherie-Erkrankungen wie z. B. zu Infektionsrisiken und Erkrankungsmanifestationen zu erfassen. Ergänzend werden in der geplanten Gesundheits- und Ernährungsstudie in Deutschland (gern-Studie) des Robert Koch-Instituts Daten zur serologisch bestimmten Immunitätslage von Erwachsenen gegenüber Diphtherie erhoben. Anhand dieser Daten könnten u. a. die Ursachen eines Impfversagens genauer identifiziert werden.

Literaturhinweise

Dangel A, Berger A, Konrad R, Sing A: *NGS-based phylogeny of diphtheria-related pathogenicity factors in different Corynebacterium spp. implies species-specific virulence transmission*. BMC Microbiology 2019. doi: 10.1186/s12866-019-1402-1

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

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 78 Fälle (63 %) als zystische Echinokokkose und 35 (28 %) als alveoläre Echinokokkose eingeordnet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 11-mal (9 %) gemeldet (s. Tab. 6.13.1).

Zystische Echinokokkose

Die 78 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 12 Bundesländern gemeldet: Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen jeweils 17 Fälle, Bayern 9, Hessen 8, Niedersachsen 7, Rheinland-Pfalz 6, Hamburg 5, Berlin 4, Sachsen-Anhalt 2 und Saarland, Sachsen und Schleswig-Holstein 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 55 Meldungen (71 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 2 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 11 in Syrien, 9 in Bulgarien, jeweils 7 im Irak und in der Türkei, 4 in Rumänien,

Tab. 6.13.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2019

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	2	25	3	30
Syrien	11			11
Bulgarien	9			9
Irak	7		1	8
Türkei	7	1		8
Rumänien	4			4
Afghanistan	3		1	4
Andere	12	3	2	17
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	55	29	7	91
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	23	6	4	33
Summe Fälle	**78**	**35**	**11**	**124**

3 in Afghanistan, sowie weitere 12 in anderen Ländern (s. Tab. 6.13.1).

Eine Angabe des Geschlechts lag für alle 78 Personen vor. Demnach erkrankten 40 Personen männlichen und 38 Personen weiblichen Geschlechts an zystischer Echinokokkose. Über 85 % der Erkrankten waren 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 4 Jungen und 7 Mädchen im Alter von 0 bis 19 Jahren an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2001 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 74 Fällen. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2016, mit einer deutlich höheren Fallzahl von 122 Fällen (s. Abb. 6.13.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2019 wurden insgesamt 35 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Patienten aus 7 Bundesländern: Baden-Württemberg 14 Fälle, Bayern 12, Hessen 4, Nordrhein-Westfalen 2 und jeweils ein Fall aus Berlin, Rheinland-Pfalz 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 29 Fälle (83 %) vor, darunter entfielen 25 (86 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.13.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden die Dominikanische Republik, Italien, Polen und die Türkei je einmal genannt. Zu den 35 Erkrankten zählten 15 männliche und 20 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 20 Jahre waren betroffen, sowie ein Mädchen im Alter von 5 bis 9 Jahren.

Die Meldezahlen im Jahr 2019 sind vergleichbar mit den Meldezahlen der Vorjahre, abgesehen von einer etwas höheren Fallzahl im Jahr 2018 (s. Abb. 6.13.2).

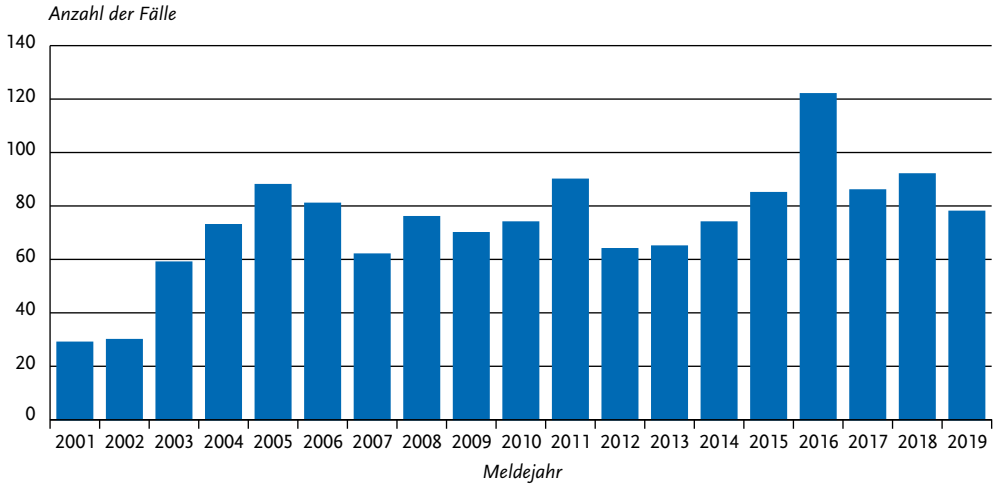
Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 11 Fälle lag keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 3 Fälle aus Bayern, jeweils 2 Fälle aus Hessen, Nordrhein-Westfalen und Sachsen, und jeweils 1 Fall in Baden-Württemberg und Niedersachsen, gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 7 Fälle (64 %) vor, darunter entfielen 3 Nennungen auf Deutschland und jeweils eine auf Afghanistan, China, Irak und Mazedonien (s. Tab. 6.13.1). Unter den Erkrankten waren 5 Personen männlichen und 6 Personen weiblichen Geschlechts. Die Betroffenen waren alle älter als 15 Jahre.

Die Anzahl gemeldeter Echinokokkosen, die im Jahr 2019 als nicht differenziert gemeldet

Abb. 6.13.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



wurden, sind vergleichbar zu den 3 Vorjahren (s. Abb. 6.13.3).

Datenqualität

Es ist von einer Untererfassung auszugehen, da für viele vorliegende 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

Abb. 6.13.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

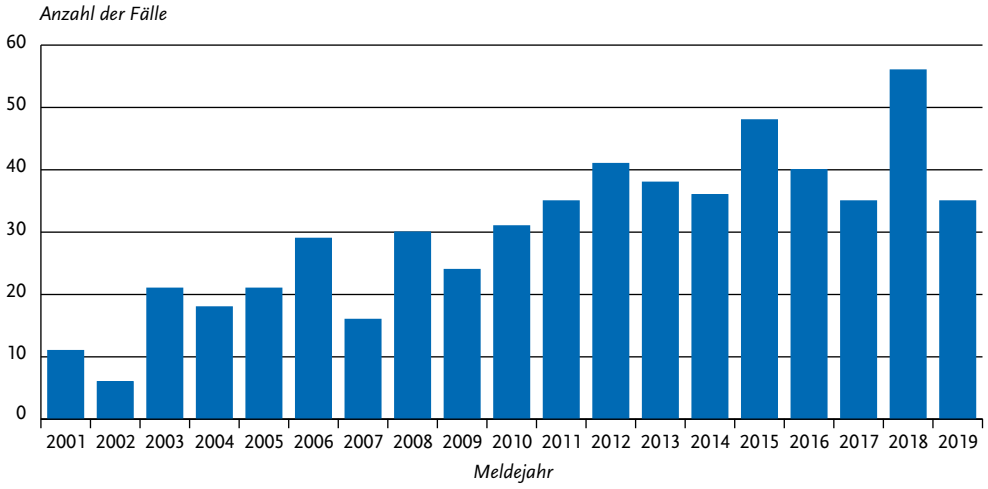
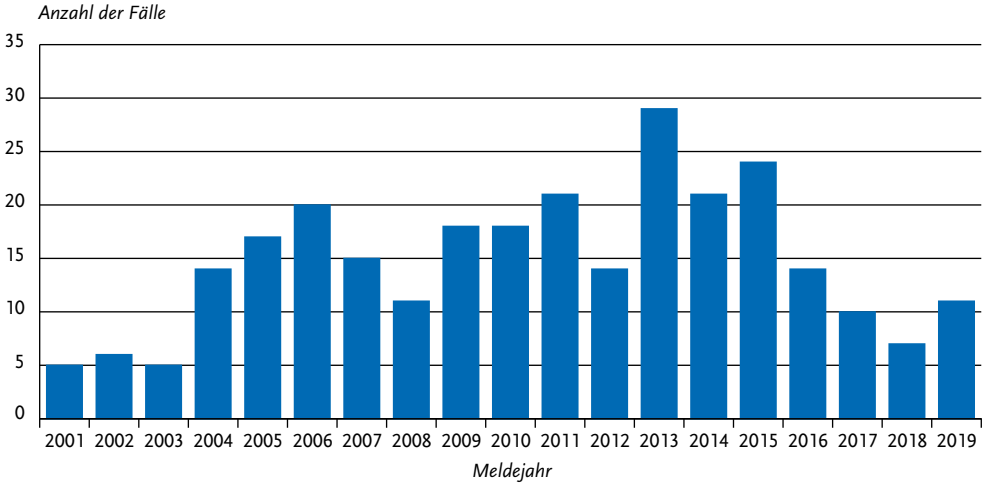


Abb. 6.13.3:
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

Fazit

Die Fallzahlen der zystischen und der alveolären Echinokokkose unterliegen von Jahr zu Jahr Schwankungen, die aufgrund der langen Zeit zwischen Infektion und Diagnose keine Aussagen über aktuelle Infektionszahlen zulassen. Ob die Fälle von zystischer Echinokokkose, für die Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, möglicherweise auch durch frühere Auslandsaufenthalte bedingt waren, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

Literaturhinweise

Schmidberger J, Baumann S, Kratzer W, et al.: *Epidemiologisches Update: Aktuelles zur epidemiologischen Situation der alveolären Echinokokkose und deren Erfassungs- und Meldestrukturen in Österreich, der Schweiz und Deutschland*. Gesundheitswesen 2020. https://doi.org/10.1055/a-1138-0692

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.

Kratzer W, Schmidberger J, Hillenbrand A, et al.: *Alveoläre Echinokokkose: Eine Herausforderung für Diagnostik, Therapie und Klinisches Management*. Epid Bull 2019; 41: 423–430.

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 2019: 1.877
- Rückgang der Fallzahlen nach Jahren leichten Anstiegs
- 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

Tab. 6.14.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	49	2 %	30	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.179	72 %	1.847	70 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	376	12 %	350	13 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	435	14 %	416	16 %
alle	3.039	100 %	2.643	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**2.228**	**73 %**	**1.877**	**71 %**

(s. Tab. 6.14.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.27 behandelt wird.

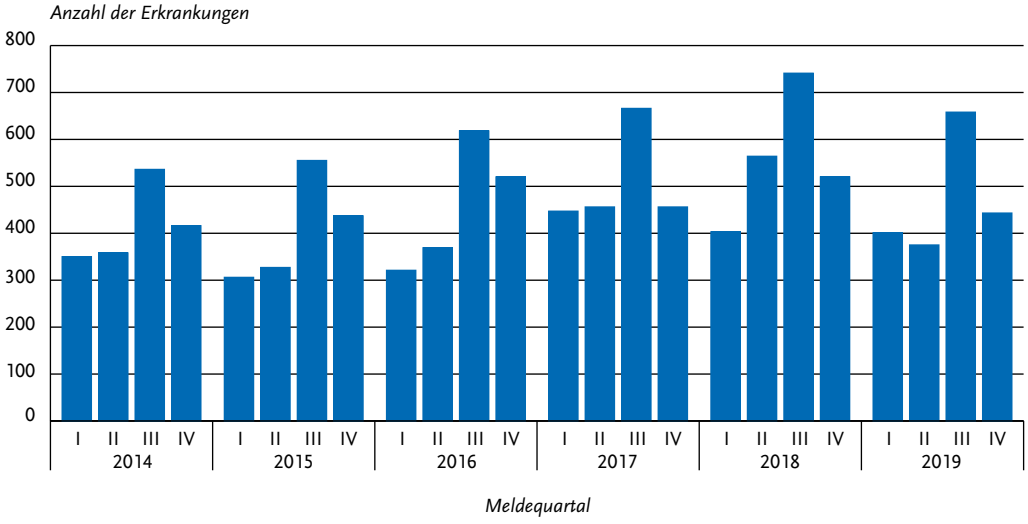
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 1.877 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2018: 2.228; Median 2014 bis 2018: 1.828). Dies ist eine Abnahme um 16 % gegenüber 2018. Die meisten Erkrankungen (n=658; 35 %) wurden wie in den Vorjahren im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.14.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz von 2,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner wurde in Sachsen-Anhalt (4,2), Rheinland-Pfalz (3,6), Sachsen (3,2), Hamburg (2,8), Mecklenburg-Vorpommern (2,8), Niedersachsen (2,7), Schleswig-Holstein (2,6), Thüringen (2,5) und Berlin (2,5) teils deutlich übertroffen. Die niedrigsten Inzidenzen wiesen Bremen (0,9), Hessen (1,0), das Saarland (1,2), Bayern (1,9), Nordrhein-Westfalen (1,9), Baden-

Abb. 6.14.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019



Württemberg (2,1) und Brandenburg (2,3) auf. Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre wurde in Bremen (um 94 %), Thüringen (51 %) und Baden-Württemberg (42 %); die stärkste relative Abnahme der Inzidenz wurde in Sachsen (36 %), Bayern (19 %) und Mecklenburg-Vorpommern (18 %) verzeichnet (s. Abb. 6.14.2).

Bei 1.073 Erkrankungen (57 %) wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (1.097 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 831-mal genannt (77 % der Erkrankungen mit Nennung). Die meisten Nennungen anderer Länder entfielen auf Ägypten (59 Nennungen), die Türkei (42), Italien, Marokko (je 13) und Kosovo (10).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (15 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,6) (s. Abb. 6.14.3); 32 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (30 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf. Die Inzidenz bei weiblichen Personen sank im Vergleich zum Vorjahr auf 2,3 Erkr./100.000 Einw. (2018: 2,7) und bei männlichen Personen auf 2,2 Erkr./100.000 Einw. (2018: 2,6).

Nachgewiesene Erreger

Für 334 EHEC-Erkrankungen (18 %; 2018: 20 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.14.2). Die Zunahme des Anteils der Fälle mit der Angabe »Ont« (O-Antigen nicht typisierbar) setzte sich auch 2019 mit 76 Fällen (23 %) weiter fort (2018: 70 Fälle; 16 %) Die am häufigsten genannten anderen Serogruppen waren O157, O91 und O26. Im Vergleich zum Vorjahr sanken die Fallzahlen der Serogruppen O91 (2018:

Abb. 6.14.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=1.876)

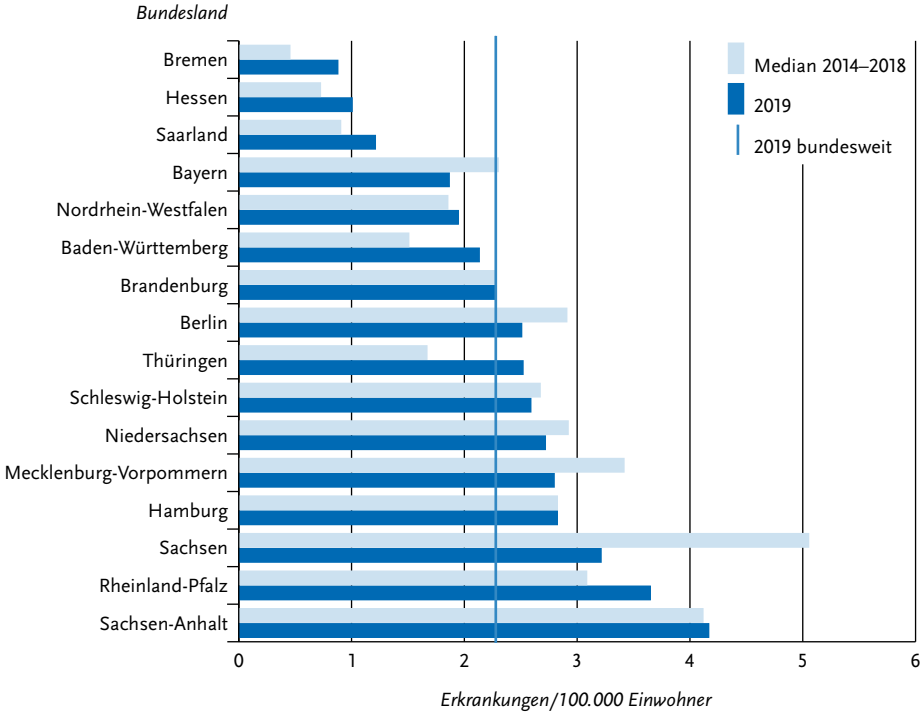
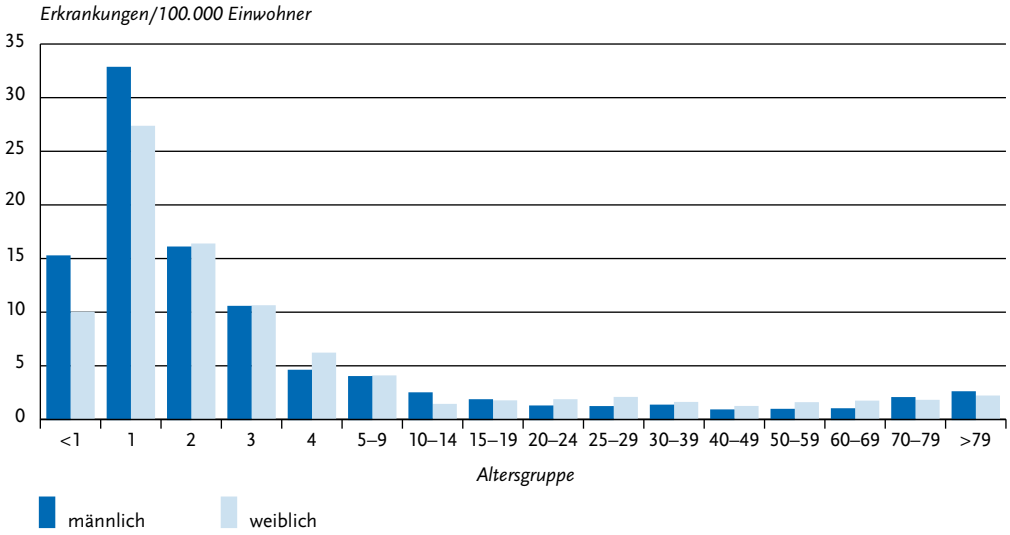


Abb. 6.14.3:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.873)



Tab. 6.14.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2019 (n=334)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Ont (nicht typisierbar)	76	23 %
O157	49	15 %
O91	37	11 %
O26	32	10 %
O103	21	6 %
O146	19	6 %
O145	16	5 %
O128	11	3 %
O111	9	3 %
O113	9	3 %
Andere	55	16 %
Summe	**334**	**100 %**

60 Fälle), O103 (2018: 50 Fälle) und O128 (2018: 20 Fälle) deutlich. Ein deutlicher Anstieg bestimmter Serogruppen im Vergleich zum Vorjahr konnte, mit Ausnahme von O111 (2018: 5 Fälle), nicht beobachtet werden.

Klinische Aspekte

Für 1.876 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 3.490 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (90 % der Erkrankungen mit Nennungen), gefolgt von Bauchschmerzen (62 %), Fieber (17 %) und Erbrechen (17 %). Im Jahr 2019 wurde ein (2018: 2) Todesfall aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Es handelte sich um einen 56-jährigen Mann.

Ausbrüche

Es wurden 46 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 112 Erkrankungen übermittelt (2018: 51 Ausbrüche mit 163 Erkrankungen). Die meisten Ausbrüche (n=41) 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. Fünf Ausbrüche betrafen mehr als 3 Personen. Der größte übermittelte Ausbruch umfasste 5 Kinder im Alter zwischen unter einem Jahr bis 14 Jahre und stand in Zusammenhang mit einer Betreuungseinrichtung für Kinder. Eine Mensch-zu-

Mensch-Übertragung wurde als wahrscheinlich angesehen. Die Serogruppe O26:H11 wurde für 3 dieser Erkrankten übermittelt.

Vier weitere Ausbrüche mit je 4 Erkrankungen wurden übermittelt. Davon ereigneten sich 2 in Privathaushalten, einer in einer Betreuungseinrichtung für Erwachsene und ein Ausbruch stand in Zusammenhang mit einem Hotelaufenthalt in Ägypten.

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 18 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft. Bei 416 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Der seit 2014 bis 2018 ansteigende Trend der Fallzahlen hat sich 2019 nicht fortgesetzt. Die Fallzahl sank im Jahr 2019 wieder auf das Niveau des Jahres 2016.

Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe übermittelt wurden, lag 2019 mit 18 % wiederum niedriger als 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

Werber D, Scheutz F: *The importance of integrating genetic strain information for managing cases of Shigatoxin-producing E. coli infection*. Epidemiol Infect 2019. doi: 10.1017/S0950268819001602

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. doi: 10.1017/S0950268816001436

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.

Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiederzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion*. Epid Bull 2019; 47: 506–509.

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

6.15 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **4.749** in allen Übermittlungskategorien, **4.673** in Übermittlungskategorie Enterobacterales und Weitere bedrohliche Krankheiten (WBK)
- Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahr und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, insbesondere bei Männern
- Meldepflicht sowohl für Infektionen als auch Kolonisationen

Kurzbeschreibung

Enterobacterales sind gramnegative Bakterien, die ubiquitär in der Umwelt vorkommen und zur na-

türlichen Darmflora des Menschen gehören. Zu den Enterobacterales 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 Enterobacterales eine wichtige Rolle.

Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer verminderten Emfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemasen 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 Carbapenemasen nachgewiesen (65 % und 50 %), bei anderen Spezies wie *Klebsiella aerogenes* seltener (3 %).

Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 über eine Verordnung eingeführt und zum 01.03.2020 ins IfSG integriert. Dabei wurden auch Anpassungen hinsichtlich der Nomenklatur und der Neudefinition der Kategorie I zur Bewertung der Ergebnisse von Resistenztestungen vorgenommen. So wird nicht mehr der Begriff Nichtempfindlichkeit, sondern der Begriff verminderte Empfindlichkeit verwendet.

Übermittlungskategorien

Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit, definiert als sensibel bei erhöhter Exposition/intermediär oder resistent gegenüber Carbapenemen, werden in der Übermittlungssoftware in verschiedenen Kategorien erfasst (s. Tab. 6.15.1). Zur Familie der Enterobacterales gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen und *E. coli*, die in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 76 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacterales werden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n=4.534) und, wenn nur veraltete Softwareversionen zur Verfügung stehen, in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« (WBK) (n=139) übermittelt. Sie sind in der ersten Zeile der Tab. 6.15.1 zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 4.749 Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacterales übermittelt.

Tab. 6.15.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2019

Meldekategorie	Anteil
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	4.673
Salmonellose	42
Yersiniose	12
Typhus abdominalis	17
EHEC-Erkrankung	1
Shigellose	4
Gesamt	**4.749**

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in den Übermittlungskategorien Enterobacterales oder WBK übermittelt wurden (s. Tab. 6.15.2). 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. 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 2019 wurden 4.673 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 5,6 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

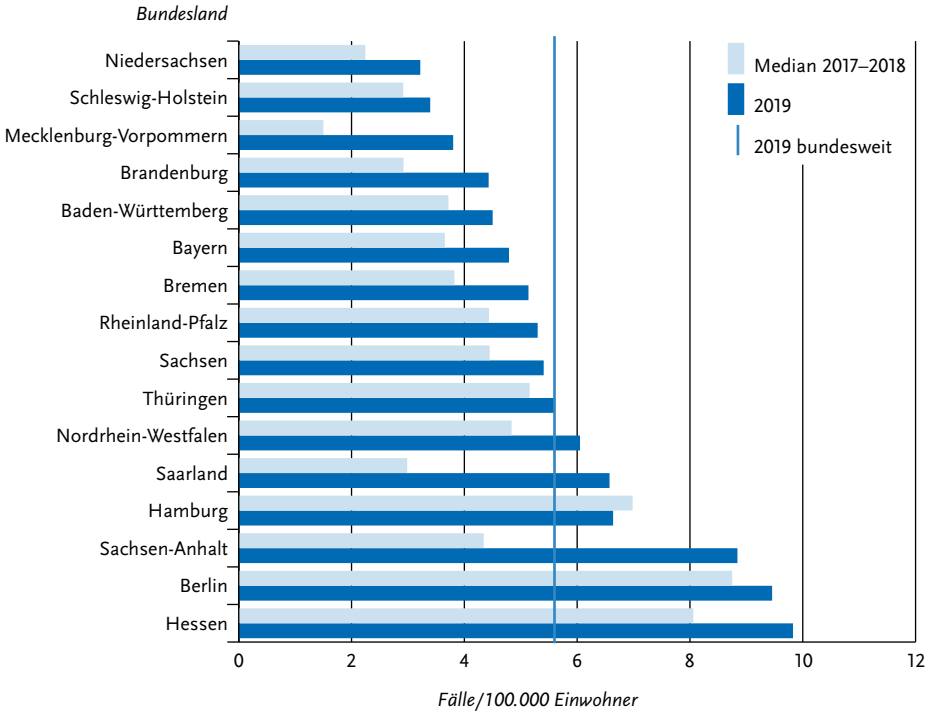
Tab. 6.15.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	868	22 %	996	21 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.118	54 %	2.481	53 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	952	24 %	1.196	26 %
alle	3.938	100 %	4.673	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	**3.938**	**100 %**	**4.673**	**100 %**

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.15.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Hessen (9,8 Fälle/100.000 Einw.), Berlin (9,4), Sachsen-Anhalt (8,8), Hamburg (6,6), dem Saarland (6,6) und Nordrhein-Westfalen (6,0) verzeichnet. Die geringste Inzidenz wurde in Niedersachsen registriert (3,2 Fälle/100.000 Einw.).

Abb. 6.15.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=4.673)



Demografische Verteilung

Erwachsene ab 50 Jahre stellen 81 % der übermittelten Fälle und sind somit am stärksten betroffen. Die Inzidenz 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 wird in der Altersgruppe der Kinder unter einem Jahr (17 Fälle/100.000 Einw.) und der 70- bis 79-Jährigen (17) bzw. der über 79-Jährigen beobachtet (16). Männer (7,1 Fälle/100.000 Einw.) sind häufiger betroffen als Frauen (4,1), besonders in den hohen Altersgruppen.

Klinische Aspekte

Für 3.386 der 4.673 Fälle (72 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 1.050 Fälle (31 %) wurden als Infektion und 2.336 Fälle (69 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 4.668 Fälle (99,9 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (2.377-mal, 48 % der 4.936 Nennungen), in Urin (1116-mal, 23 %) und in Wundabstrichen (542-mal, 11 %) (Mehrfachangaben sind möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 4.379 Fälle (94 %) vorhanden. Demnach waren 3.980 Fälle (91 %) hospitalisiert. Von 4.595 Fällen (98 %) mit entsprechender Angabe wurden 198 Todesfälle registriert (4,3 %). Von 171 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 24 Fälle (14 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt (12 Fälle mit *Klebsiella* spp., je 5 Fälle mit *Enterobacter* spp. und *Escherichia* spp. sowie je ein Fall mit *Proteus* spp. und *Serratia* spp.).

Nachgewiesene Erreger

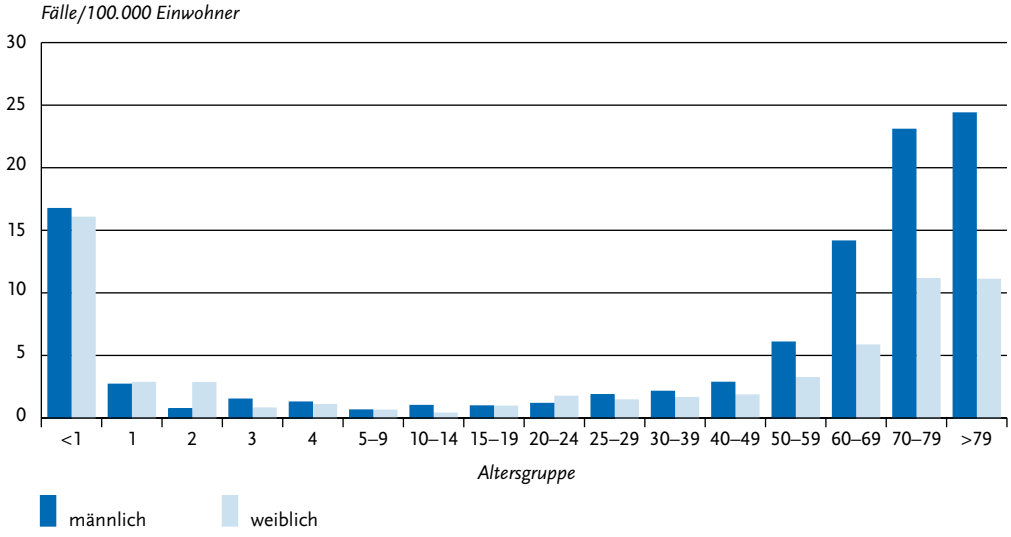
Für alle der 4.673 erfassten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (siehe Tab. 6.15.3).

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (1.648 Fälle, 35 %). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (936 Fälle, 20 %) und *Enterobacter* spp., darunter *E. cloacae* (702 Fälle, 15 %).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 3.995 von 4.534 Fällen (88 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur Nichtempfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder

Abb. 6.15.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=4.651)



Tab. 6.15.3:
Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland 2019 (n=4.673)

Erreger	Anzahl	Anteil
Klebsiella pneumoniae	1.648	35,3 %
Escherichia coli	936	20,0 %
Enterobacter cloacae	702	15,0 %
Klebsiella aerogenes	424	9,1 %
Citrobacter freundii	242	5,2 %
Klebsiella oxytoca	142	3,0 %
Serratia marcescens	107	2,3 %
Klebsiella spp., sonstige	59	1,3 %
Enterobacter spp., sonstige	59	1,3 %
Proteus mirabilis	57	1,2 %
Andere	297	6,4 %
Summe	**4.673**	**100 %**

Ertapenem) vor. Von den 2.105 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 2.020 Fälle (96 %) nichtempfindlich gegen Ertapenem, 1.496 Fälle (71 %) gegen Imipenem und 1.450 Fälle (69 %) gegen Meropenem. 1.304 Fälle (62 %) waren nichtempfindlich gegen alle 3 Carbapeneme. Für die 139 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 2.785 von 4.534 Fällen (61 %) liegen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 2.407 Fällen (86 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 1.808 Fällen (75 %) nachgewiesen, am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (inklusive OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 897 Fälle, 50 %). Bei *Klebsiella* spp. (1106 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 737 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (381 Fälle, 52 %), KPC-2 (37 Fälle, 5 %), NDM-1 (30 Fälle, 4 %) und VIM-1 (24 Fälle, 3 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (624 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 556 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (369 Fälle, 66 %), darunter OXA-244 (55 Fälle, 10 %), und NDM-5 (31 Fälle, 6 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (369 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 259 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (55 Fälle, 21 %) und VIM-1 (46 Fälle, 18 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 22 Ausbrüche mit insgesamt 102 Fällen übermittelt. Bei 5 Ausbrüchen (alle *Klebsiella pneumoniae*) wurden 5 oder mehr Fälle (insgesamt 57 Fälle) übermittelt. Insgesamt wurden 14 der 22 Ausbrüche durch *Klebsiella* spp. verursacht, davon 12 durch *Klebsiella pneumoniae,* ein Ausbruch durch *Klebsiella oxytoca* und ein Ausbruch durch *Klebsiella aerogenes*. Internationale Aufmerksamkeit erlangte ein Ausbruch in Greifswald mit *Klebsiella-pneumoniae*-Isolaten, die sowohl NDM-5 als auch OXA-48 produzierten und eine zusätzliche Resistenz gegen Colistin aufwiesen.

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 72 %. 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 61 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie leicht die verminderte Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen übertragen werden kann, da die Carbapenemase-Gene oft auf Plasmiden sitzen und so zwischen verschiedenen Enterobacterales ausgetauscht werden können. Insgesamt ist der Einsatz von aktualisierter Software, die eine Eingabe in die spezifische Übermittlungskategorie erlaubt, wünschenswert, da hier im Vergleich zur Übermittlungskategorie WBK wichtige weiterführende Informationen eingegeben werden können. Eine Einschätzung der 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

Nach Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016 werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2019 zum dritten Mal Daten zu Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen 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

Noll I, Eckmanns T, Abu Sin M: *Antibiotikaresistenzen: Ein heterogenes Bild*. Dtsch Arztebl 2020; 117: A-28/B-26/C-26

Haller S, Kramer R, Becker K, et al.: *Extensively drug-resistant Klebsiella pneumoniae ST307 outbreak, north-eastern Germany, June to October 2019*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.50.1900734

ECDC (2019): *Surveillance of antimicrobial resistance in Europe 2018. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-resistance-europe-2018

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

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 Contrl 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.

Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger, 2019*. Epid Bull 2020; 26: 3–10.

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.

6.16 Fleckfieber

Kurzbeschreibung

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

Situation in Deutschland

2019 wurden dem RKI aus Baden-Württemberg der Fall einer im August an Fleckfieber erkrankten 24-jährigen Frau mit Expositionsort Indonesien übermittelt (Laborbestätigung mittels IgM-Nachweis).

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.

Literaturhinweis

Rauch J, Eisermann P, Noack B, et al.: *Typhus Group Rickettsiosis, Germany, 2010–2017*. Emerg Infect Dis 2018. doi: 10.3201/eid2407.180093

6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **445**
- Im Vergleich zum Vorjahr Rückgang der Erkrankungen um 24 %
- Inzidenz am höchsten bei 50- bis 79-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- Inzidenz wie in den Vorjahren in Bayern und Baden-Württemberg am höchsten
- 52 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 84 % hospitalisiert
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- Mehrzahl der Erkrankten (98 %) 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 typische 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 2. 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.17.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 erfüllten 445 der 467 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 138 Erkrankungen (24 %) zurückgegangen (s. Tab. 6.17.1). Entsprechend der Aktivität der übertragenden Zecken wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 371 der 445 Erkrankungen (83 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.17.1).

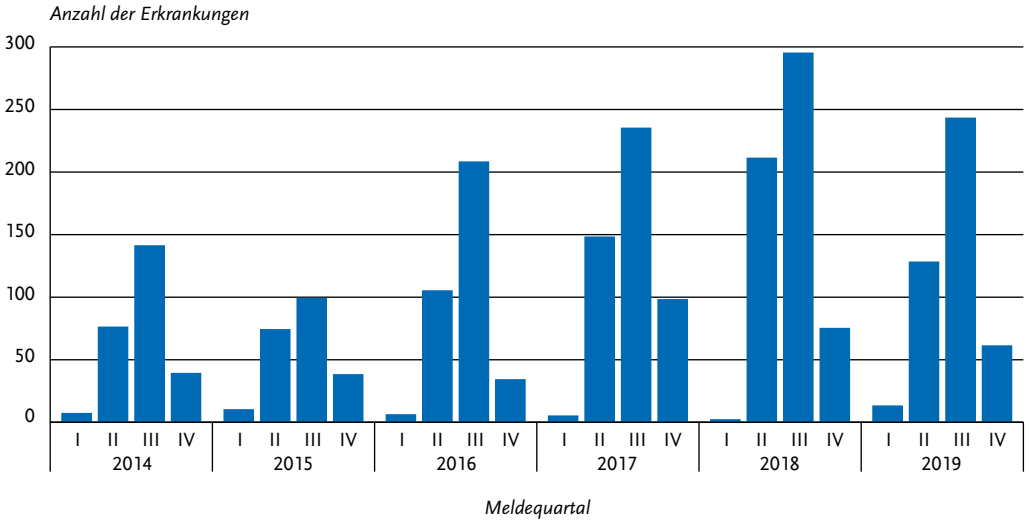
Geografische Verteilung

Die Inzidenz der übermittelten FSME-Erkrankungen lag in fast allen Bundesländern mit Risikogebieten über dem Median der Vorjahre 2014 bis 2018. Mit 1,5 bzw. 1,4 Erkrankungen/100.000 Einwohner war die Inzidenz in Bayern und Baden-Württemberg – wie in den Vorjahren auch – am höchsten (s. Abb. 6.17.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 134 der 161 im Jahr 2019 als Risikogebiete eingestuften Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Thüringen, Hessen, Sachsen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland und Niedersachsen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische

Tab. 6.17.1:
Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	583	96 %	445	95 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	1 %	6	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	14	2 %	16	3 %
alle	606	100 %	467	100 %
Referenzdefinition (C)	**583**	**96 %**	**445**	**95 %**

Abb. 6.17.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019 (n=2.351)



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 Erkrankungszahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

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 374 von 403 Erkrankungen (93 %), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war, wurde ausschließlich Deutschland genannt, bei 6 Erkrankungen Österreich, bei jeweils 2 Erkrankungen Italien und Schweden und bei jeweils einer Erkrankung Estland, Frankreich, Griechenland, Kroatien, Lettland, die Russische Föderation, Tschechien und das Vereinigte Königreich. Bei einer Erkrankung wurden Österreich und Ungarn genannt. Bei 10 Erkrankungen wurden neben Deutschland weitere wahrscheinliche Infektionsländer genannt: Bei jeweils 2 Erkrankungen Italien, Österreich und die Slowakei bei jeweils einer Erkrankung Litauen, Polen und das Vereinigte Königreich und bei einer Erkrankung wurden neben Deutschland sowohl Österreich als auch Ungarn genannt. Für 42 Erkrankungen (9,4 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 0,7 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als bei Mädchen und Frauen (0,4 Erkr./100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden mit 0,9 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.17.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 69 Jahre am höchsten (0,7 Erkr./100.000 Einw.).

Klinische Aspekte

Bei allen 445 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 18 der 34 (53 %, Vorjahr 64 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 14 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 3 mit zusätzlicher Enzephalitis. Bei 3 weiteren Kindern trat eine Enzephalitis auf, davon hatte ein Kind zusätzlich eine Myelitis. Bei einem Kind trat eine isolierte Myelitis auf.

Von den 411 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 213 (52 %; Vorjahr: 56 %)

Abb. 6.17.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=445) im Vergleich mit den Vorjahren

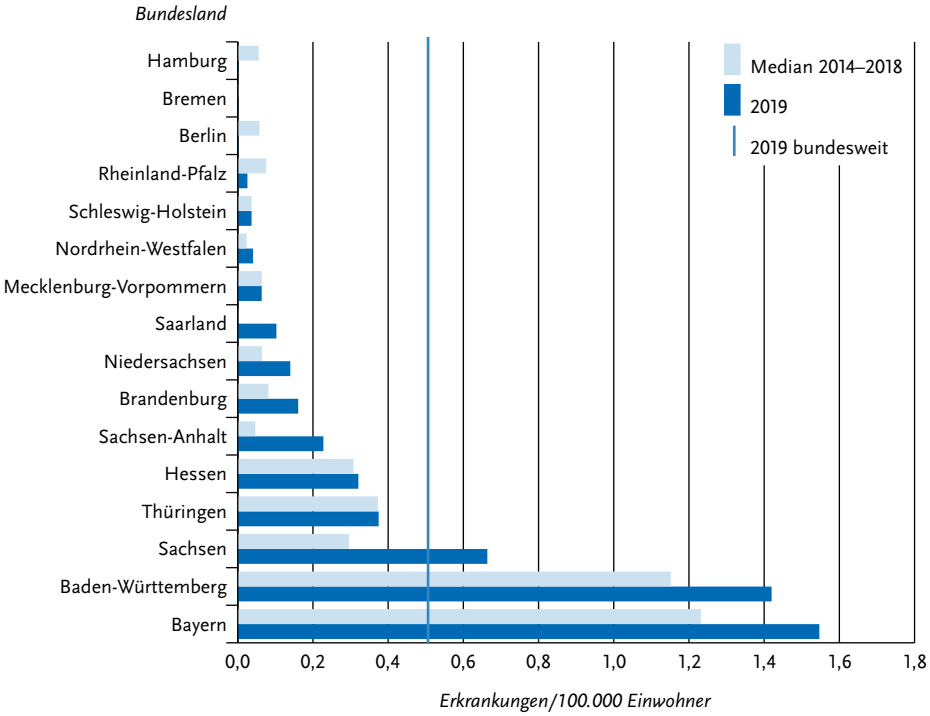
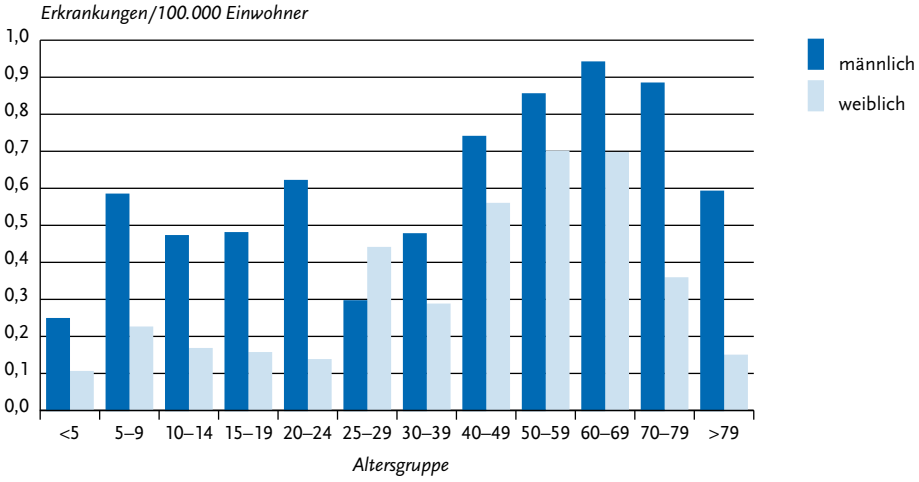


Abb. 6.17.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=445)



eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 130 Erkrankte (32 %) eine isolierte Meningitis. Bei 5 Erkrankten trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 77 Erkrankten (19 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 39 zusätzlich eine Meningitis, 3 Erkrankte zusätzlich eine Myelitis und 3 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Eine Person hatte eine isolierte Myelitis.

Somit wurde bei insgesamt 90 Erkrankten (20 %) die besonders schweren Formen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

Von den 445 übermittelten Erkrankungen wurde bei 376 (84 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS (231) wurde häufiger (212; 92 %) eine Hospitalisierung angegeben als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeinen Krankheitssymptome angegeben wurden (164/214; 77 %). Es wurden 2 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt, beide bei Personen älter als 75 Jahre.

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 ab 3 Wochen nach der 2. Impfdosis. 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®)).

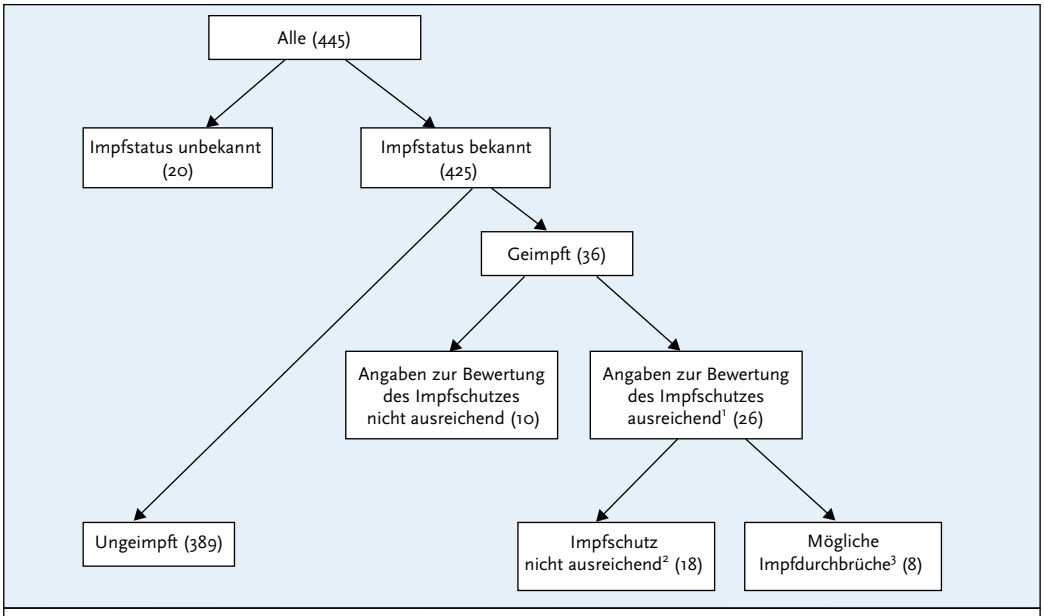
Der gleichzeitige Nachweis von IgM-Antikörpern und IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labordiagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnose der Erkrankung daher in den Monaten 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. Bei Verdacht auf Infektion trotz Impfung kann außerdem ein NS1-Antikörpertest klären, ob eine Erkrankung oder eine falsch positive Diagnostik vorliegt. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels einer dieser Methoden durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

Von den 445 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 425 (96 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 36 (8 %) als geimpft und 389 (92 %) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 36 geimpften Erkrankten lagen bei 26 (72 %) plausible Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung (nur erforderlich wenn >1 Dosis) vollständig vor, sodass der Impfschutz bei insgesamt 415 (93 %) Erkrankten bewertet werden konnte (389 Ungeimpfte und 26 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 26 geimpften Erkrankten mit bewertbaren Angaben zum Impfstatus wurden 18 (69 %) als unzureichend geimpft eingestuft (12 Erkrankungen mit einer Impfdosis, ein Erkrankter mit 2 Impfdosen, 2 Erkrankte mit 3 Impfdosen und 3 Erkrankte mit 4 Impfdosen). Die Impfungen waren unvollständig bzw. erfolgten nicht zeitgerecht mit einem zu kurzen bzw. zu langen Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis (s. Abb. 6.17.4).

Bei den übrigen 8 (31 %) Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus ist von einem als ausreichend anzunehmenden Impfschutz auszugehen. Diese Fälle wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft (eine Erkrankung mit 2 Impfdosen, 4 mit 3 Impfdosen und 3 mit 4 oder mehr Impfdosen). Bei allen lag die letzte Impfung <3 Jahre vor der Erkrankung. Von den 8 als Impfdurchbrüche eingestuften Erkrankten wiesen 7 ZNS-Symptome auf, darunter ein Erkrankter eine isolierte Meningitis, 3 eine isolierte Enzephalitis sowie 3 eine Meningoenzephalitis.

Abb. 6.17.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=445)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung (bei >1 Dosis).
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn entweder der Abstand zwischen 2. Impfdosis und Erkrankung 3 Wochen bis 12 Monate, der maximale Abstand zwischen 3. Impfdosis und Erkrankung 3 Jahre oder der maximale Abstand zwischen ≥ 4. Impfdosis und Erkrankung je nach Alter der geimpften Person 3 bis 5 Jahre beträgt.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine FSME-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 28 % 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 45 (10 %) der 445 übermittelten Erkrankungen die Angabe des Landes bzw. des Landkreises, in dem die Infektion wahrscheinlich erworben wurde, die für die Erstellung der jährlichen Karte der FSME-Risikogebiete unerlässlich ist.

Fazit

Die Anzahl übermittelter FSME-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr 2018, das Jahr mit den bislang meisten übermittelten FSME-Erkrankungen seit Beginn der Erfassung nach IfSG im Jahr 2001, um 24 % abgenommen. Jedoch lag die Erkrankungszahl im Jahr 2019 das 4. Jahr in Folge über dem Median der Vorjahre. Die jährliche Zahl übermittelter Erkrankungen unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen. 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 (98 %) aller an FSME Erkrankten ungeimpft oder unvollständig geimpft war und mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

Literaturhinweise

Girl P, Bestehorn-Willmann M, Zange S, Borde JP, Dobler G, von Buttlar H: *Tick-borne encephalitis virus nonstructural-protein 1 IgG enzyme-linked immunosorbentassay for differentiating infection versus vaccination antibody responses*. J Clin Microbiol 2020. doi: 10.1128/JCM.01783-19

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

Hellenbrand W, Kreusch T, Böhmer MM, et al.: *Epidemiology of Tick-Borne Encephalitis (TBE) in Germany, 2001–2018*. Pathogens 2019. doi: 10.3390/pathogens8020042

Kreusch T, Vygen-Bonnet S, Koch J, Wichmann O: *Frühsommer-Meningoenzephalitis: Risikogebiete weiten sich aus*. Dtsch Arztebl 2019; 116): A-1722/B-1422/C-1394.

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

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2020)*. Epid Bull 2020; 8 (Anlage): 3–19.

RKI: *Fünfjahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2018*. Epid Bull 2020; 8 (Anlage): 1–12.

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 (2018). www.rki.de/ratgeber

6.18 Giardiasis

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **3.296**
- Seit 2011 tendenziell abnehmender Trend der Fallzahlen
- 51% der Infektionen im Ausland erworben
- Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen, überwiegend männliche Personen betroffen
- 49 Ausbrüche mit 120 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 2019 wurden 3.296 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 121 (3,5 %) weniger als im Vorjahr. Die Gesamtinzidenz blieb mit 4,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nahezu unverändert gegenüber dem Vorjahr (4,1).

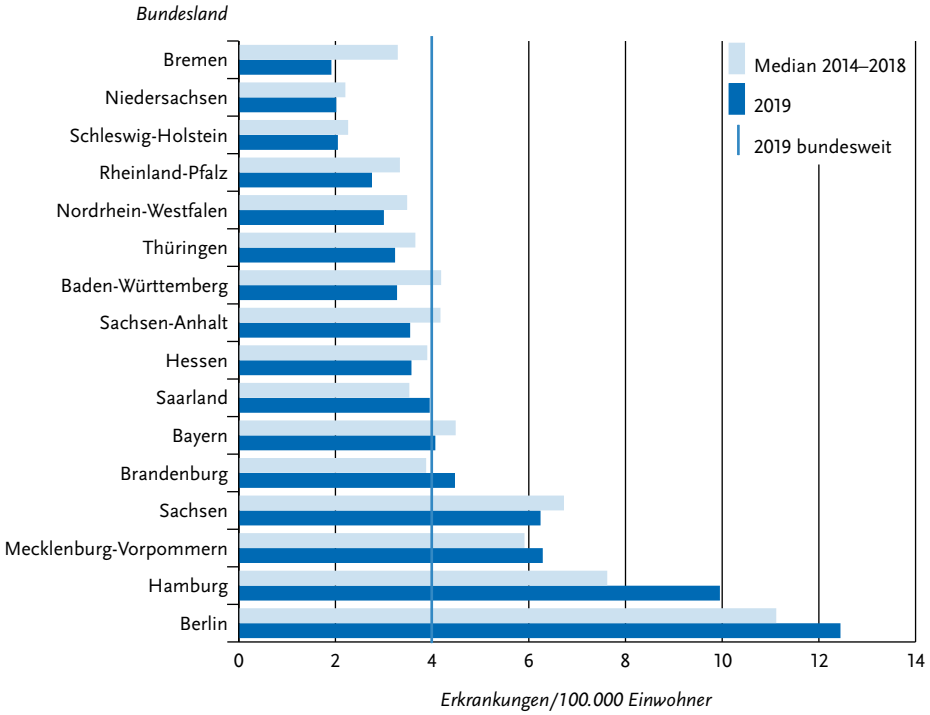
Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 1,9 Erkr./100.000 Einw. in Bremen und 12,4 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.18.1). Über dem Niveau der bundeswei-

Tab. 6.18.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	11	0 %	7	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.406	79 %	3.289	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	237	6 %	234	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	631	15 %	626	15 %
alle	4.285	100 %	4.156	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**3.417**	**80 %**	**3.296**	**79 %**

Abb. 6.18.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=3.296) im Vergleich mit den Vorjahren



ten Inzidenz von 4,0 lagen außer Berlin auch Hamburg (9,9), Mecklenburg-Vorpommern (6,3), Sachsen (6,2), Brandenburg (4,5) und Bayern (4,1).

Bei 2.303 Erkrankungen (70 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 2.405 Nennungen betrafen 49 % Deutschland. Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden am häufigsten Indien (222 Nennungen, 9 %), Spanien (62), Kolumbien (51), Ägypten (38), Italien und die Türkei (jeweils 35) sowie Mexiko (33), Marokko (32) und Thailand (31) genannt (s. Tab. 6.18.2).

Tab. 6.18.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 2.303 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.178	49 %
Indien	222	9 %
Spanien	62	3 %
Kolumbien	51	2 %
Ägypten	38	2 %
Italien	35	1 %
Türkei	35	1 %
Mexiko	33	1 %
Marokko	32	1 %
Thailand	31	1 %
Andere	688	29 %
Summe	**2.405**	**100 %**

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweigipflig (s. Abb. 6.18.2) mit einem Inzidenzgipfel bei Kindern zwischen 1 und 9 Jahren (4,8 Erkrankungen/100.000 Einwohner) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren (5,4). Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (4,6 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (3,3); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von 3 Jahren und bei Erwachsenen im Alter von 25 bis 59 Jahren.

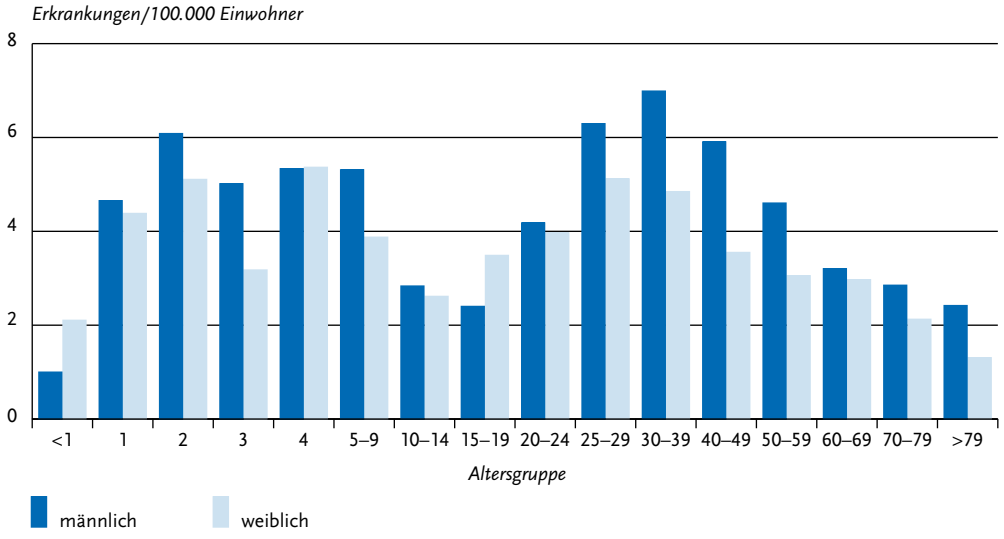
Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 49 Ausbrüche übermittelt (2018: 45). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 120 (2018: 116). Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 5 bzw. 6 Erkrankungen 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 Falldefinition 2015

Abb. 6.18.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=3.285)



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 2019 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 66 % ausschließlich Antigentest; 15 % ausschließlich Mikroskopie; 10 % ausschließlich PCR sowie 9 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Fazit

Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen außerhalb Deutschlands. Ob die in Deutschland erworbenen Infektionen überwiegend sekundär reiseassoziiert auftreten oder ob es weitere wichtige Infektionsquellen gibt, ist unbekannt. Mikroskopie-unabhängige Verfahren haben mittlerweile bei der Diagnostik einen hohen Anteil.

Literaturhinweise

ECDC (2019): *Giardiasis (lambliasis) – Annual Epidemiological Report for 2017*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/giardiasis-lambliasis-annual-epidemiological-report-2017

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. doi: 10.1186/1471-2458-10-41

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

6.19 *Haemophilus influenzae*, invasive Infektion

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **954**
- Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- Höchste Inzidenz bei Erwachsenen über 59 Jahren und Kindern unter 5 Jahren
- Häufige Symptome sind Fieber (63%), Lungenentzündung (55%) und Sepsis (33%)
- 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 Falldefinitionskategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitionskategorien D und E). Für das Jahr 2019 wurden

954 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefinitionskategorie C (85 %) übermittelt, deren Anteil im Vergleich zum Vorjahr konstant blieb (2018: 84 %) (s. Tab. 6.19.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurde mit 954 übermittelten invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen die Vorjahreszahl erneut übertroffen und der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen bestätigt (s. Abb. 6.19.1). Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um 12 % gestiegen. Die Fallzahlen zeigten wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit den höchsten im I. Quartal und den niedrigsten Fallzahlen im III. Quartal.

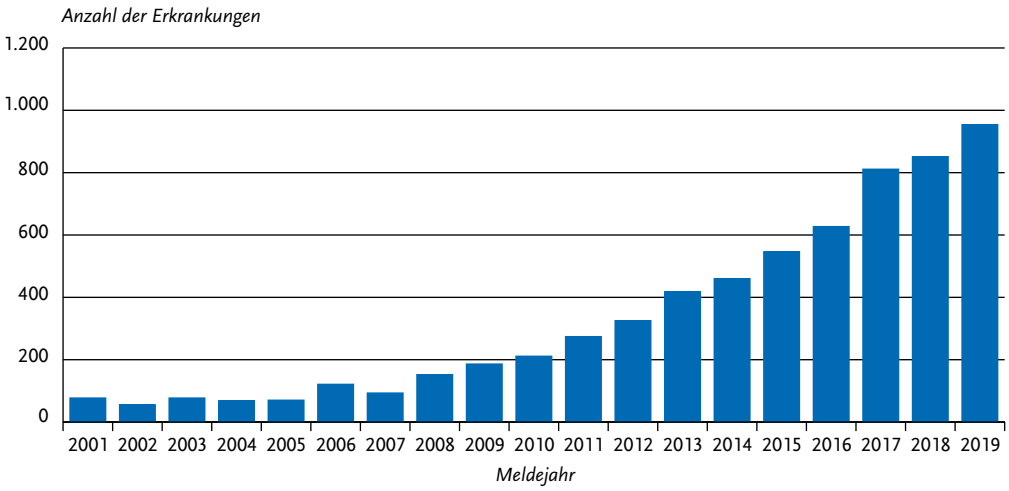
Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,7 und 1,6 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 1,1 (Median der Vorjahre: 0,8). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Außer in Bremen lag die Inzidenz in allen Bundesländern höher als im Median der Vorjahre. Dieser Anstieg ist in Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Ham-

Tab. 6.19.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	714	84 %	809	85 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	39	5 %	59	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	98	12 %	86	9 %
alle	851	100 %	954	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	**851**	**100 %**	**954**	**100 %**

Abb. 6.19.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2014 bis 2019 (n=4.224)



burg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.19.2). Für 508 Fälle (53 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 99 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem ältere Menschen ab 60 Jahren sowie Säuglinge und Kleinkinder unter 5 Jahren (s. Abb. 6.19.3). Etwa 4 % (n=42) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, mehr als drei Viertel (77 %; n=734) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu und stieg von 1,7 Erkrankungen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 3,0 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 6,1 bei den über 79-Jährigen an. Die Gesamtinzidenz bei den ab 70-Jährigen stieg von 0,3 Erkr./100.000 Einw. im Jahr 2007 auf 4,2 Erkr./100.000 Einw. 2019 an und erhöhte sich damit auf das 14-Fache. Dagegen stieg die Inzidenz bei unter 5-Jährigen im Verhältnis nur moderat um den Faktor 2 (2007: 0,5; 2019: 1,1).

Obwohl das Geschlechterverhältnis generell ausgewogen war (Inzidenz Männer 1,2 und Frauen 1,1), wiesen Jungen bzw. Männer in den meisten Altersgruppen eine höhere Inzidenz auf als Mädchen und Frauen; die Ausnahme bildeten die Altersgruppen der 2-Jährigen, 15- bis 24-Jährigen und 30- bis 39-Jährigen, in denen die Inzidenzen der Mädchen und Frauen etwas höher waren, als die der Jungen und Männer (s. Abb. 6.19.3).

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung blieb zum Vorjahr konstant. Für das Jahr 2019 lag bei 68 % (n=653) der Fälle ein Hinweis auf eine

Abb. 6.19.2:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=954) im Vergleich mit den Vorjahren

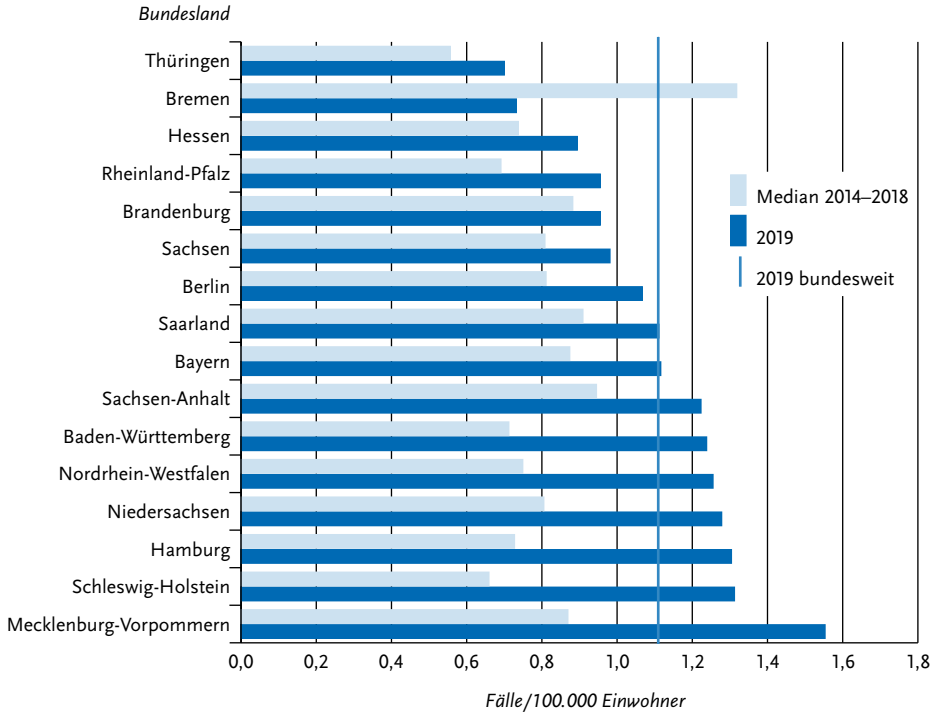
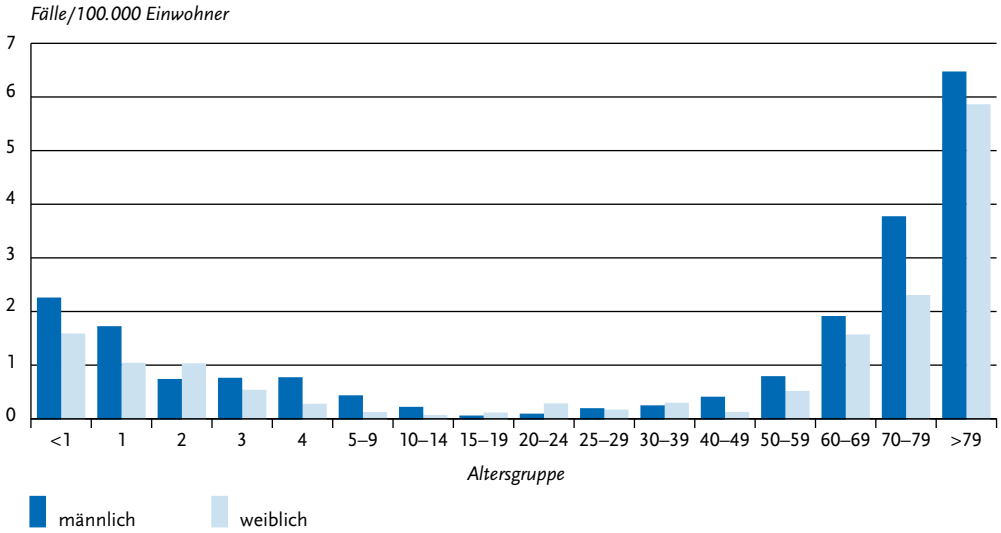


Abb. 6.19.3:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=953)



durchgeführte Typisierung vor (2018: n=577; 68 %). Darunter waren mit 42 Fällen (6 %) jedoch deutlich weniger Fälle als im Vorjahr (2018: n=87; 15 %), bei denen das Typisierungsergebnis mit »-andere/sonstige-« nicht weiter spezifiziert wurde. Bei 611 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 454-mal (74 %) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 78 Fällen (13 %) handelte es sich um den Typ f, 27-mal (4,4 %) wurde der impfpräventable Typ b angegeben, in je 18 Fällen (je 2,9 %) die Typen non-b und e, 14-mal (2,3 %) der Typ a, und 2-mal (0,3 %) der Typ d.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 808 (85 %) Infektionen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren (bei Mehrfachnennung) Fieber in 509 Fällen (63 %), Lungenentzündung in 445 Fällen (55 %) und ein septisches Krankheitsbild in 267 Fällen (33 %). Als mögliche meningitische Zeichen traten 147-mal Nackensteifigkeit, Erbrechen oder veränderte Bewusstseinslage auf.

Es wurden 40 Todesfälle (4,2 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Ein Todesfall betraf ein Neugeborenes, das an einer Pneumonie erkrankt war und bei dem NTHi nachgewiesen wurde. Ein weiterer Todesfall betraf einen 5-Jährigen, bei dem meningeale Zeichen bestanden und *Haemophilus-influenzae* Typ f gefunden wurde. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 32 bis 94 Jahre alt; das mediane Alter betrug 81 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 weitere Dosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zur Grundimmunisierung. Für Patienten mit einer funktionellen oder anatomischen Asplenie ist altersunabhängig 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 Patien-

ten 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 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 29 Jahren beschränkt.

Für 4 der 78 Personen in dieser Altersgruppe wurde der impfpräventable Typ b als Erreger angegeben. Zwei dieser Fälle waren geimpft, ein Fall war nicht geimpft, und bei einem Fall lagen keine Angaben zum Impfstatus vor. Für einen der 2 Geimpften lagen nähere Angaben vor, bei diesem Fall kann von einer Erkrankung bei nicht ausreichendem Impfschutz ausgegangen werden.

Datenqualität

Die Vollständigkeit und Korrektheit der Angaben zum Impfstatus bei Kindern und Jugendlichen haben sich im Vergleich zum Vorjahr nicht weiter verbessert. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfempfehlung betroffenen Altersgruppen, wird aber weiterhin zu selten durchgeführt bzw. 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. 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

ECDC (2019): *Haemophilus influenzae – Annual Epidemiological Report for 2016*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/haemophilus-influenzae-annual-epidemiological-report-2017

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

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

RKI: *Invasive Haemophilus-influenzae-Infektionen in Deutschland*. Epid Bull 2011; 14: 105–108.

6.20 Hantavirus-Erkrankung

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **1.534** (Vorjahr: **235**)
- 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 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.20.1).

Zeitlicher Verlauf

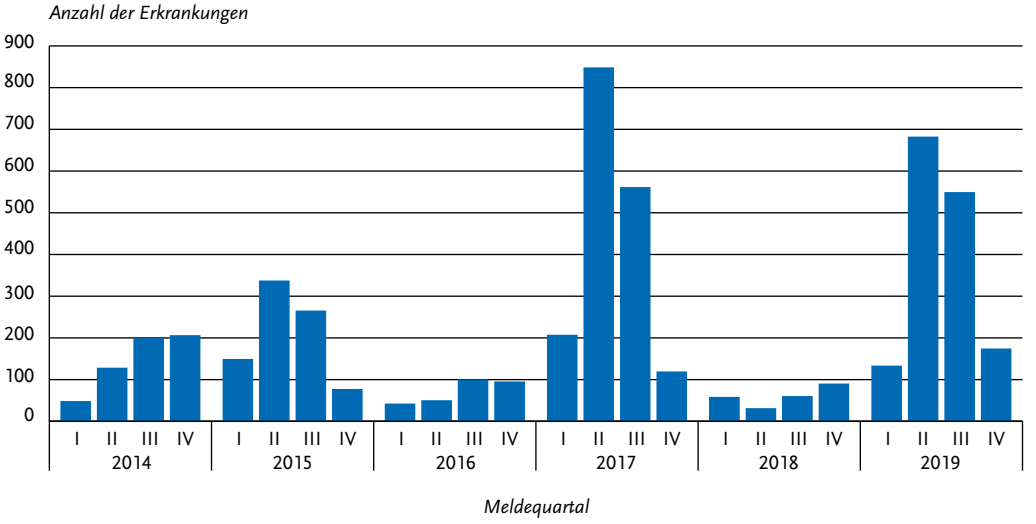
Im Jahr 2019 wurden 1.534 Erkrankungen (1,8 pro 100.000 Einwohner) übermittelt, d.h. etwa 6,5-mal so viel wie im Vorjahr. Die Mehrzahl der Fälle (80 %) traten im II. und III. Quartal auf. Bereits im IV. Quartal 2018 war ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten, was auf ein bevorstehendes Ausbruchsjahr 2019 hindeutete (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 Fakto-

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	1	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	235	94%	1.533	92%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	1%	25	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	12	5%	113	7%
alle	250	100%	1.672	100%
Referenzdefinition (B+C)	**235**	**94%**	**1.534**	**92%**

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019



ren sowie das Nahrungsangebot (Buchenmast im jeweiligen Vorjahr) beeinflusst.

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reservoirtiere bestimmt. Im Jahr 2019 wurde unter allen Bundesländern die höchste Inzidenz in Baden-Württemberg beobachtet (6,4 Erkr./100.000 Einwohner), danach folgten Bayern (2,2) und Niedersachsen (1,9). In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert von 1,8 Erkr./100.000 Einwohner (s. Abb. 6.20.2).

Abb. 6.20.2:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Kreis, Deutschland 2019 (n=1.534)

Bei 1.173 Erkrankungen (76 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 1.193 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 1.160 (97 %) auf Deutschland. Weitere europäische sowie nicht-europäische Länder wurden je ein- bis viermal genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am höchsten (3.0 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung selten (0,8 % der Erkrankungen, Inzidenz: 0,1). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (68 %); die höchste Inzidenz (4,1) wurde für die 40- bis 49-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.20.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.071 Erkrankungen wurden Angaben zur Virus-Spezies gemacht, bei 1.042 Erkrankungen (97 %) wurde das Puumala-Virus und bei 18 Erkrankungen (1,7 %) das Dobrava-Virus angegeben. Für 417 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virus-Spezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Ein großer Anteil (39 %) der Dobrava-Virus-Infektionen wurde aus den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein übermittelt. Puumala-Virus-Infektionen wurden dagegen überwiegend (93 %) aus Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Bayern übermittelt. Bei einem Fall wurde eine Seoulvirus-Infektion durch Exposition zu einer infizierten Heimratte festgestellt.

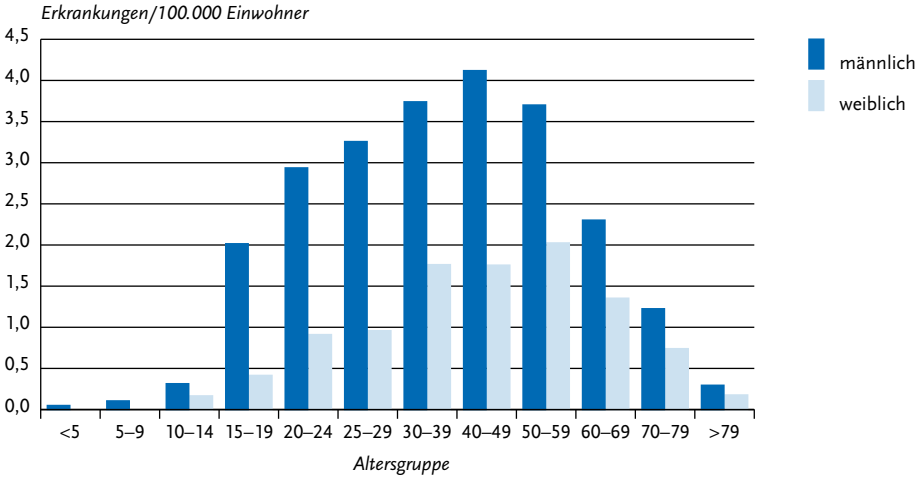
Klinische Aspekte

Bei 1.077 Erkrankten (70 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde ein Todesfall 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.

Abb. 6.20.3:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.529)



Fazit

Nach einer ausgeprägten Buchenmast im Jahr 2018 war die Inzidenz der Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2019 wieder sehr hoch, erreichte aber weder das Niveau des bisherigen Rekordjahres 2012 noch des letzten Ausbruchsjahres 2017. Die Inzidenz war in den südlichen und westlichen Bundesländern, wo fast ausschließlich das Puumala-Virus auftritt, am höchsten. Dagegen überwiegt in Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern bei sehr niedriger Gesamtinzidenz das deutlich seltenere Dobrava-Virus.

Literaturhinweise

Faber M, Krüger DH, Auste B, Stark K, Hofmann J, Weiss S: *Molecular and epidemiological characteristics of human Puumala and Dobrava-Belgrade hantavirus infections, Germany, 2001 to 2017.* Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.32.1800675

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 nephropathia epidemica, Germany.* Emerg Infect Dis 2015. doi: 10.3201/eid2101.140861

Faber M: *Hantaviruserkrankungen in Deutschland: Hohe Fallzahlen im Frühsommer 2019.* Epid Bull 2019; 25: 221.

RKI-Ratgeber (2015). www. rki.de/ratgeber

6.21 Hepatitis A

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **873**
- Abnahme der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- Höchste altersspezifische Inzidenz bei Frauen im Alter von 70 bis 79 und Männern im Alter von 25 bis 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 Erwachsene

eine Immunität besitzen. Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 873 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 171 (16 %) weniger als im Vorjahr (s. Abb. 6.21.1).

Im Vergleich zu den Vorjahren wurden im Jahr 2019 deutlich höhere Erkrankungszahlen im Juli beobachtet. Ein lebensmittelbedingtes Ausbruchsgeschehen trug zu dieser Erhöhung bei (s. Abb. 6.21.2).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A ist im Vergleich zum Vorjahr von 1,3 auf 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gesunken. In den Bundesländern Berlin, Hamburg, Thüringen, Brandenburg, Bremen, dem Saarland, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Hessen lag die Inzidenz über dem bundesweiten Wert. Ein nennenswerter Rückgang der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 vorangegangenen

Tab. 6.21.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8	1 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.036	70 %	871	61 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	206	14 %	244	17 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	235	16 %	302	21 %
alle	1.485	100 %	1.419	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**1.044**	**70 %**	**873**	**62 %**

Abb. 6.21.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

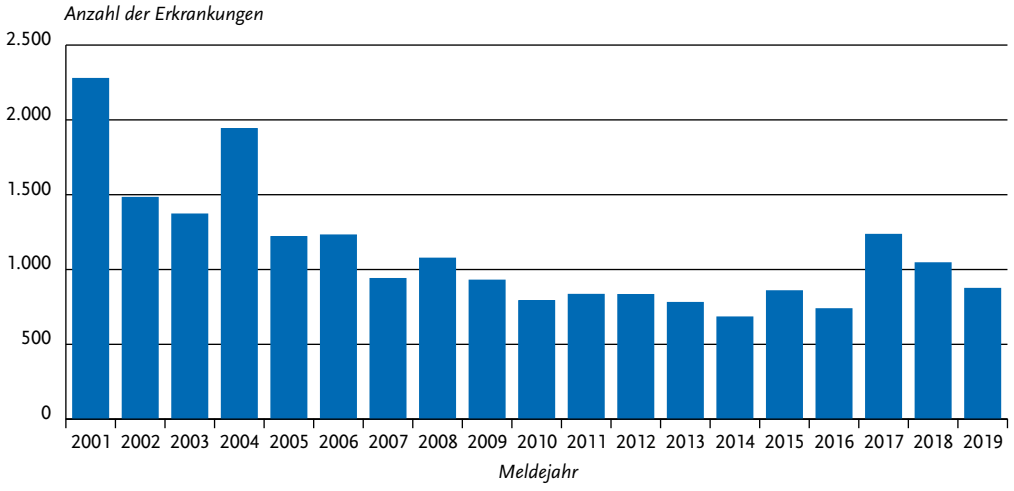
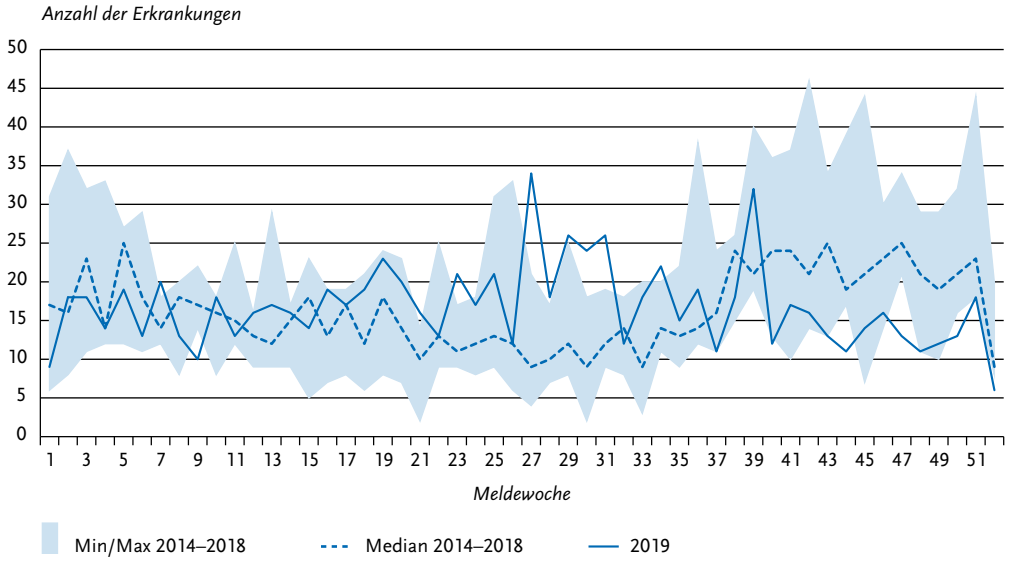


Abb. 6.21.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 (n=873) im Vergleich mit den Vorjahren



Jahre (1,0 Erk./100.000 Einw.) war in Sachsen-Anhalt zu verzeichnen (Rückgang um 38 %). Größere Anstiege von Inzidenzen im Vergleich zum Median der Vorjahre wurden in Mecklenburg-Vorpommern (Anstieg um 91 %), Brandenburg (69 %), Thüringen (55 %), Hamburg (44 %), Bremen (25 %) und Berlin (24 %) beobachtet (s. Abb. 6.21.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden bei 584 Erkrankungen (67 %) übermittelt. Von den 621 Nennungen zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 409 (66 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.21.2). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Marokko (21 Nennungen), die Türkei (17), Pakistan (15), Ägypten (13), Indien (12) und Spanien (10).

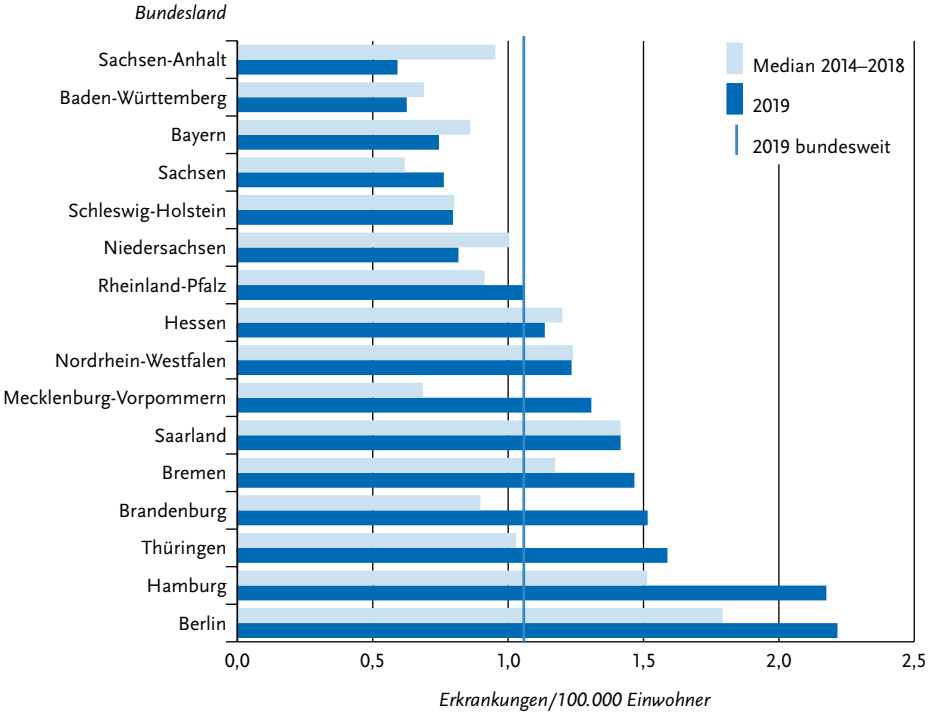
Demografische Verteilung

Männer (Inzidenz von 1,1 Erkr./100.000 Einw.) waren etwas häufiger von Hepatitis-A-Erkrankungen betroffen als Frauen (Inzidenz 1,0 Erkr./100.000 Einw.).

Tab. 6.21.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 584 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	409	66 %
Marokko	21	3 %
Türkei	17	3 %
Pakistan	15	2 %
Ägypten	13	2 %
Indien	12	2 %
Spanien	10	2 %
Rumänien	9	1 %
Italien	9	1 %
Afghanistan	6	1 %
Andere	100	16 %
Summe	**621**	**100 %**

Abb. 6.21.3:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=873) im Vergleich mit den Vorjahren



Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden in den Altersgruppen der 5- bis 29-Jährigen und >60-Jährigen beobachtet (s. Abb. 6.21.4). Bei Männern war die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen am stärksten betroffen (1,6 Erkr./100.000 Einw.), bei Frauen die Altersgruppe der 70–79-Jährigen (1,6 Erkr./100.000 Einw.). 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

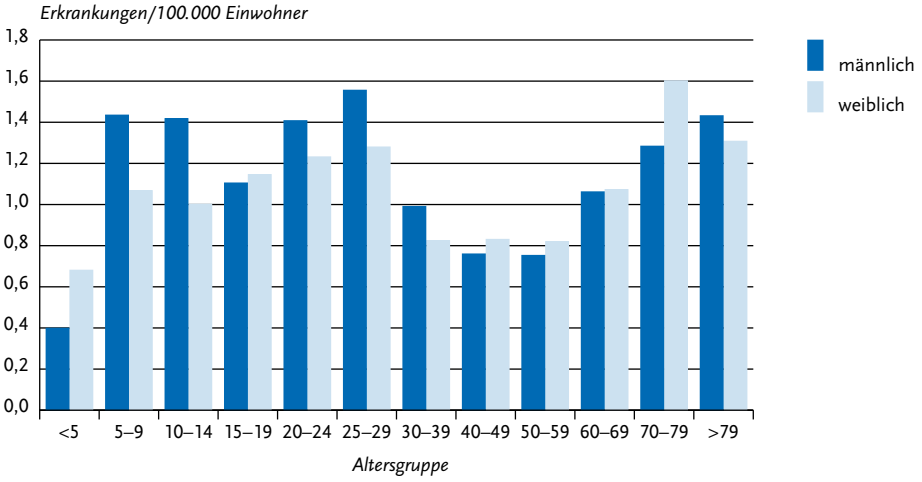
Im Jahr 2019 wurden keine Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt.

Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen 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 1. 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 1. 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 744 (85 %) der 873 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.21.5). Von diesen wurden 689 (93 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 55 (7,4 %) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 42 (76 %) dieser Erkrankten lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 38 Erkrankte unvoll-

Abb. 6.21.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=873)



ständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Erkrankungen mit nicht ausreichendem Impfschutz betrafen Personen, die im Rahmen von Ausbrüchen vermutlich zu spät postexpositionell geimpft worden waren (n=21), lediglich eine Dosis Hepatitis A/Hepatitis B Kombinationsimpfstoff erhalten (n=5) oder die Immunisierung nicht zeitgerecht weitergeführt/beendet hatten (n=12). Vier Patienten, die eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten zwischen 54 Tage bis >15 Jahre nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch. Eine der 4 erkrankten Personen hatte die 3. Dosis eines Hepatitis-A/Hepatitis-B-Kombinationsimpfstoffes mehr als 15 Jahre vor Erkrankungsbeginn erhalten. 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.

Ausbrüche

Es wurden 41 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt; 2 davon betrafen 5 oder mehr Erkrankte. Die Gesamtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 140; 35 Erkrankungen waren mit einem internationalen Hepatitis-A-Ausbruch durch Verzehr von Erdbeerprodukten assoziiert, der bereits 2018 begann. Weitere 25 Fälle wurden einem anderen wahrscheinlich lebensmittelbedingten Ausbruchsgeschehen zugeordnet, das ebenfalls bereits im Jahr 2018 begann.

Datenqualität

Die Informationen zur Anzahl der Impfungen sowie Art und Datum der letzten Impfung sind zum Teil unvollständig.

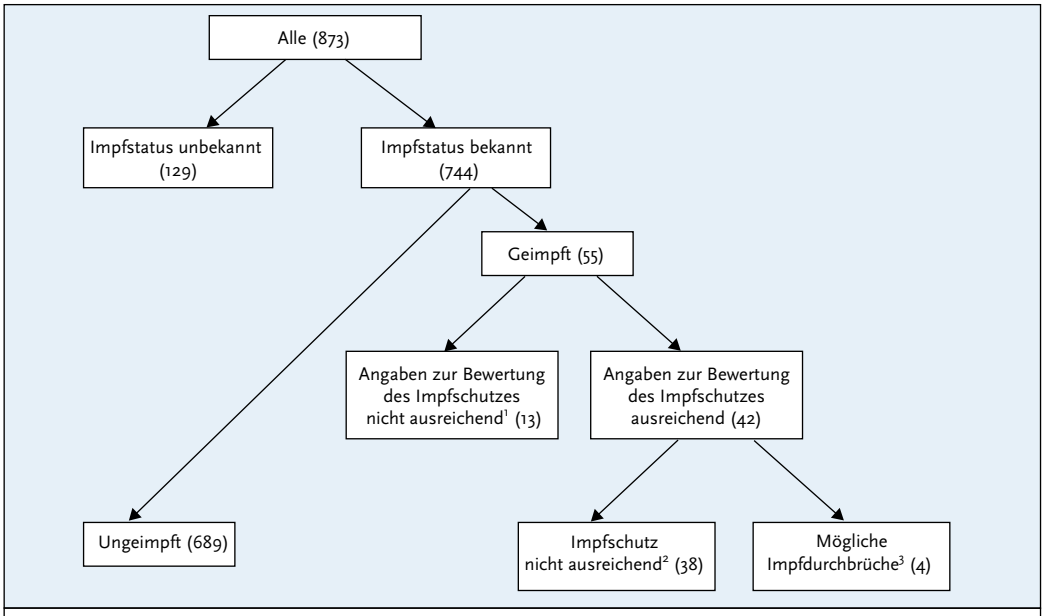
Fazit

Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft. Ein großer Anteil der Infektionen hätte durch eine zeitgerechte Impfung gemäß bestehender Impfempfehlungen vermieden werden können, insbesondere durch Impfungen vor Auslandsreisen in Regionen mit hoher Hepatitis-A-Inzidenz. Im Jahr 2019 gab es 2 größere lebensmittelbedingte Ausbrüche. Davon war einer Teil eines internationales Ausbruchsgeschehens durch importierte Tiefkühlerdbeeren, das bereits im Jahr 2018 begann.

Literaturhinweise

Marosevic D, Belting A, Schönberger K, Carl AW, J.J., Brey R: *Hepatitis A outbreak in the general population due to a*

Abb. 6.21.5:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=873)



1 Zum Beispiel aufgrund fehlender Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff, zum Erkrankungsbeginn oder dem Datum der letzten Impfung.
2 Ein kurzfristiger Impfschutz wird bei der Verwendung von monovalenten Impfstoffen bei ausreichendem zeitlichen Abstand zur Exposition bereits nach einer Impfstoffdosis angenommen (für einen Langzeitschutz ist eine zweite Impfstoffdosis nach ca. 6 Monaten erforderlich). Bei der Verwendung von Hepatitis A-/Hepatitis B-Kombinationsimpfstoffen (halbe Antigendosis für Hepatitis A-Komponente) wird der kurzfristige Impfschutz erst nach der 2. Impfstoffdosis angenommen und der langfristige nach der 3. Impfstoffdosis erreicht.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Hepatitis-A-Erkrankung diagnostiziert worden ist. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischung, z.B. nach 10 Jahren, notwendig ist.

MSM-associated HAV genotype linked to a food handler, November 2017–February 2018, Germany. Food Environ Virol 2019. doi: 10.1007/s12560-019-09375-3

Enkirch T, Severi E, Vennema H, et al.: *Improving preparedness to respond to cross-border hepatitis A outbreaks in the European Union/European Economic Area: towards comparable sequencing of hepatitis A virus*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.28.1800397

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-Santisteve 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 2017. 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.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

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

6.22 Hepatitis B

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **8.903**
- Davon 531 akute, 4.257 chronische und 4.115 Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium
- Zunahme der Fallzahlen seit dem Jahr 2015 wegen Änderung der Referenzdefinition, IfSG-Änderung im Jahr 2017 und Erweiterung der Referenzdefinition auf chronische Fälle seit dem Jahr 2019
- 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-labordiagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch labordiagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition erfüllen (Tab. 6.22.1). Seitdem erfüllt nur noch der direkte Hepatitis-B-Virus-Nachweis die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

Im Juli 2017 trat eine IfSG-Änderung in Kraft, bei der jeder Nachweis von Hepatitis-B-Virus meldepflichtig wurde. Seitdem werden nicht mehr nur Nachweise, die auf eine akute Infektion hinweisen, erfasst, sondern alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen mit dem Hepatitis-B-Virus. Seit 2019 entsprechen auch chronische Infektionen der Referenzdefinition. Dies erlaubt eine unterteilte Auswertung der übermittelten Fälle nicht nur nach Meldekategorie, sondern auch nach Infektionsstatus (s. Tab. 6.22.1).

In den Meldedaten wurden für das Jahr 2019 folgende Datenkorrekturen vollzogen: Rückwirkend ab dem Meldejahr 2019 erfüllen alle als chronisch übermittelten Fälle sowie rückwirkend zum Beginn des Meldejahres 2015 alle Fälle in den Falldefinitionskategorien D und E, die bisher nicht die Referenzdefinition erfüllten, die Referenzdefinition. Dies führt zu größeren Abweichungen im Vergleich zu der Berichterstattung in den Vorjahren.

Klinische Aspekte

Für das Jahr 2019 wurden insgesamt 8.903 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei entfiel der größte Anteil der Infektionen auf die Falldefinitionskategorien D (labordiagnos-

Tab. 6.22.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019 und nach Infektionsstatus für 2019

Kategorie	2018		2019				
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
klinisch-labordiagnostisch (C)	672	15 %	1.427	16 %	353	714	360
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	705	16 %	4.200	47 %	166	3.488	546
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.132	69 %	3.276	37 %	12	55	3.209
alle	4.509	100 %	8.903	100 %	531	4.257	4.115
Referenzdefinition (C+D+E)	**4.509**	**100 %**	**8.903**	**100 %**	**531**	**4.257**	**4.115**

tisch bei nicht erfülltem klinischen Bild) (4.200 Infektionen; 47 %) und E (labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild) (3.276 Infektionen; 37 %). Der Anteil übermittelter Infektionen der Kategorie C (klinisch-labordiagnostisch) lag 2019 bei 16 % (1.427 Infektionen) (s. Tab. 6.22.1).

Das Stadium von den 8.903 übermittelten Fällen war in 6 % (531) als akut, in 48 % (4.257) als chronisch und in 46 % (4.115) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.22.1). Die akuten Fälle wurden am häufigsten in der Falldefinitionskategorie C übermittelt (67 %, 353), die chronischen Fälle in der Falldefinitionskategorie D (82 %, 3.488) und die Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefinitionskategorie E (78 %, 3.209).

Zeitlicher Verlauf

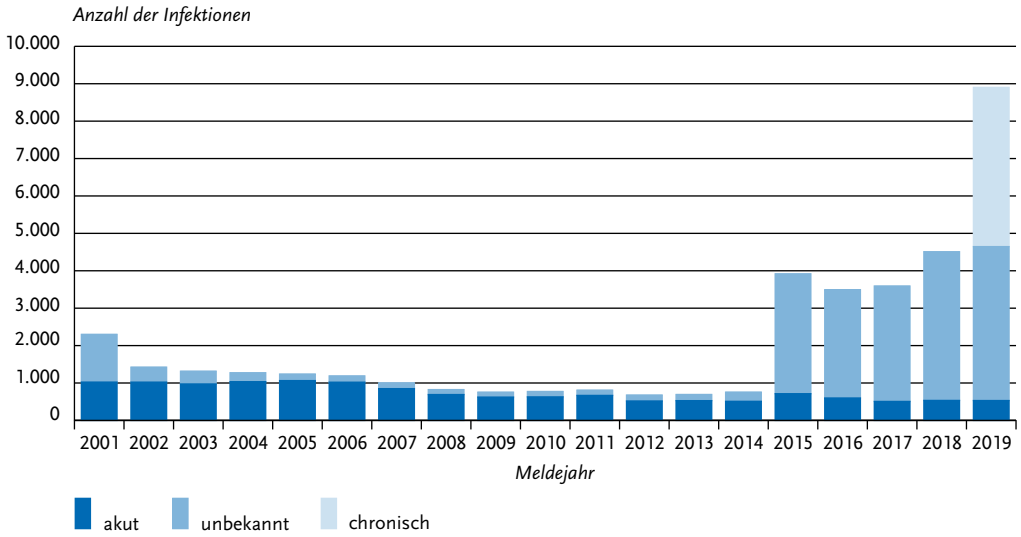
Insgesamt wurde zwischen den Jahren 2001 und 2009 ein Rückgang der übermittelten Hepatitis-B-Infektionen beobachtet. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen zwischen den Jahren 2009 und 2014. Mit Änderung der Falldefinition 2015 haben die Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.22.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstatus zeigt, dass seit 2006 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant bleibt und der Anstieg auf 3.919 übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen im Jahr 2015 zum größten Teil Infektionen mit unbekanntem Infektionsstatus ausmachte (3.205), was mit der Änderung der Falldefinition zusammenhing (s. Abb. 6.22.1.). Einen weiteren Anstieg gab es durch die IfSG-Änderung 2017. Seit dem Jahr 2019 werden auch chronische Infektionen veröffentlicht, was zu einem weiteren starken Anstieg der berichteten Fallzahlen führte.

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betrugen 2019 zwischen 4,3 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Mecklenburg-Vorpommern und 17,0 in Bremen. Für 2019 waren die Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, Brandenburg und Sachsen mit unter 6 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.22.2). Bundesländer mit einer Inzidenz über 12 Inf./100.000 Einw. waren Bremen (17,0), Baden-Württemberg (15,2), Berlin (14,8), Bayern (14,6) und Hessen (12,4).

Nach Infektionsstadium differenziert betrugen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0,1 in Sachsen und 1,0 aku-

Abb. 6.22.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstatus, Deutschland, 2001 bis 2019



ter Inf./100.000 Einw. in Bremen. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstatus lagen zwischen 0,8 in Thüringen und 8,9 Inf./100.000 Einw. in Bayern. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstatus lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 1,2 im Saarland und 11,1 Inf./100.000 Einw. in Bremen.

Bei 2.293 (26 %) der insgesamt 8.903 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfiel gut die Hälfte der Nennungen (n=1.303), gefolgt von der Türkei (n=104), Rumänien (n=82), Syrien (n=63), Vietnam (n=53) und Nigeria (n=50).

Seit der IfSG-Novellierung werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 5.288 (59 %) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 4.477 (50 %) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Deutschland wurde bei 29 % (1.534) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 42 % (1.891) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (8,7 %; 462), Rumänien (6,3 %; 332), Vietnam (3,4 %; 178) und die Russische Föderation (3,3 %; 175) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 12,7 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (8,5). Bei beiden Geschlechtern waren die Altersgruppen der 30- bis 39-Jährigen am stärksten betroffen. Hier lag die Inzidenz aller übermittelten Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) für Frauen bei 20,2 und für Männer bei 25,5 Inf./100.000 Einw. Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) war mit 0,5 insgesamt niedrig (Abb. 6.22.3). Zehn von 52 Infektionen entfielen jedoch auf Kinder im 1. Lebensjahr (1,3 Inf./100.000 Einw.).

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wurde nur ein kleiner Teil (6,3 bzw. 5,2 %) aller übermittelten Infektionen als akute Infektionen übermittelt. Hierbei wiesen 25- bis 59-jährige Männer die höchsten Inzidenzen auf (1,3 akute Inf./100.000 Einw.). Bei Frauen lagen die höchsten Inzidenzen für akute Infektionen bei den 20- bis 49-Jährigen (0,7 akute Inf./100.000 Einw.).

Abb. 6.22.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland und Infektionsstatus, 2019 (n=8.902)

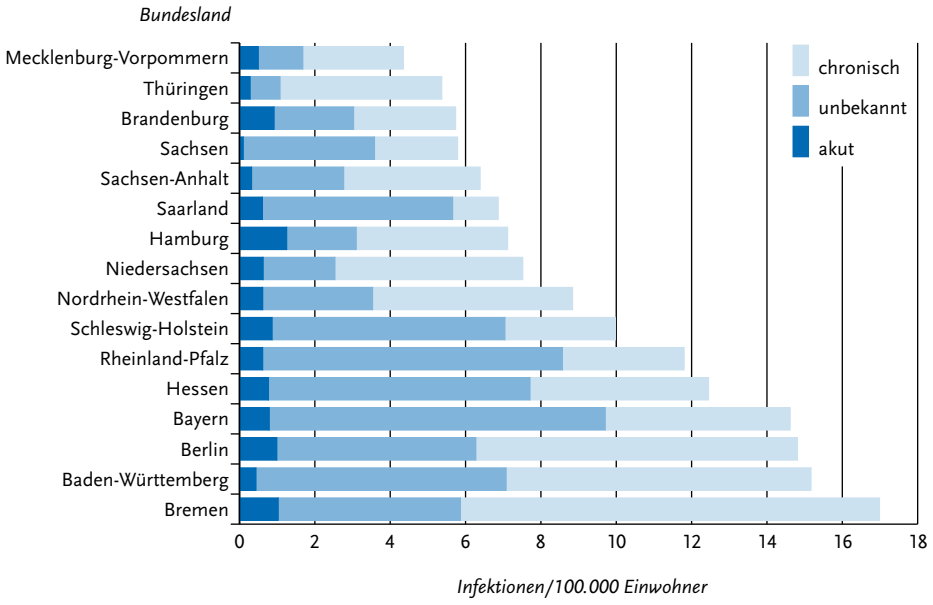
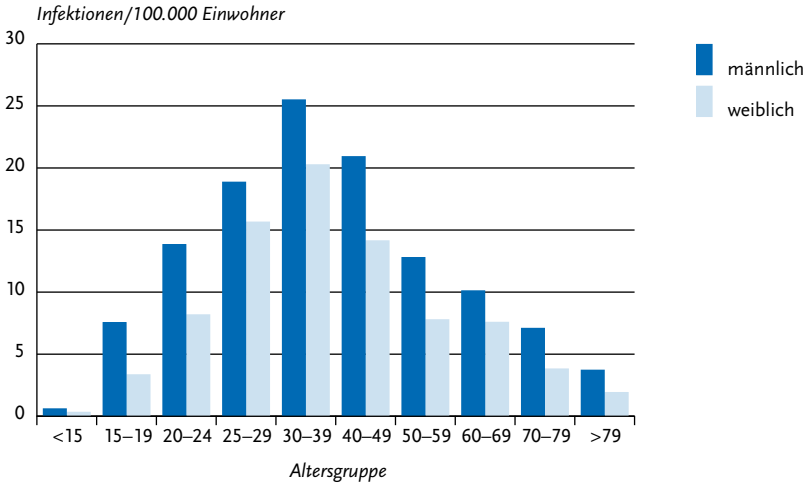


Abb. 6.22.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=8.803)



Infektionsrisiken

Nur bei 426 (5,0 %) der 8.903 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

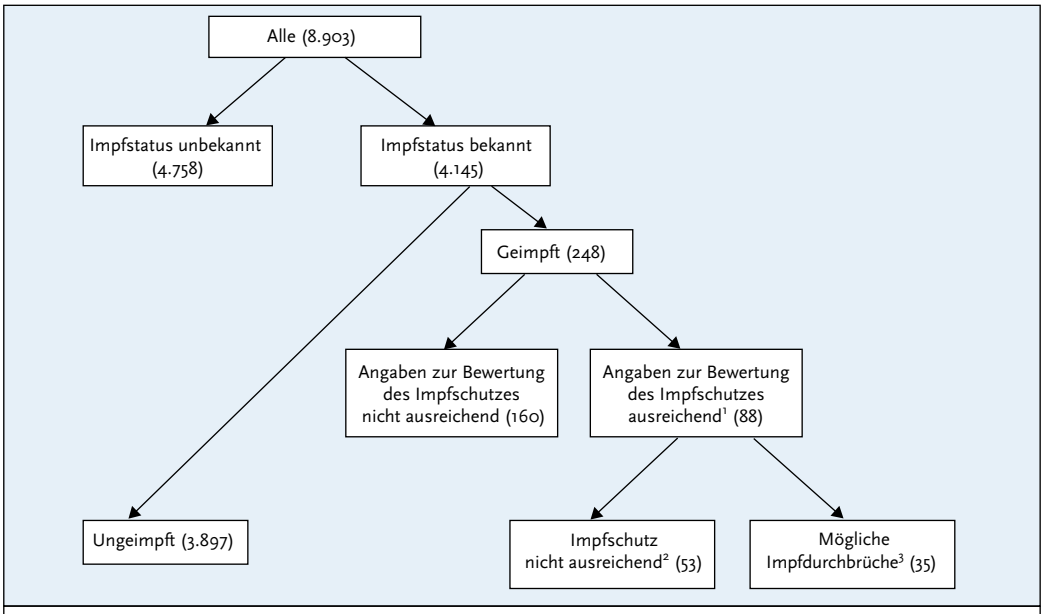
Der am häufigste übermittelte Übertragungsweg war 2019 die Wohngemeinschaft mit einem Hepatitis-B-Virusträger (185 Fälle, 43 %). Als zweithäufigster wahrcheinlicher Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission bei 118 Infektionen (28 %) genannt, darunter 71 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem mit Hepatitis-B-Virus infiziertem Partner und 47 Infektionen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Als dritthäufigster Übertragungsweg wurde i. v.-Drogenkonsum bei 85 Infektionen (20,0 %) angegeben, darunter 6 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Des Weiteren wurde bei 26 Infektionen (6 %) der Erhalt von Blutprodukten, bei 7 Infektionen (2 %) Dialyse und bei 5 Infektionen (1 %) perinatale Übertragung 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 Verfügung. 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 4.145 (47 %) der 8.903 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.22.4). Von diesen 4.145 Infektionen wurden 3.897 (94 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 248 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 248 fehlten bei 160 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes: So lagen von 89 Infektionen keine Angaben

Abb. 6.22.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=8.903)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Hepatitis-B-Virus-Infektion diagnostiziert worden ist.

zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen vor; bei 49 Infektionen fehlten Angaben zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn und bei 22 Infektionen fehlten Angaben zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfung.

Für 88 (35 %) der 248 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 53 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren: Bei 48 dieser Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben; bei einer Infektion erfolgte die 3. Impfung weniger als 2 Monate vor Feststellung der Infektion und bei einer anderen Infektion fehlte die 4. Impfdosis bei Impfung mit einem hexavalenten Kombinationsimpfstoff. Weitere 3 Personen wurden nicht zeitgerecht geimpft, ihr Erkrankungsbeginn war <14 Tage nach der letzten Impfung. Insgesamt 35 Infizierte hatten einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz 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 Einschätzung 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 2019 wurden 8 Häufungen mit insgesamt 18 Infektionen (2 bis 4 Infektionen pro Ausbruch) übermittelt. Bei 6 der Häufungen war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger, bei einer Häufung war es sexuelle Transmission und bei einer Häufung war die Übertragung nicht ermittelbar.

Datenqualität

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle labordiagnostischen Nachweise einer Hepatitis B meldepflichtig, wodurch seitdem alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Zusätzlich konnten Angaben über das Stadium der Infektion erhoben werden. Seit 2019 erfüllen übermittelte Fälle mit chronischem Infektionsstadium die Referenzdefinition. Dadurch entfiel ein großer Anteil (97 %) der 4.394 Fälle, die 2019, im Vergleich zum Vorjahr, mehr übermittelt wurden (Tab. 6.22.1 und Abb. 6.22.1) auf chronische Fälle (4.257). Nicht erkannte chronische Fälle könnten sich auch weiterhin in dem hohen Anteil der übermittelten Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium 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, der IfSG-Novellierung 2017 und dem Einschluss chronischer Fälle in die Referenzdefinition 2019 sind die übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar. Trendauswertungen aller übermittelten Infektionen ohne Berücksichtigung des Infektionsstadiums sind nicht möglich.

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der IfSG-Novellierung im Juli 2017 bei Hepatitis B Angaben zum Geburtsland und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit wird es zukünftig möglich sein, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei verschiedenen Migrantenpopulationen zu erhalten. Für das Berichtsjahr 2019 stiegen die Angaben zum Geburtsland auf mehr als die Hälfte der Fälle. Es bleibt abzuwarten, ob der Anteil mit ermittelten Informationen zukünftig weiter ansteigt und damit eine belastbarere Auswertung über die Zeit 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 Jahren 2015 bis 2017. Seit Juli 2017 sind alle Nachweise unabhängig vom Stadium der Hepatitis-B-Virus-Infektion meldepflichtig. Dies könnte eine weitere Erklärung für den Anstieg der Fallzahlen, besonders bei den Fällen mit unbekannter Klinik, sein. Eine nach Infektionsstadium differenzierte Auswertung des zeitlichen Verlaufs zeigt, dass die Anzahl akuter Infektionen seit 2011, mit Ausnahme von 2015 (714 akute Infektionen), unter 600 Infektionen pro Jahr lag und somit kein Anstieg an akuten Infektionen seitdem zu verzeichnen war. Eine Differenzierung nach Infektionsstadium zeigte, dass bei Männern die höchsten Inzidenzen akuter Infektionen bei den 25- bis 59-Jährigen (1,29 Inf./100.000 Einw.) und bei den Frauen bei den 20-bis 49-Jährigen (0,74 Inf./100.000 Einw.) lagen und wahrscheinlich zum größten Teil auf sexuelle Übertragungswege hindeuten. Für eine bessere Beschreibung und Eingrenzung von Gruppen in der Allgemeinbevölkerung mit erhöhtem Risiko für Neuinfektionen (meist akute Infektionen) oder erhöhter Prävalenz (z. B. unerkannte chronischen Infektionen) ist eine differenzierte Übermittlung und Auswertung der Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Infektionsstadium von entscheidender Bedeutung. Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben und, um diese zu erreichen, besteht insbesondere bei diesen Gruppen 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

Boes L, Houareau C, Altmann D, et al.: *Evaluation of the German surveillance system for hepatitis B regarding timeliness, data quality, and simplicity, from 2005 to 2014*. Public Health 2020; 180: 141–148.

Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review.* PLoS One 2020. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166

von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, Altmann D, Zimmermann R, Dudareva S: *Implications of a change in case definition and screening of asylum seekers for hepatitis B surveillance in Germany in 2015 and 2016*. Epidemiol. Infect 2020. https://doi.org/10.1017/S0950268820000242

Poethko-Müller C, Kuhnert R, Lassen SG, Siedler A: *Durchimpfung von Kindern und Jugendlichen in Deutschland: Aktuelle Daten aus KiGGS Welle2 und Trends aus der KiGGS-Studie*. Bundesgesundheitsbl 2019·62: 410–421.

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.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

Dudareva S, Kremer K, Harder T, Maisa A, Bremer V, Zimmermann R: *Virushepatitis B und D im Jahr 2019*. Epid Bull 2020; 30/31: 3–17.

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

6.23 Hepatitis C

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **5.940**
- Anzahl der Fälle ähnlich wie im Vorjahr
- 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 49-Jährigen

Kurzbeschreibung

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. Aufgrund des meist unbekannten Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C, jedoch eine effektive antivirale Therapie, die eine Infektion in den meisten Fällen heilen kann.

Mit den empfohlenen direkt antiviral wirkenden und unabhängig vom Genotyp einsetzbaren Medikamenten hat sich die Therapie der Hepatitis C weiter vereinfacht und ist hochwirksam. Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben.

Falldefinition

Da die Mehrzahl der Hepatitis-C-Infektionen asymptomatisch verläuft, umfasst die Referenzdefinition alle Fälle mit 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

Tab. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.318	22 %	1.352	23 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.087	35 %	2.104	35 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.493	42 %	2.484	42 %
alle	5.898	100 %	5.940	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	**5.898**	**100 %**	**5.940**	**100 %**

jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist, so dass alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen erfasst werden. Auch wenn teilweise chronische Infektionen erfasst werden, handelt es sich um die Erstmeldung an das Gesundheitsamt, sodass im folgenden Text von Inzidenzen gesprochen wird.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2019 wurden insgesamt 5.940 Fälle von Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 7,1 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Inzidenz unverändert zum Vorjahr.

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 Vorjahre zurück zu fallen. Seit der Änderung der Meldepflicht im zweiten Halbjahr 2017 war ein erneuter Anstieg der Fallzahlen zu verzeichnen. Von 2018 bis 2019 sind die Fallzahlen in etwa gleich geblieben (s. Abb. 6.23.1).

Geografische Verteilung

Die in den Vorjahren beobachtete weite Inzidenzspanne hat sich für das Berichtsjahr, ähnlich wie auch schon 2018, verkleinert: Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 3,1 Infektionen/100.000 Einw. in Brandenburg und Thüringen und 9,8 in Baden-Württemberg (s. Abb. 6.23.2).

Über der bundesweiten Inzidenz von 7,1 lagen neben Baden-Württemberg auch Schleswig-Holstein (8,5), Bayern (8,0), Hamburg (7,9), Berlin (7,6) und Nordrhein-Westfalen (7,3). Unterhalb der bundesweiten Inzidenz lagen außer Brandenburg und Thüringen auch Mecklenburg-Vorpommern (3,2), Sachsen-Anhalt (5,0), Sachsen (5,2) und Bremen (5,7), das Saarland (6,2), Niedersachsen (6,3), Rheinland-Pfalz (6,7) und Hessen (7,0).

Rückläufige Inzidenzen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre zeigten sich in Berlin, Sachsen, Hessen und Thüringen. In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz über dem Median der Vorjahre, wobei der größte Inzidenzanstieg in Bremen zu verzeichnen war.

Bei 1.345 (23 %) der übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 1.071-mal angegeben (80 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen konstant auf Kasachstan und die Russische Föderation (je n=27), gefolgt von Georgien (n=26), der Ukraine (n=16), Weißrussland (n=14), Pakistan und Rumänien (je n=13) sowie Polen (n=12).

Seit der IfSG-Novellierung im Jahr 2017 werden Angaben zum Geburtsland und zur Staatsangehörigkeit an das RKI übermittelt. Für etwa die Hälfte der übermittelten Fälle wurde das Geburtsland (n=3079; 52 %) bzw. die Staatsangehörigkeit (n=2739; 46 %) berichtet. Dabei entfielen auf Deutschland als Geburtsland 1.836 (60 %) und auf die deutsche Staatsangehörigkeit 1.947 (71 %) der Angaben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 9,9 Infektionen/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch wie in der weiblichen (4,3). Einzig bei

Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

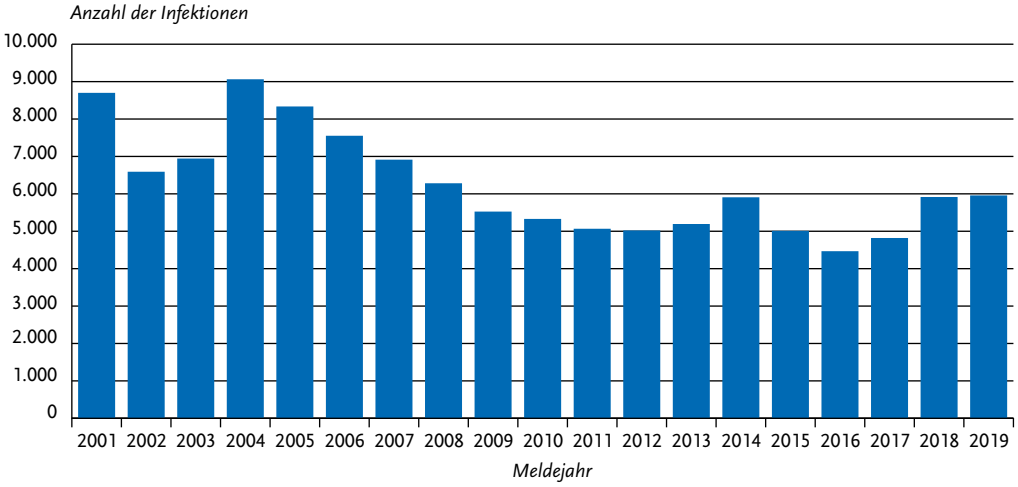
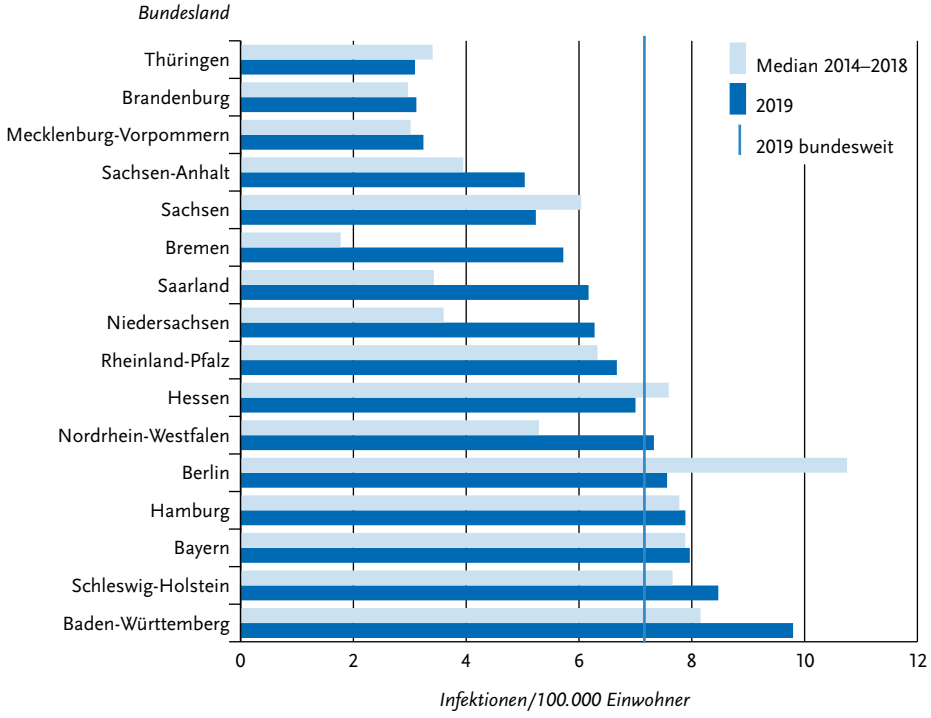


Abb. 6.23.2:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=5.938) im Vergleich mit den Vorjahren



den über 70-Jährigen waren Frauen (4,3) stärker betroffen als Männer (2,7). Wie in den vorangegangenen Jahren machten die 30- bis 49-jährigen Männer mit 41 % (n=2.410; 22,5 Inf./100.000 Einw.) einen erheblichen Anteil an der Gesamtzahl der übermittelten HCV-Infektionen aus. Bei den Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen am höchsten (7,2). (s. Abb. 6.23.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) war mit 0,2 Infektionen/100.000 Einw. (entsprechend 26 übermittelten Infektionen) gering.

Infektionsrisiken

Eine Angabe zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lag bei 1.539 Infektionen (26 %) vor (s. Datenqualität).

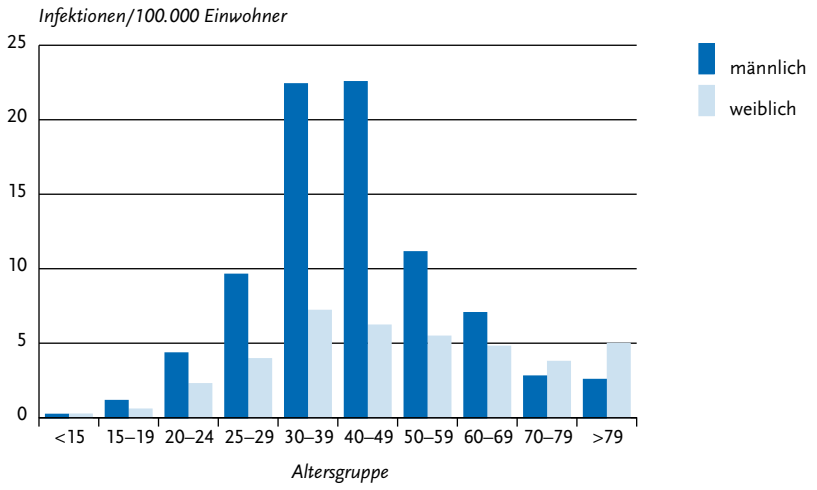
Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in kausalem Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C steht, wurde dabei für 984 Infektionen (64 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) angegeben. Von diesen lag bei 44 Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor. Der Erhalt von Blutprodukten vor Einführung der diagnostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 wurde für 106 (6,9 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) Infektionen angegeben, und die Summe anderer nosokomialer Übertragungswege (n=145; 9,4 %) verteilte sich auf operativ-diagnostischer Eingriff (n=65), medizinische Injektion im Ausland (n=59), Erhalt von Blut und Blutprodukten nach 1991 oder ohne Jahresangabe, auch im Ausland (n=16), Dialyse (n=4) und Organtransplantation (n=1).

In 94 Fällen (6,1 % aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 8,4 % derjenigen bei Männern) wurde die Übertragung durch sexuelle Kontakte zwischen Männern als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben, darunter 8 mit einem bekannt HCV-positiven Partner und 86 mit unbekanntem Infektionsstatus des Partners. Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 48 Infektionen (3,1 %) angegeben. Eine Übertragung durch perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 9 Infektionen (0,6 %) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 4 epidemiologisch zusammenhängende Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt. Alle wurden zwischen Personen in privaten Haushalten berichtet, 2 mit möglicher heterosexueller Transmission, eine durch Übertragung im Rahmen von Haushaltskontakten und

Abb. 6.23.3:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=5.888)



eine ohne Angabe des Übertragungsweges. Bei 2 dieser Verknüpfungen lagen bei beiden betroffenen Personen akute Infektionen vor.

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 daher keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, es sei denn, dem Gesundheitsamt liegen zusätzliche Informationen (anamnestische Informationen seitens des Arztes, labordiagnostische Konstellation wie nachgewiesene Serokonversion) vor. Für das Jahr 2019 wurden ähnlich wie im Vorjahr zu knapp der Hälfte der Fälle (n=2.853, 48 %) Angaben zum Stadium der Infektion übermittelt. Von den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion entsprach der Großteil (n=2.265, 80 %) chronischen Fällen, ähnlich wie im Vorjahr.

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.

Für die Auswertung des wahrscheinlichsten Übertragungswegs wurden Mehrfachangaben auf den wahrscheinlichsten Transmissionsweg reduziert. Anders als in den Vorjahren wurden alle übermittelten Angaben ausgewertet, so dass erstmals auch Infektionen mit der Angabe: Übertragung durch Piercing/Tattoo, operativ-diagnostischer Eingriff, medizinische Injektion im Ausland, berufliche Exposition mit Patienten/Material und Organtransplantation ausgewiesen werden. Dadurch ist der Anteil von Fällen mit Angaben zum Übertragungsweg leicht gestiegen und die relativen Anteile der Angaben in anderen Kategorien fallen im Vergleich zu den Vorjahren etwas niedriger aus.

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG 2017 bei allen Hepatitis-C-Meldungen Angaben zum Geburtsland und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit wird es zukünftig möglich sein, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei Migrantenpopulationen zu erhalten. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (52 %) und zur Staatsangehörigkeit (46 %) ist im Vergleich zum Vorjahr (36 % und 35 %) deutlich angestiegen.

Fazit

Die Anzahl übermittelter Hepatitis-C-Virus-Infektionen im Jahr 2019 hat sich seit dem Vorjahr stabilisiert. Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen in den Bundesländern haben sich im Vergleich zum Vorjahr etwas verschoben. Die Daten sind nach den grundsätzlichen Änderungen des Surveillancesystems und der Meldepflicht nur bedingt mit den Daten der Vorjahre vergleichbar. Der Anteil übermittelter akuter Hepatitis-C-Virus-Infektionen unter den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion ist ähnlich wie in den Vorjahren etwa ein Fünftel der Fälle.

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. In der Altersgruppe der über 70-Jährigen weisen Frauen eine höhere Inzidenz übermittelter Hepatitis-C-Virus-Infektionen als Männer auf, möglicherweise zurückzuführen auf spät diagnostizierte Infektionen, die v. a. nosokomial (z. B. im Rahmen von Bluttransfusionen vor Einführung der diagnostischen Testung von Blutprodukten) übertragen wurden.

Aktuell ist kein Rückgang der Zahl der übermittelten Infektionen zu verzeichnen, so dass davon auszugehen ist, dass sich immer noch Personen neu infizieren. Um sich dem Ziel der Elimination anzunähern, müssen insbesondere Gruppen, in denen aktuell Infektionen übertragen werden, wie Drogengebrauchende, Inhaftierte und MSM, verstärkt getestet und der Behandlung und Prävention zugeführt werden.

Literaturhinweise

Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review.* PLoS One 2020. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166

ECDC (2020): *Technical protocol for hepatitis C prevalence surveys in the general population.* https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/hepatitis-C-prevalence-surveys-technical-protocol.pdf

Enkelmann J, Gassowski M, Nielsen S, et al.: *High prevalence of hepatitis C virus infection and low level of awareness among people who recently started injecting drugs in a cross-sectional study in Germany, 2011–2014: missed opportunities for hepatitis C testing.* Harm Reduction Journal 2020. https://doi.org/10.1186/s12954-019-0338-y

Berufsverband niedergelassener Gastroenterologen: *Empfehlungen des bng zur Therapie der chronischen Hepatitis C – Update Oktober 2019.* https://www.bng-gastro.de

Tavoschi L, O'Moore É, Hedrich D: *Challenges and opportunities for the management of infectious diseases in Europes' prisons: evidence-based guidance.* Lancet Infect Dis 2019; 19: e253–e258.

WHO: *Progress report on HIV, viral hepatitis and sexually transmitted infections 2019.* https://www.who.int/hiv/strategy2016-2021/progress-report-2019/en/

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. https://doi.org/10.1186/s12879-018-2988-x

Meurs L, Dudareva S, Diercke M, Altmann D, Bremer V, Zimmermann R: *Hepatitis-C-Meldedaten nach IfSG, 2016–2018: Auswirkungen der Änderungen von Falldefinition und Meldepflicht.* Epid Bull 2019; 30: 275–285.

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

6.24 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 (Falldefinitionskategorien 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 Falldefinitionskategorien 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.

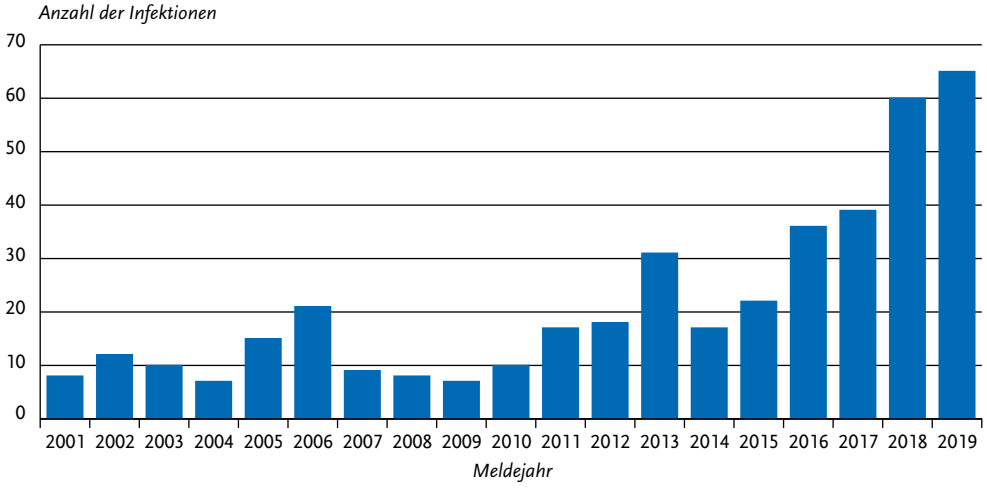
Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 wurden 65 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.24.1). Die 65 Infektionen wurden aus 12 Bundesländern (je ein bis 14 Infektionen)

Tab. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	25	42 %	20	31 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	18	30 %	25	38 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	17	28 %	20	31 %
alle	60	100 %	65	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	**60**	**100 %**	**65**	**100 %**

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



übermittelt. Bei 17 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, zum Teil mit Mehrfachnennungen. Als Infektionsland wurde 8-mal Deutschland, 3-mal Rumänien, 2-mal Republik Moldau und jeweils einmal Elfenbeinküste, Kamerun, Demokratische Republik Kongo und Südsudan genannt. Von den 65 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 35 (54 %) Männer und 30 (46 %) Frauen. Die meisten Infektionen (58 %) wurden bei den 30- bis 49-jährigen Erwachsenen 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. Es ist nicht auszuschließen, dass es sich auch um nachgemeldete Fälle handeln kann, die seit längerer Zeit eine chronische Hepatitis D aufweisen. Dies betrifft insbesondere die Falldefinitionskategorien D und E. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken.

Literaturhinweise

Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review.* PLoS One 2020. doi: 10.1371/journal.pone.0229166

WHO: *Hepatitis D. Fact sheet 2019.* www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-d

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.
RKI (2018): *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Infektionsschutzgesetz und Meldewesen*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html
Dudareva S, Kremer K, Harder T, Maisa A, Bremer V, Zimmermann R: *Virushepatitis B und D im Jahr 2019*. Epid Bull 2020; 30/31: 3–17.
RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.25 Hepatitis E

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **3.724**
- Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- Die meisten Infektionen (85 %) 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 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.25.1).

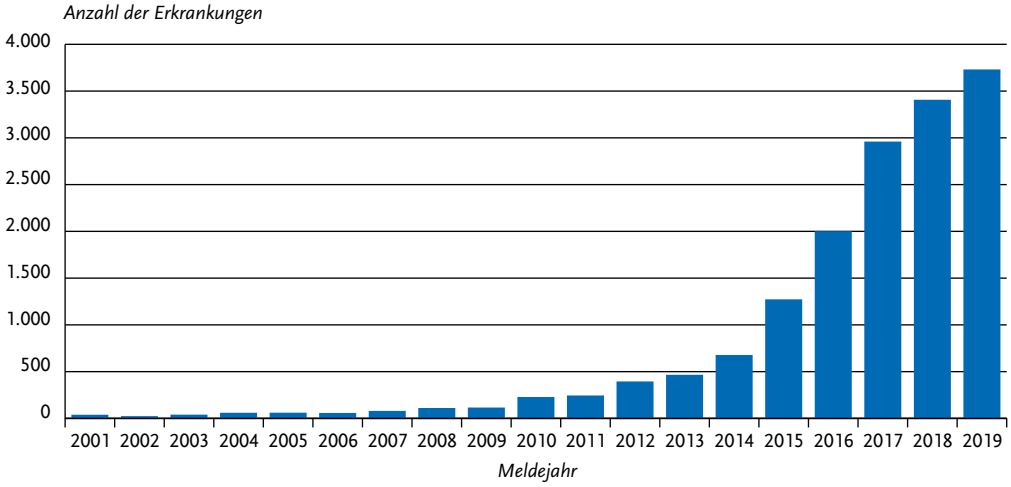
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden dem RKI insgesamt 3.724 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (3.400 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 10 %. Damit hat sich der steigende Trend der letzten Jahre in etwas schwächerem Maße fortgesetzt (s. Abb. 6.25.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 4,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit einem Minimum im Dezember und einem Maximum im Frühsommer ist erkennbar.

Tab. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.400	65 %	3.724	55 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	750	14 %	1.261	19 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.111	21 %	1.791	26 %
alle	5.261	100 %	6.776	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**3.400**	**65 %**	**3.724**	**55 %**

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (8,4 Erkr./100.000 Einw.), Brandenburg (8,1), dem Saarland (8.0), Sachsen (7,6), Thüringen (7,3), Sachsen-Anhalt (6,6), und Rheinland-Pfalz (6,5) erfasst.

Bei 1.968 Erkrankten (53 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.25.2). Von den 2.043 Nennungen entfielen 85 % auf Deutschland. Dieser Anteil ist ähnlich hoch wie im Vorjahr (83 %).

Tab. 6.25.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 1.968 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.744	85 %
Spanien	49	2 %
Italien	19	1 %
Griechenland	17	1 %
Kroatien	16	1 %
Frankreich	14	1 %
Ägypten	12	1 %
Thailand	10	0 %
Türkei	10	0 %
Indien	8	0 %
Andere	144	7 %
Summe	**2.043**	**100 %**

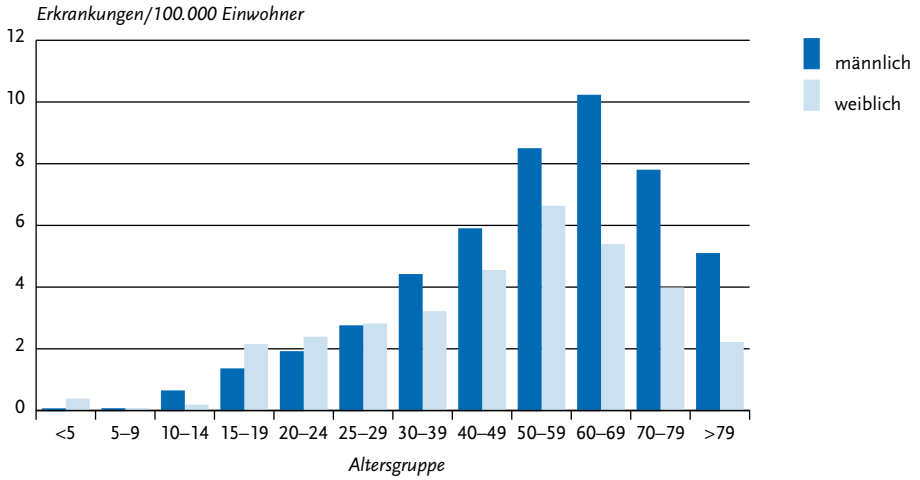
Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.803 der übermittelten Erkrankungen (75 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 2.174 Erkrankungen waren Männer (58 %) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (10,2 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 1.029 (28 %) der Erkrankungen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 8 Todesfälle übermittelt. Betroffen waren 6 Männer und 2 Frauen im Alter von 54 bis 89 Jahren.

Abb. 6.25.2:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2019 (n=3.719)



Ausbrüche
Im Jahr 2019 wurden 9 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 18 Erkrankungen übermittelt.

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

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: 149–156.

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

6.26 HIV-Infektion

- Fälle 2019: **3.093**
- Anstieg der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- 78 % der Neudiagnosen bei Männern
- Höchste Diagnose-Inzidenzen in den Altersgruppen 25 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- Bei 93 % 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) kenn-

zeichnen. Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregerhaltigem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i. v.-Drogengebrauchern, 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.

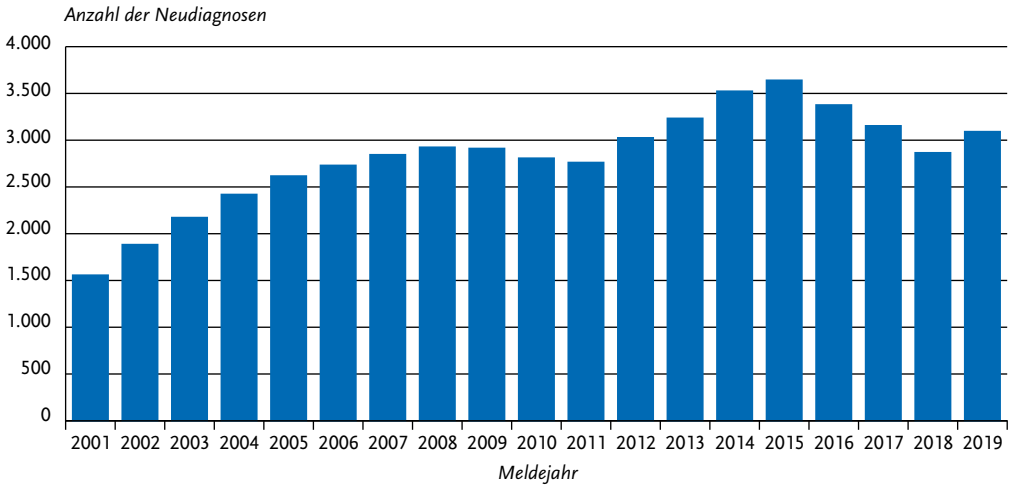
Fallkriterien

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 2019 wurden dem RKI 3.093 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als Neudiagnosen identifiziert werden konnten. Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,7 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018 und stieg im Jahr 2019 erneut leicht an. Gegenüber dem Vorjahr (2.867) stieg die Anzahl um 226 (8 %) (s. Abb. 6.26.1).

Abb. 6.26.1:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2019



Geografische Verteilung

Insgesamt stiegen die Diagnosezahlen 2019 gegenüber dem Vorjahr an. Dieser Anstieg war am stärksten für Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte (770, 2018: 610), gefolgt von wahrscheinlich im Ausland erworbenen HIV-Infektionen (708; 2018: 662) und am geringsten für in Deutschland erworbene HIV-Infektionen (1.615; 2018: 1.595).

Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den beiden Stadtstaaten Hamburg und Bremen (12,1 bzw. 9,2 Fälle pro 100.000 Einwohner), gefolgt von Berlin (8,0) (s. Abb. 6.26.2).

Großstädte wie Köln, München, Leipzig, Stuttgart und Frankfurt/Main, aber auch mittelgroße Städte wie z. B. Regensburg, Mannheim und Trier wiesen ähnlich hohe oder sogar höhere Inzidenzen als die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.26.3). Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz in 6 Bundesländern (Hamburg, Bremen, Baden-Württemberg, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und Thüringen) an, in 10 Bundesländern ging sie zurück.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag bei der männlichen Bevölkerung mit 5,9 Fällen/100.000 Einw. deutlich höher als bei Frauen (1,6). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (22 %) blieb gegenüber dem Vorjahr unverändert.

Bei Männern wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (13,4 Neudiagnosen pro 100.000 Männer), bei Frauen die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen (4,5 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen). In den Altersgruppen mit der nächsthöheren Inzidenz (25 bis 29 Jahre bei Männern, 30 bis 39 Jahre bei Frauen) lag die Inzidenz bei Männern

Abb. 6.26.2:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=3.093) im Vergleich mit den Vorjahren

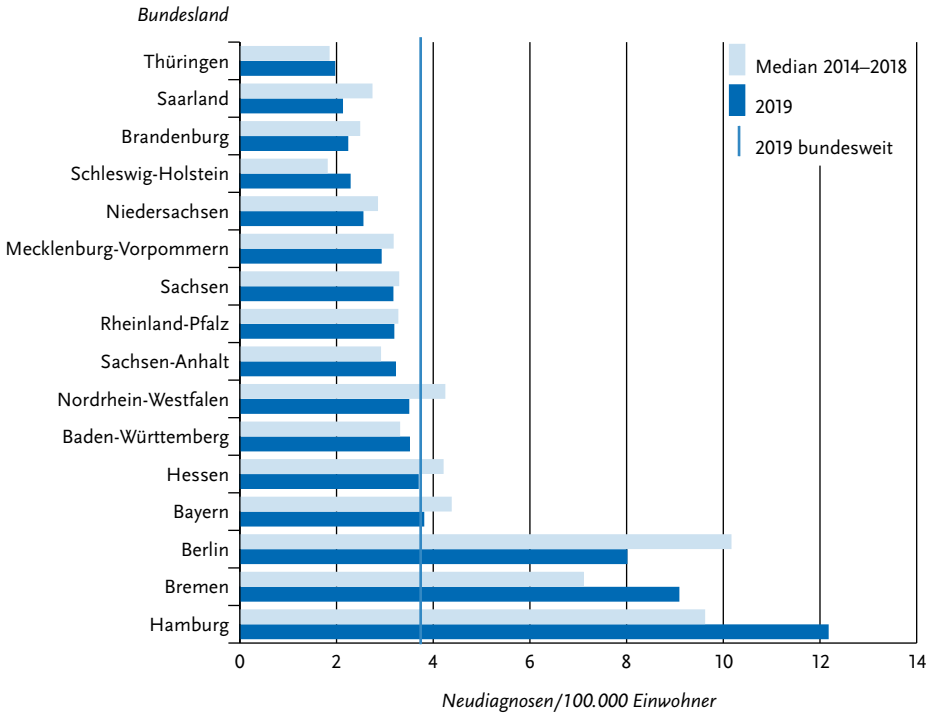


Abb. 6.26.3:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2019 (n=3.093)

noch bei 12,7, bei Frauen bei 4,2. Bei Männern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am dritthäufigsten betroffen (Inzidenz 10,2), 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 3,5 und 2,5 betroffen (s. Abb. 6.26.4).

Eine über mehrere Jahre rückläufige Inzidenz von HIV-Neudiagnosen konnte bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM) in 2019 nur noch in den Altersgruppen 35–39 Jahre und 45–49 Jahre beobachtet werden. In den Altersgruppen der über 54-Jährigen ging die Inzidenz gegenüber dem Vorjahr leicht zurück, in allen anderen jüngeren Altersgruppen stieg die Inzidenz leicht an oder blieb unverändert. Die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Heterosexuellen ist im Verlauf der letzten Jahre bei den jüngsten (15–19 Jahre) und in den mittleren Altersgruppen (30–39 Jahre) zurückgegangen. Bei den 20–29-Jährigen und in den höheren Altersgruppen (40+) stieg die Inzidenz leicht an.

Nachgewiesene Erreger

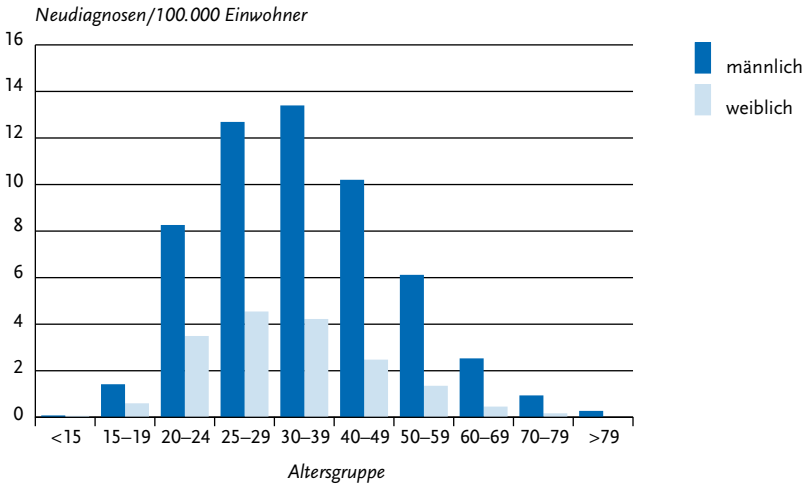
Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 9 Infektionen mit HIV-2 (0,3 %) neu diagnostiziert, sowie eine Doppelinfektion mit HIV-1 und HIV-2.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 2.794 Neudiagnosen (90 %) lagen Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 2.180 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 (53,7 %; 2018: 57,4 %). Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands und der Anteil der Neudiagnosen mit unbekanntem Infektionsland änderten sich ebenfalls nur unwesentlich.

Für 591 von 610 (97 %) der im Jahr 2019 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 44 % aus Subsahara-Afrika, 18 % aus West- oder Zentraleuropa, 15 % aus Osteuropa oder Zentralasien, 10 % aus Lateinamerika oder der Karibik, 8 % aus der Region Asien/Pazifik, und 4 % aus dem Nahen Osten oder Nordafrika. Von den 295 im Jahr 2019 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nicht-deutscher Herkunft stammten 48 % aus West- oder Zentraleuropa, 11 % aus Osteuropa oder Zentralasien, 8 % aus Subsahara-Afrika, 11 % aus Asien/Pazifik, 12 % aus Lateinamerika oder der Karibik und 8 % aus Nordafrika oder dem Nahen Osten. Relative und absolute Anstiege von Neudiagnosen im Vergleich zum Vorjahr waren bei Personen aus dem europäischen Ausland und aus Lateinamerika/der Karibik zu verzeichnen.

Abb. 6.26.4:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n= 3.079)



Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für 2.380 der 3.093 HIV-Neudiagnosen (77 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Neudiagnosen mit Angaben hatten sich 61 % (1.445) wahrscheinlich über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 32 % (763) über heterosexuelle Kontakte und 7 % (159) bei i. v.-Drogenkonsum. Bei 1 % (13) der Neudiagnosen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren. Zwei dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Für 1.347 (83 %) der 1.615 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, lagen Angaben zum Infektionsweg vor. Von diesen wurden 1.041 (77 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 197 (15 %) wurden heterosexuelle Kontakte und bei 107 (8 %) i. v.-Drogenkonsum als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (1.107) gesunken, die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden ist leicht angestiegen (Vorjahr 182), die Zahl der Infektionen durch i. v.-Drogengebrauch ist deutlich gestiegen (Vorjahr 87).

Unter den 1.615 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 318 Personen, die nicht aus Deutschland stammen. Davon hatten sich wahrscheinlich 208 (65 %) über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 52 (16 %) über heterosexuelle Kontakte und 19 (6 %) 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 2019 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=632) fehlten bei 103 (16 %) der Neudiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 362 (57 %) wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 126 (20 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern und 32 (5 %) 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 3.093 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 3.093 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2019 nach einem drei Jahre anhaltenden Rückgang erneut an. Dies ist insbesondere auf Zunahmen bei im Ausland erworbenen Infektionen und bei Neudiagnosen zurückzuführen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte.

Ein eindeutiger Rückgang von HIV-Neudiagnosen bei MSM gegenüber dem Vorjahr konnte in 2019 nur in den Bundesländern Berlin und Niedersachsen beobachtet werden. In allen anderen Bundesländern stieg die Zahl der Neudiagnosen bei MSM an, änderte sich kaum, oder ein Rückgang bei MSM steht einer Zunahme von Neudiagnosen mit unbekanntem Übertragungsrisiko gegenüber.

Die HIV-Neudiagnosen bei MSM, die sich in Deutschland infiziert haben, gehen weiter zurück, wenn auch langsamer als in den vergangenen Jahren. HIV-Neudiagnosen bei Menschen mit heterosexuellem Übertragungsrisiko ändern sich kaum, die HIV-Neudiagnosen bei Menschen, die sich bei intravenösem Drogenkonsum mit HIV infizieren nehmen wieder zu – wenn auch noch auf niedrigem Niveau.

Ein eindeutiger Effekt der zunehmenden Verwendung der HIV-Präexpositionsprophylaxe auf die Zahl der HIV-Neudiagnosen lässt sich an Hand der Meldezahlen nicht feststellen. Natürlich ist nicht auszuschließen, dass im Rahmen der Voruntersuchungen vor Beginn einer HIV-PrEP vermehrt bereits länger bestehende HIV-Infektionen diagnostiziert werden, was natürlich ein wünschenswerter Effekt wäre. Der erhoffte und aus anderen Ländern berichtete deutliche Rückgang von HIV-Neudiagnosen nach Ausweitung der Zahl der PrEP-Nutzer ist jedenfalls bis Ende 2019 in Deutschland nicht zu beobachten. Die PrEP als Leistung der gesetzlichen Krankenversicherung wurde zwar erst im September 2019 eingeführt, aber eine große Zahl von Personen hat bereits vor September 2019 die PrEP auf eigene Kosten genutzt, so dass Effekte der PrEP auf die Entwicklung der HIV-Neudiagnosen bereits vor September hätten sichtbar werden können. Bisher könnte bestenfalls die Entwicklung der Neudiagnosen in Berlin ein Anzeichen für diesen erhofften PrEP-Effekt darstellen. Die Überprüfung der Auswirkungen des vermehrten PrEP-Einsatzes bedarf aber weiterer, detaillierterer Analysen.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Menschen mit heterosexuellem Übertragungsrisiko scheint sich kaum zu ändern.

Die Situation bei Menschen, die i. v. Drogen konsumieren, ist gekennzeichnet durch sporadisch auftretende Infektionen, die immer wieder an unterschiedlichen Orten zu größeren Infektionsclustern führen können. Derartige Infektionscluster wurden in München in den Jahren 2015 bis 2017, in Köln in 2017 und 2018, und in 2019 in Bremen und Nord-Hessen beobachtet. Weitere Untersuchungen sind erforderlich, um die Bedingungen für das Entstehen solcher Cluster besser zu verstehen und geeignete Präventionsmaßnahmen ergreifen zu können.

Literaturhinweise

Marcus U, Beck N: *Infektionen mit dem humanen Immundefizienzvirus bei Kindern in Deutschland, 1999–2016*. Monatsschr Kinderheilkd 2020. doi: 10.1007/s00112-020-00865-4

Marcus U: *HIV infections and HIV testing during pregnancy, Germany, 1993 to 2016*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900078

Mardh O, Quinten C, Kuchukhidze G, et al.: *HIV among women in the WHO European Region – epidemiological trends and predictors of late diagnosis, 2009–2018*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900696

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

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.

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, et al.: *Determinants of HIV, viral hepatitis and STI prevention needs among African migrants in Germany; a cross-sectional survey on knowledge, attitudes, behaviors and practices*. BMC Public Health 2015. doi: 10.1186/s12889-015-2098-2

Koppe U, Hanke K, Fiebig U, et al.: *HIV-Studien und HIV-Projekte am Robert Koch-Institut*. Epid Bull 2019; 49: 527–539.

Marcus U, Gunsenheimer-Bartmeyer B, Kollan C, Bremer V: *HIV-Jahresbericht 2017/2018*. Epid Bull 2019; 46: 493–501.

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 2018*. Epid Bull 2019; 46: 483–492.

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

6.27 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **73**
- 67% 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-labordiagnostisch 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 2019 wurden 73 HUS-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Dies liegt leicht über der Fallzahl des Vorjahres (n=67) und geringfügig über dem Median der Jahre 2014 bis 2018 (n=71). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen (n=40; 55 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.27.1).

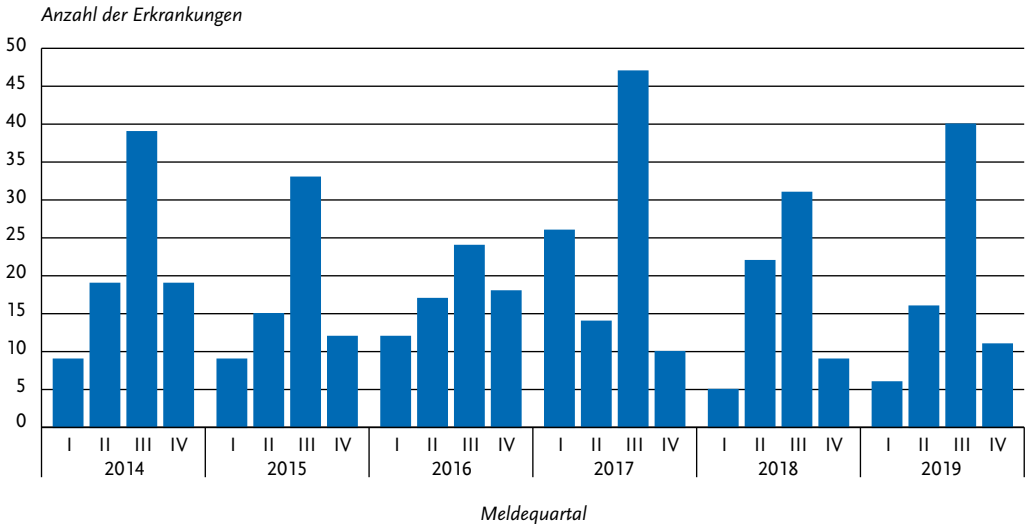
Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,09 (2018: 0,08) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Jeweils mehr als 10 Fälle wurden aus den bevölkerungsreichen Bundesländern Nordrhein-Westfalen (14 Fälle; Inzidenz 0,08 Erkr./100.000 Einw.), Niedersachsen (13; 0,16) und Baden-Württemberg (13; 0,12) übermittelt. In 3 Bundesländern (Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland, Thüringen) sind keine Erkrankungen aufgetreten. Aus den übrigen Bundesländern wurden jeweils ein bis 7 Fälle (0,03–0,22 Erkr./100.000 Einw.) übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzah-

Tab. 6.27.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	20	29 %	13	18 %
klinisch-epidemiologisch (B)	2	3 %	6	8 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	47	68 %	55	74 %
alle	69	100 %	74	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	**67**	**97 %**	**73**	**99 %**

Abb. 6.27.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019



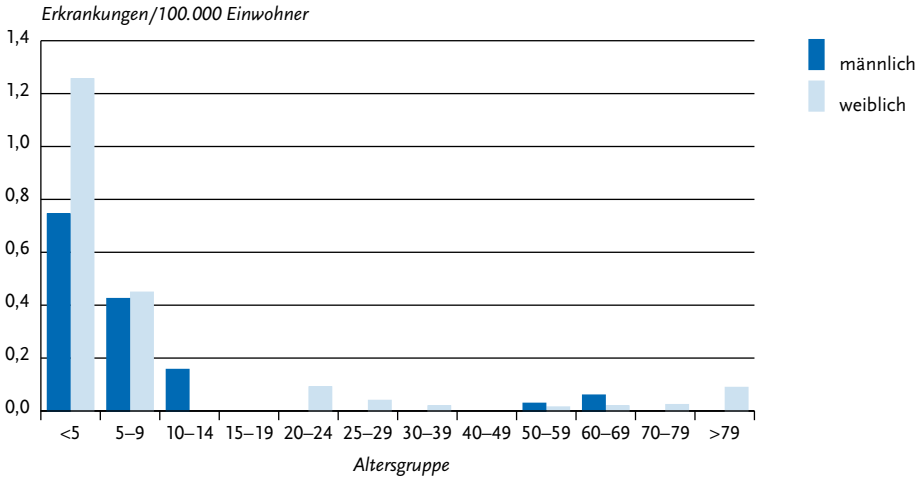
len bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 59 Erkrankungen wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (61 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 41-mal (67 % der Nennungen) genannt, gefolgt von Ägypten (8 Nennungen, 13 %) und der Türkei (4 Nennungen, 7 %). Je einmal wurden die Niederlande, Spanien, Kroatien, Serbien, die Russische Föderation, Usbekistan, Irak und Mexiko genannt.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 39 (53 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe (1 Erkr./100.000 Einw.). Zusätzlich wurden 19 HUS-Erkrankungen (26 %) bei älteren Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 15 HUS-Erkrankungen (21 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Weibliche Personen (42 Erkrankungen; 58 %) waren stärker betroffen als männliche (31 Erkrankungen; 42 %). Wie im Vorjahr traf dies auch auf die Altersgruppe der <5-Jährigen (24 Mädchen, 15 Jungen betroffen) zu (s. Abb. 6.27.2).

Abb. 6.27.2:
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.00 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=73)



Nachgewiesene Erreger
Bei 55 Erkrankungen (74 %; 2018: 68 %) wurde der labordiagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben. Bei 28 dieser Fälle (51 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Wie im Vorjahr wurden die Serogruppen O157 (12-mal) und O26 (5-mal) am häufigsten angegeben. Je 3-mal wurden die Serogruppen O145 und Ont (nicht typisierbar), je einmal O45, O111, O113, O128 und O168 angegeben.

Klinische Aspekte
Es wurden 2 HUS-bedingte Todesfälle übermittelt. Es handelte sich um eine 84-jährige Frau und einen 65-jährigen Mann. Die Serogruppe des Erregers wurde bei den übermittelten Todesfällen nicht angegeben.

Ausbrüche
Im Jahr 2019 wurden 6 Ausbrüche mit insgesamt 16 Erkrankungen (10 HUS-Erkrankungen und 6 EHEC-Enteritiden) übermittelt. Die Ausbrüche umfassten jeweils 2 oder 3 Fälle, davon ein bis 3 HUS-Fälle. Drei Ausbrüche ereigneten sich in privaten Haushalten, 2 waren reiseassoziiert, einmal wurde keine Angabe zum Infektionsumfeld gemacht. Bei einem Ausbruch mit 3 Erkrankungen (2 Erwachsene, ein Kleinkind) wurde ein Lebensmittel (Rohmilch) als Infektionsquelle verdächtigt. Bei einem Ausbruch mit 2 an HUS erkrankten Kleinkindern in einem Privathaushalt bestand möglicherweise ein Zusammenhang mit Kontakt zu Tieren (Schaf/Ziege). Ein Ausbruch betraf 3 Kleinkinder aus 2 Familien, die nach einem Aufenthalt im selben Hotel in Ägypten ein hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS) entwickelten. Ein weiterer Ausbruch betraf eine erwachsene Person und 2 Kinder in einer Familie, die ebenfalls nach einem Hotelaufenthalt in Ägypten erkrankten.

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 lag im Jahr 2019 im Bereich des Medians der 5 Vorjahre. Wie im Jahr 2018 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

Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiederzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion*. Epid Bull 2019; 47: 506–509.

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

S2k-Leitlinie Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter. 2016. www.awmf.org/uploads/tx_szleitlinien/166-002l_S2k_Haemolytisch-Uraemisches-Syndrom_2016-11_1.pdf

6.28 Influenza

Saisonale Influenza

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **193.879**
- Dominantes Virus: Influenza A(H1N1) und Influenza A(H3N2) zu gleichen Teilen
- Moderater Verlauf der Grippewelle
- Höchste Inzidenz bei Kindern bis 4 Jahren
- Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)
- 5.685 Ausbrüche mit 17.588 Fällen

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

Im Jahr 2019 wurden von den Gesundheitsämtern 193.879 Influenza-Fälle übermittelt, welche alle der Referenzdefinition entsprachen (s. Tab. 6.28.1). Für Auswertungen bzw. Vergleiche ist zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Fall- und Referenzdefinition für Influenza gilt. Zum einen wurde die Referenzdefinition auf die Falldefinitionskategorien D und E (und damit auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle) erweitert, zum anderen wurden die klinischen Kriterien akuter Krankheits-

Tab. 6.28.1:
Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition*, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10.958	3 %	6.979	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	263.344	76 %	136.983	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9.392	3 %	6.892	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	64.816	19 %	43.025	22 %
alle	348.510	100 %	193.879	100 %
Referenzdefinition (B+C, B+C+D+E)	**274.302**	**79 %**	**193.879**	**100 %**

* Referenzdefinition 2018 (B+C); 2019 (B+C+D+E)

beginn, Fieber, Muskel-, Glieder-, Rücken- oder Kopfschmerzen und Husten zu einem Kriterium »grippetypische Symptome« zusammengefasst. Die nachfolgende Auswertung für das Jahr 2019 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

Zeitlicher Verlauf

Die Influenza-Fälle der Grippewelle der Saison 2018/19 fielen vollständig in das Jahr 2019. Die Welle begann gemäß der Definition der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI in der 2. MW 2019 und endete mit der 14. MW 2019. Bundesweit erreichten die übermittelten Fälle 2019 in der 8. MW ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.28.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Fälle 2019 betrug 233 Infektionen pro 100.000 Einwohner, eine im Vergleich zum Vorjahr (330) niedrigere Inzidenz. Von der 40. MW 2019 an wurden 4.567 Influenza-Fälle an das RKI übermittelt, die zur Grippewelle 2019/20 gerechnet werden.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Infektionen 2019 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (insgesamt 678 Fälle/100.000 Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel sowohl bei Jungen (853 Fälle/100.000 Kinder) als auch bei Mädchen im Alter von 3 Jahren (780 Fälle/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-Infektionen 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 infizierten Kindern sein. Ab der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen kehrte sich dieser Trend um.

Insgesamt war die Inzidenz der Influenza-Infektionen im Jahr 2019 bei Frauen (235) höher als bei Männern (227). Im Vergleich zum Vorjahr haben sich in diesem Jahr Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren häufiger infiziert (Inzidenz 678 / 100.000 Einw.), wohingegen die Inzidenzen der 40- bis 49-Jährigen (211) und der 50- bis 59-Jährigen (206) gesunken sind.

Entsprechend liegt der Altersmedian aller Influenza-Fälle der Saison 2018/19 mit 40 Jahren niedriger als im Vorjahr (45 Jahre).

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 Überprü-

Abb. 6.28.1:
Übermittelte Influenza-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2014 bis 2019

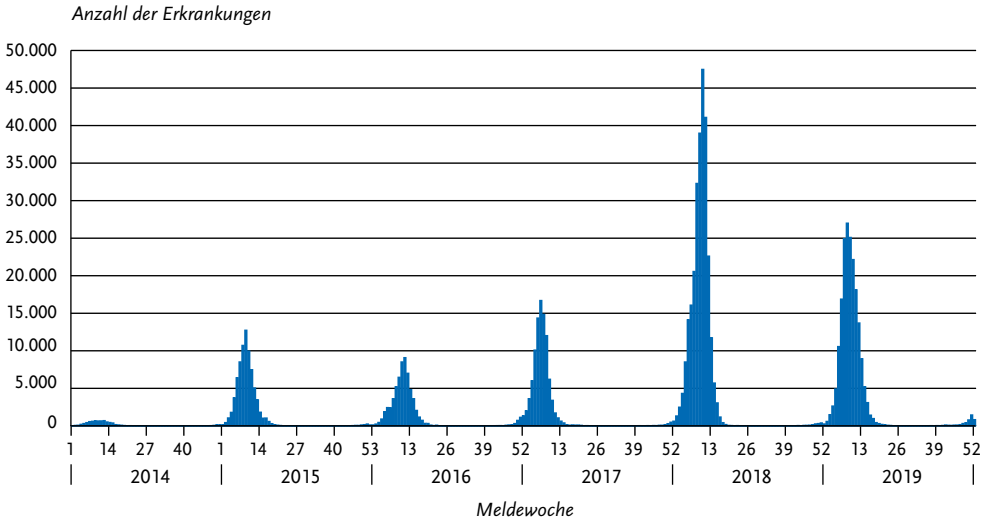
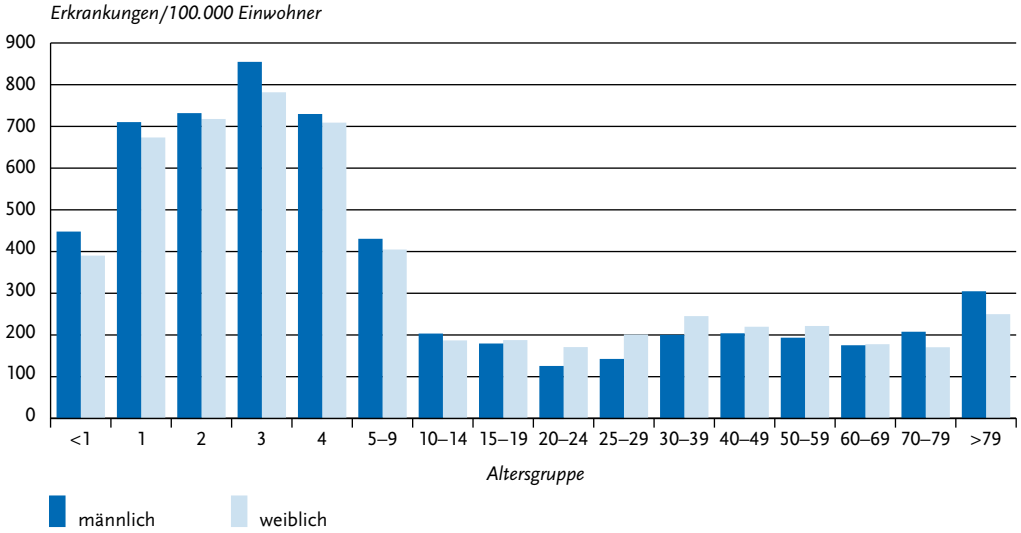


Abb. 6.28.2:
Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=191.830)



fung 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 Yama-

gata- und eine Komponente für die Victoria-Linie enthalten sind. In der Saison 2018/19 wurde mehrheitlich der quadrivalente Impfstoff verimpft.

Unter den 183.975 als Influenza A oder Influenza B charakterisierten, übermittelten Influenza-Fällen aus der 1. bis 22. MW 2019 waren Infektionen mit Influenza A von Beginn an dominant und damit deutlich häufiger (n=181.625; 98,7 %) als Infektionen mit Influenza B (n=1.069; 0,6 %). Insgesamt 0,7 % (n=1.281) der Erreger wurden nicht nach Influenza A oder B differenziert. Es ist anzunehmen, dass aufgrund der vorausgegangenen Welle der Saison 2017/18, die vor allem durch Influenza B geprägt wurde, eine höhere Immunität in der Bevölkerung gegen diesen Subtyp in der aktuellen Welle 2018/19 vorhanden war und demzufolge weniger Personen an diesem Erreger erkrankten. Unter den 18.715 übermittelten Influenza-A-Infektionen mit bekanntem Subtyp dominierte in der Grippewelle 2018/19 der Subtyp A(H1N1)pdm09 mit 83 % deutlich vor A(H3N2) mit 16 %. Aufgrund der besseren Verfügbarkeit von Multiplex-PCR-Tests für Influenza A(H1N1) pdm09 als für Influenza A(H3N2) als Folge der Influenzapandemie 2009 entspricht die Verteilung der Subtypen in den Meldedaten nicht unbedingt dem Bild der in der Bevölkerung zirkulierenden Influenza-Subtypen. Im Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) wurden ausschließlich Influenza-A-Viren identifiziert, dabei wurden Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren (n=554; 51 %) und Influenza-A(H3N2)-Viren (n=541; 49 %) mit gleichem Anteil nachgewiesen.

Der Altersmedian der Patienten mit Influenza A (unabhängig von der Subtypisierung) lag bei 40 Jahren, der Altersmedian bei Patienten mit Influenza A(H3N2) bei 26 Jahren und bei Influenza A(H1N1)pdm09-Fällen bei 30 Jahren. Unter den Influenza-B-Fällen war der Altersmedian 38 Jahre.

Klinische Aspekte

Im Jahr 2019 wurde mit 28 % ein leicht höherer Anteil an hospitalisierten Patienten im Vergleich zum Vorjahr (22 %) übermittelt. Dieses Bild zeigte sich über alle Altersgruppen hinweg. Der Anteil der Hospitalisierungen war wie im Vorjahr insbesondere bei Kleinkindern und älteren Menschen höher als bei Jugendlichen und Erwachsenen jüngeren und mittleren Alters. So wurde bei 26 % der erkrankten Kinder unter 5 Jahren eine Hospitalisierung angegeben, dagegen nur bei 15 % der 5- bis 14-Jährigen. In der Altersgruppe der 60- bis 69-Jährigen wurde bei 40 % und in der Altersgruppe älter als 69 Jahre ein Hospitalisierungsanteil von 69 % übermittelt. Im Jahr 2019 ist der Anteil der Hospitalisierungen bei Erkrankten ab 60 Jahren am stärksten gestiegen im Vergleich zum Vorjahr (60 bis 69 Jahre: 29 %; > 69 Jahre: 62 %).

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 klinisch-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 2019 wurden insgesamt 995 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, wovon bei 607 Fällen angegeben wurde, dass die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe. Von den insgesamt 995 Todesfällen entfielen 971 (98 %) Todesfälle mit einem Meldedatum zwischen der 1. bis 22. MW auf die Saison 2018/19. Im Jahr 2019 lag der Altersmedian der Verstorbenen bei 78 Jahren und damit leicht niedriger als im Vorjahr (80 Jahre). Fast drei Viertel (72 %) der Verstorbenen waren älter als 69 Jahre und 3,2 % jünger als 40 Jahre.

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöhtes 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 Ge-

fährdung, 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 Impfstoff (Vierfach-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. 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 1. 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 2018/19 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/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2)-ähnliches Virus
- Influenza-B-Komponente: ein B/Colorado/06/2017-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 insgesamt 193.879 für das Jahr 2019 übermittelten Influenza-Fällen waren 116.547 labordiagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. MW 2019. Bei 86.095 Fällen (74 %) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 78.858 (92 %) als nicht geimpft und 7.237 (8 %) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.28.3).

Zur Bewertung des Impfschutzes werden im Folgenden Personen ab dem Alter von 9 Jahren berücksichtigt, die eine saisonale Impfung in der Saison 2018/19 mit einem Impfdatum zwischen dem 01.07.2018 und 30.06.2019 erhalten haben. Für 5.589 dieser Fälle lagen ausreichende Angaben zur Bewertung des Impfschutzes vor. Dies beinhaltet Angaben zum Datum der Impfung und des Erkrankungsbeginns. Davon sind insgesamt 5.527 Personen mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden.

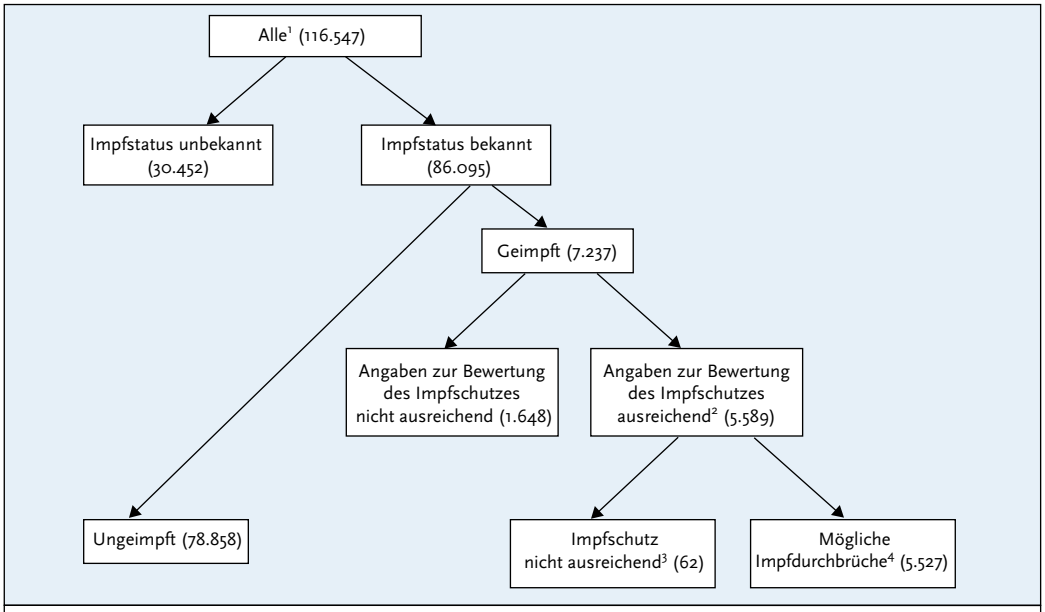
Für Kinder unter 9 Jahren, die zum 1. Mal eine Influenza-Impfung erhalten, ist in den Fachinformationen der Impfstoffe eine 2-malige Grippeimpfung für die bevorstehende Saison empfohlen. Da seit Januar 2016 die Anzahl der Impfungen nicht mehr erfasst wird, kann nicht festgestellt werden, wie viele der Kinder unter 9 Jahren 2-mal geimpft wurden. Daher ist für 249 Influenza-Fälle in dieser Altersgruppe (Kinder unter 9 Jahren) keine Aussage zur Vollständigkeit der Impfung möglich. Bei Erwachsenen ist nach den Fachinformationen der Impfstoffhersteller eine einmalige Grippeimpfung pro Saison auch bei erstmaliger Impfung gegen Influenza ausreichend. Die 5.527 zwischen der 1. und der 22. MW übermittelten Influenza-Fälle mit einem Alter von mindestens 9 Jahren sind somit als mögliche Impfdurchbrüche zu werten. Davon sind 3.228 Fälle (58 %) 60 Jahre und älter.

Auch wenn die Influenza-Impfung bei älteren Menschen im Vergleich zu jungen Erwachsenen weniger wirksam ist, rät die STIKO aufgrund des höheren Risikos für einen schweren Krankheitsverlauf allen Menschen ab 60 Jahren zu einer jährlichen Influenza-Impfung. 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 2018/19 gegen eine laborbestätigte Influenza basiert auf den Daten der virologischen Surveillance der AGI. Insgesamt wurde eine niedrige Wirksamkeit des Impfstoffes mit 21 % (95 %-Vertrauensbereich: -13 bis 45 %) geschätzt. Mit Blick auf die Subtypen zeigte sich jedoch eine hohe Wirksamkeit gegen eine Influenza A(H1N1)pdm09-Infektion, während gegen eine Influenza A(H3N2)-Infektion keine Wirksamkeit nachgewiesen werden konnte.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 5.685 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 17.588 Fällen im Alter zwischen

Abb. 6.28.3:
Labordiagnostisch bestätigte Influenza-Fälle nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=116.547)



1 Alle labordiagnostisch bestätigten Fälle mit angegebenem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW.
2 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Datum des Erkrankungsbeginns, Datum der letzten Impfung und Alter. Die Angaben zum Impfstatus 2019 beziehen sich auf die saisonale Impfung in der Saison 2018/19 mit einem Impfdatum zwischen 01.07.2018 und 30.06.2019. Zur Bewertung des Impfschutzes werden nur Personen ≥ 9 Jahren herangezogen. Gemäß Fachinformationen der Impfstoffe ist für Kinder unter 9 Jahren, die zum 1. Mal eine Influenza-Impfung erhalten, eine 2-malige Grippeimpfung für die bevorstehende Saison empfohlen. Da keine Erfassung der Anzahl der saisonalen Grippeimpfungen oder vorausgegangener Grippeimpfungen erfolgt, ist in dieser Altersgruppe (Kinder < 9 Jahren) keine Angabe zur Vollständigkeit der Impfung möglich.
3 Ein ausreichender Impfschutz wird bei Personen ≥ 9 Jahren angenommen, wenn nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.
4 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Influenza-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

0 und 105 Jahren übermittelt. Durchschnittlich waren pro Ausbruch 4 Fälle beteiligt. Die Hälfte der Ausbruchsfälle (8.730) gehörte zu 656 größeren Ausbrüchen mit jeweils 5 oder mehr Fällen. Der Altersmedian der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle mit bekanntem Alter (n=16.977) lag bei 34 Jahren und damit deutlich unter dem Altersmedian aller Fälle (40 Jahre, s. o.). Fast die Hälfte (42 %) 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 vorbestehende Immunität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert. Hier wurden im Vergleich zum Vorjahr etwas mehr Fälle übermittelt. Insgesamt waren 18 % der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt (3.105 Fälle; Vorjahr: 3.388 Fälle, 15 %). Von ihnen wurden zwei Drittel hospitalisiert (66 %) und rund 3 % verstarben (87 Fälle).

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza-Infektionen an den labordiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die

meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza im Meldesystem vor. 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 übermittelten 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.

Beim Vergleich der Meldedaten mit den Vorjahren ist zudem zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Referenzdefinition für Influenza gilt. Die Referenzdefinition wurde auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle unabhängig vom klinischen Bild erweitert, sodass sich Unterschiede in den Fallzahlen zum Teil dadurch erklären lassen.

Insbesondere seit der Pandemie 2009, aber auch in den folgenden Jahren haben Krankenhäuser die labordiagnostische Absicherung einer Influenza-Infektion verstärkt in die Routineuntersuchungen integriert (auch im Rahmen sogenannter Multiplex-Nachweismethoden), sodass mehr hospitalisierte, an Influenza erkrankte Fälle zur Meldung gelangten und übermittelt wurden. 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 Sentinelsurveillance 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. Die Grippewelle 2018/2019 ist im Gegensatz zu der vorangegangenen außergewöhnlich schweren Grippewelle 2017/18 nach Auswertungen der AGI eher moderat verlaufen.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2018/19 spiegeln einen moderaten Verlauf der Grippewelle nach der ungewöhnlich starken Grippesaison im Vorjahr wider. Der Erkrankungsgipfel lag hier erneut bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren. Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil der Kinder unter allen übermittelten Influenza-Fällen zudem leicht gestiegen, die Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen war weniger stark betroffen. In der Saison 2018/19 wurden fast ausschließlich Influenza-A-Viren nachgewiesen. Die Subtypen Influenza A(H1N1)pdm09 und Influenza A(H3N2) zirkulierten zu gleichen Teilen. Der Altersmedian für Infektionen mit Influenza A(H1N1)pdm09 lag bei 30 Jahren und für Influenza A(H3N2) bei 26 Jahren. Im Vergleich zur Vorjahressaison wurde ein etwas höherer Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenza-Erkrankungen verzeichnet (28 %). Insbesondere wurden Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren und Erwachsene ab 60 Jahren hospitalisiert.

Insgesamt wurden 995 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, darunter waren wie in den Vorjahren die meisten Fälle älter als 69 Jahre.

Insgesamt wurde eine niedrige Wirksamkeit des Impfstoffes berechnet, wobei die Wirksamkeit gegen eine Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung hoch war, während gegen eine Influenza A(H3N2)-Erkrankung keine Wirksamkeit gezeigt werden konnte. Impfdurchbrüche wurden mehrheitlich in der Altersgruppe der ab 60-Jährigen verzeichnet.

Literaturhinweise

Kissling E, Pozo F, Buda S, et al.: *Low 2018/19 vaccine effectiveness against influenza A(H3N2) among 15–64-year-olds in Europe: exploration by birth cohort*. Euro Surveill 2019. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900604

Scholz S, Damm O, Schneider U, Ultsch B, Wichmann O, Greiner W: *Epidemiology and cost of seasonal influenza in Germany – a claims data analysis*. BMC Public Health 19 (1): 1090. BMC Public Health 2019. https://doi.org/10.1186/s12889-019-7458-x

RKI: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2018/19*. https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx 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 2018/19:* S. 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*: S. 100–101. https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx
STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2018/19*. Epid Bull 2018; 34: 348.
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

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 und sehr selten durch Virusübertragungen von Katzen auf den Menschen bekannt geworden. Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekannten 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 den aviären Influenzaviren A(H10N8) und A(H7N4) identifiziert worden. Zoonotische Übertragungen von porzinen Influenzaviren auf den Menschen sind in verschiedenen Ländern identifiziert worden.

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.

Im Jahr 2019 wurde nur ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H5N1) an die WHO berichtet, dieser ist in Nepal aufgetreten. Der Fall verlief tödlich. Die WHO bestätigte, dass seit 2003 bei 861 Personen aus 17 Ländern aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen wurde und davon 53 % (455 Fälle) verstarben (Datenstand: 28.02.2020). Die Zahl der humanen Influenza-A(H5N1)-Infektionen ist nach einer Häufung in Ägypten im Jahr 2015 stark zurückgegangen.

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 China 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 Erkrankungswelle in der Saison 2016/17 berichtete die

WHO von 766 menschlichen Infektionen 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 5. Erkrankungswelle 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. Um die Ausbreitung von Infektionen zu begrenzen, hat die chinesische Regierung Ende 2017 landesweit ein Impfprogramm für Geflügel begonnen. Dieses Impfprogramm scheint nicht nur die Verbreitung des Erregers im Geflügel vermindert zu haben, sondern ging auch mit dem drastischen Rückgang der Zahl humaner Fälle einher. Das Risiko einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen wird weiterhin als gering bewertet.

Im Jahr 2019 wurde ein humaner Fall mit Influenza A(H7N9) in China gemeldet. Seit 2013 wurden der WHO insgesamt 1.568 humane Fälle gemeldet, darunter 616 (39 %) Todesfälle (Datenstand: 04.12.2019).

Aviäre Influenza A(H5N6)

Im Jahr 2019 wurde ein humaner Fall mit (für Geflügel hoch pathogener) aviärer Influenza A(H5N6) in China gemeldet. Seit 2014 wurden insgesamt 24 humane Fälle identifiziert, darunter 7 (29 %) Todesfälle (Datenstand: 10.04.2020). Alle bisherigen Fälle traten in China auf.

Aviäre Influenza A(H9N2)

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 allermeisten Fällen bei Kindern in Asien, geführt. Die meisten Erkrankungsverläufe waren mild und selbst-limitierend.

Im Jahr 2019 wurden von China 6 humane Fälle, von Oman und Indien jeweils ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H9N2) gemeldet. Seit Dezember 2015 wurden in China insgesamt 30 humane Fälle an die WHO berichtet (Datenstand: 10.04.2020).

Porzine Influenza

Die in Schweinen nachgewiesenen Influenza-A-Viren (porzine Viren) gehören zu den gleichen Subtypen, die auch bei Menschen zirkulieren. Um deutlich zu machen, dass ein Mensch mit einem porzinen 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 porziner 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.

Im Jahr 2019 wurde ein Influenza-A(H3N2)v-Fall in Australien und ein Influenza-A(H1N1)v-Fall in den USA gemeldet (Datenstand: 28.02.2020).

Situation in Deutschland

Dem Gesundheitsamt wird gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 Buchst. s IfSG der Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie der Tod in Bezug auf zoonotische Influenza sowie gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 25 IfSG der direkte Nachweis von Influenzaviren namentlich gemeldet. Beim Eingang einer Verdachtsmeldung von zoonotischer Influenza am Gesundheitsamt sollte unverzüglich eine Übermittlung gemäß § 12 IfSG erfolgen. Das RKI hat für humane (Verdachts-)Fälle von Influenza A(H5N1) und Influenza-A(H7N9) 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 eine zoonotische Influenza nach Analyse der Patientenproben ausschließen.

In Deutschland wurden wie in den Vorjahren keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt. Zwischen 2007 und 2011 wurden in Deutschland insgesamt 5 Fälle mit porziner Influenza vom Nationalen Referenzzentrum für Influenza bestätigt. Die huma-

nen Fälle mit porziner Influenzavirus-Infektion sind im Epidemiologischen Bulletin 39/2011 näher beschrieben.

Es gab im Jahr 2019 keine hochpathogenen aviären Influenza-(HPAI)-Fälle bei Wildvögeln oder Ausbrüche in Geflügelhaltungen in Deutschland. Ein überregionales Ausbruchsgeschehen von HPAI des Subtyps A(H5N8) setzte in Geflügelbetrieben in Mittel- und Osteuropa um den Jahreswechsel 2019/20 ein und verursachte bis zum 31.03.2020 in Deutschland insgesamt 4 Ausbrüche bei Geflügel, einen bei gehaltenen Vögeln in einem Tierpark und 2 Fälle bei Wildvögeln.

Literaturhinweise

WHO (2020): *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface*. www.who.int/influenza/human_animal_interface/HAI_Risk_Assessment/en

WHO (2020): *Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO*. https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en

ECDC (2019): *Surveillance report: Avian influenza overview August–November 2019*. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/avian-influenza-overview-2019.pdf

Friedrich-Loeffler-Institut: *Ungekürzte Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland, Stand 01.04.2020*. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00028426/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5N8_2020-04-01K.pdf

RKI: *Zoonotische Influenza*. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html

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

6.29 Keuchhusten

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **10.302**
- Abnahme der Erkrankungszahlen um 20% gegenüber dem Vorjahr
- Höchste Inzidenz bei Kindern und Jugendlichen mit einem Maximum bei Säuglingen
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- 77 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- 499 Ausbrüche mit 1.638 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.

Falldefinition

Von 17.179 im Jahr 2019 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 6.877 (40 %) nicht die Referenzdefinition, da Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren. Dieser Anteil ist im Vergleich zum Vorjahr (36 %) etwas angestiegen und ist mit 45 % (5.968 von 13.223 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 23 % (908 von 3.954 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die

10.302 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 20 % ab (2019: 10.302; 2018: 12.917). Die Keuchhusten-Erkrankungen traten ohne größere saisonale Schwankungen im gesamten Jahresverlauf auf und lagen insbesondere im I. und IV. Quartal deutlich unter den Werten der Vorjahre (s. Abb. 6.29.1).

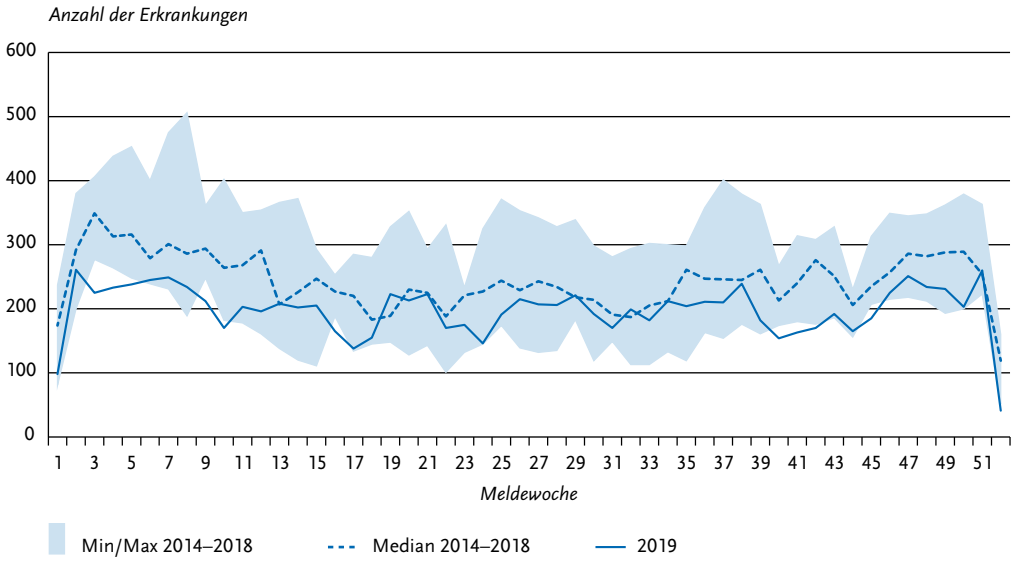
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 12 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 16 Erkr./100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in den 5 östlichen Bundesländern sowie in Bayern und Hamburg über diesem Wert und in den übrigen Bundesländern darunter (s. Abb. 6.29.2). Im Vergleich zum Median der jährlichen Inzidenz der Vorjahre stieg die Inzidenz 2019 nur in Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Sachsen-Anhalt an, in allen anderen Bundesländern nahm sie ab.

Tab. 6.29.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	363	2 %	332	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	12.554	62 %	9.970	58 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5.263	26 %	5.095	30 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.046	10 %	1.782	10 %
alle	20.226	100 %	17.179	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**12.917**	**64 %**	**10.302**	**60 %**

Abb. 6.29.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 (n=10.302) im Vergleich mit den Vorjahren



Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 5.671 Erkrankungen (55 %) vor (5.698 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (97 % der Nennungen).

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten mit 39 bzw. 40 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen bzw. 4-jährigen Kindern auf. Bei 5- bis 9-jährigen Kindern lag die Inzidenz mit 24 Erkr./100.000 Einw. deutlich unter der von jüngeren Kindern, bei den 10- bis 14-Jährigen stieg sie wieder auf 32 Erkr./100.000 Einw. an. Jugendliche zwischen 15 und 19 Jahren wiesen eine Inzidenz auf Niveau der jüngeren Schulkinder (22 Erkr./100.000 Einw.) auf. In den Altersklassen ab 20 Jahren lag die Inzidenz zwischen 5 und 11 Erkr./100.000 Einw., die höchsten Inzidenzwerte in dieser Altersgruppe wurden bei Frauen im Alter von 30 bis 49 Jahren verzeichnet.

Insgesamt lag die Inzidenz bei Mädchen und Frauen mit 13 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Jungen und Männern (11 Erkr./100.000 Einw.). Nur bei Säuglingen, 4-Jährigen und Jugendlichen im Alter von 15 bis 19 Jahren waren männliche Personen geringfügig stärker betroffen (s. Abb. 6.29.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 9.422 (91 %) der 10.302 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 92 %). Davon waren 91 % *B. pertussis* (Vorjahr: 96 %) und 9 % *B. parapertussis* (Vorjahr: 4 %). Damit hat sich der Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr mehr als verdoppelt.

Klinische Aspekte

Für 9.238 Erkrankte (90 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 494 (5 %) im Zusammenhang mit ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei er-

Abb. 6.29.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=10.301)

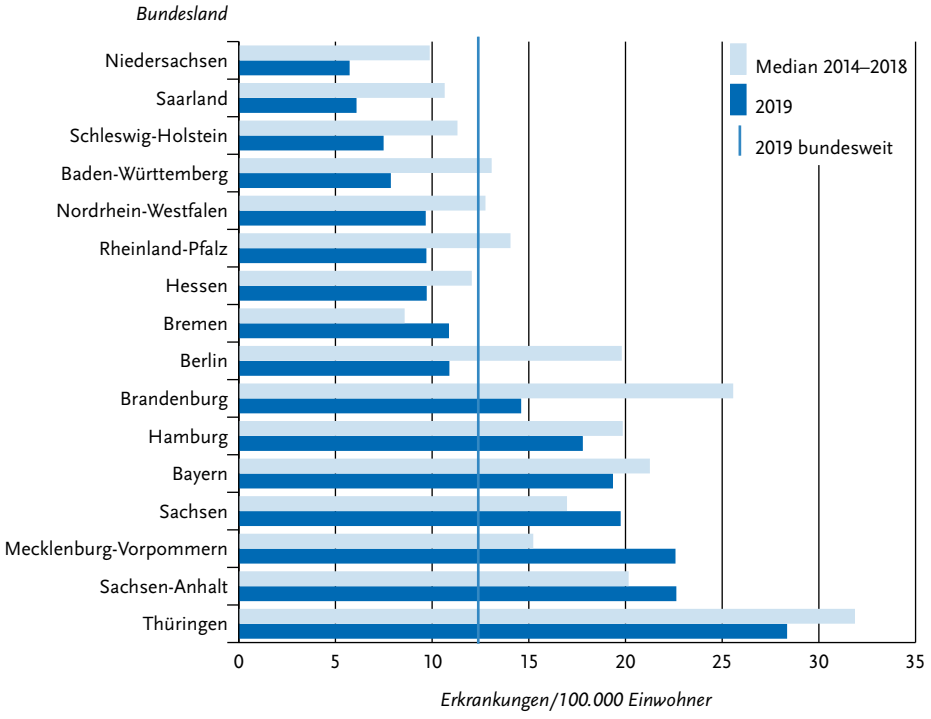
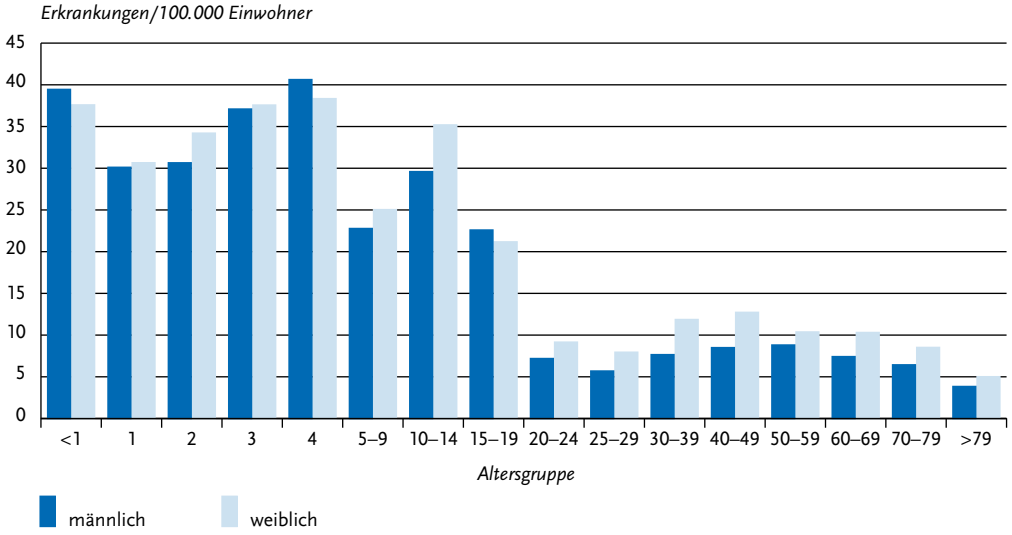


Abb. 6.29.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=10.265)



krankten Säuglingen mit 44 % (125 von 281) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er bei 7 %, bei 2- bis 69-Jährigen zwischen 1 und 5 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 10 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 21 %. Apnoen wurden bei 38 (13 %) der 301 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Keuchhusten übermittelt.

Impfstatus

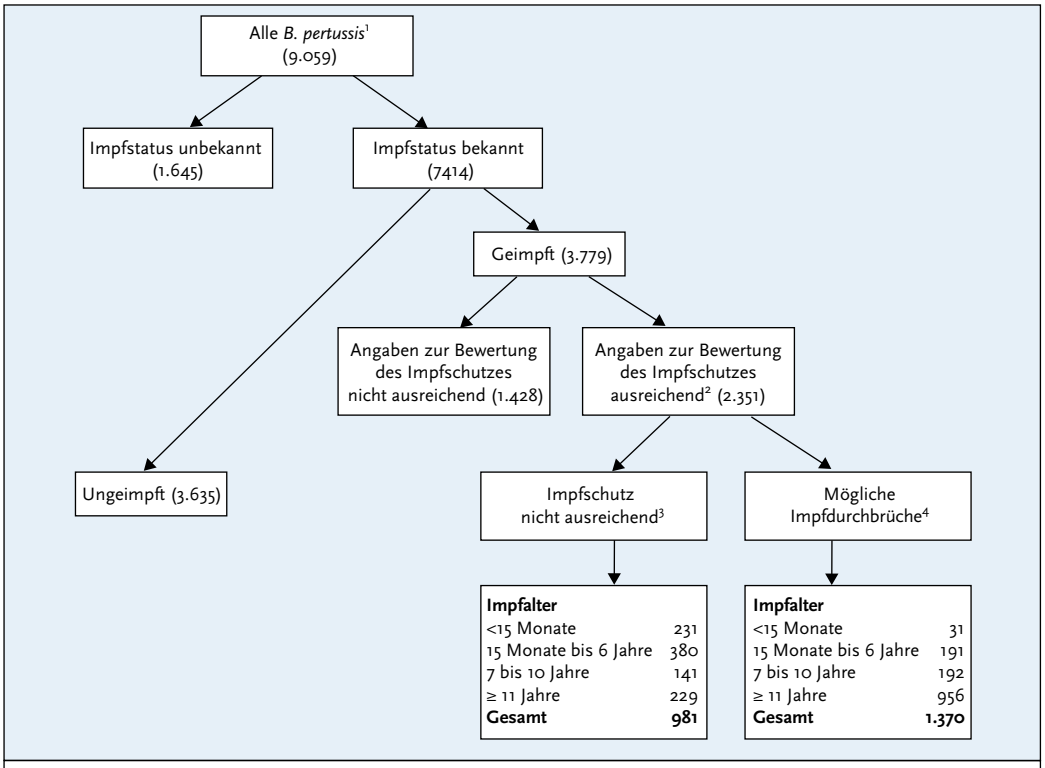
Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 4 Impfdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten. Zudem empfiehlt sie Auffrischimpfungen im Vorschul- und Jugendalter sowie einmalig für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap). Die Bewertung, ob anhand der vorliegenden Angaben zum Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf diesen Empfehlungen sowie auf den Fachinformationen der verfügbaren Impfstoffe, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tab. 6.29.2 zeigt die Mindestanzahl erforderlicher Impfdosen, bei denen von einem Immunschutz für verschiedene Altersklassen zum Zeitpunkt der Impfung auszugehen ist, wobei der Impfschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gewertet wurde. Aktuelle Daten deuten darauf hin, dass der Schutz nach der letzten Impfung bei einem Teil der Geimpften bereits vor der nächsten empfohlenen Auffrischimpfung nachlässt. Für diese Auswertung wird ein als ausreichend anzunehmender Impfschutz nach den Kriterien in Tabelle 6.29.2 definiert.

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 (insg 9.059 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 (1.243 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungsfällen lag für 7.414 (82 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren

Tab. 6.29.2:
Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung nach Lebensalter

Alter	< 15 Monate	15 Monate–6 Jahre	7–10 Jahre	≥ 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfdosen	3	≥ 4	≥ 5	≥ 1
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	1 Jahr	5 Jahre	10 Jahre	10 Jahre

Abb. 6.29.4:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=9.059, s. Text)



1 Erkrankungen, für die eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag, oder falls Erregerangabe nicht vorhanden, ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern.
2 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zum Impfalter (s. Text), zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
3 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation bzw. nach STIKO-Empfehlungen erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.
4 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Keuchhusten-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

3.635 (49 %) nicht geimpft und 3.779 (51 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfdosen, das Datum des Erkrankungsbeginns oder das Datum der letzten Impfung bzw. das Alter bei der letzten Impfung bei 1.428 (38 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur von 2.351

(62 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 5.986 Erkrankten bewertbar (3.635 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 2.351 Erkrankte mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von den bewertbaren als geimpft übermittelten Erkrankten hatten 1.370 einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz; bei diesen Personen ist ein möglicher Impfdurchbruch anzunehmen (Abb. 6.29.4).

Ausbrüche

Insgesamt traten 1.638 der 10.302 (16 %; Vorjahr: 15 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 499 Ausbrüchen auf. Von diesen Ausbrüchen umfassten 427 weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.050 Erkrankungen) und 72 mindestens 5 Erkrankungen (insgesamt 588 Erkrankungen). Bei den 72 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag für 57 (79 %) eine Angabe zum Umfeld vor: Diese traten in Kindertagesstätten/Horten (18; 32 %), Privathaushalten (17; 30 %), Schulen (16; 28 %) und Betreuungseinrichtungen ohne nähere Angabe (6, 11 %) auf. Bei den 427 Ausbrüchen mit weniger als 5 Erkrankungen wurden unter den 370 mit Angaben zum Infektionsumfeld (87 %) vor allem Privathaushalte (297; 80 %), Schulen (27; 7 %) und Kindergärten oder Horteinrichtungen (27; 7 %) 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), liegt mit 40 % noch höher als im Vorjahr (36 %). In den 5 östlichen Bundesländern und Berlin lag er jedoch mit 23 % deutlich niedriger als in den westlichen mit 45 %. 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 Ärztinnen und 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 viel länger bestanden. 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 Symptomangabe möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen und nicht um akute Erkrankungen handeln.

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 9 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; hier besteht noch Verbesserungsbedarf.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei einem hohen Anteil (18 %) der übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 38 % der als geimpft übermittelten Erkrankungen die Angaben nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen Angaben zum Datum der letzten Impfung und zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Ferner wurde bei 131 (6 %) der 2.351 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 12 Erkr./100.000 Einw. zum 2. Jahr in Folge zurückgegangen. Dies entspricht dem bekannten zyklischen Auftreten dieser Erkrankung mit Höhepunkten alle ca. 5 Jahre. Besonders stark betroffen sind weiterhin Säuglinge (39 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 40 % 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 Bundesländern höher als im bundesweiten Durchschnitt. Dies liegt möglicherweise an den vollständigeren Meldungen und Übermittlungen und könnte auf eine Verzerrung der epidemiologischen Situation im Surveillance-System hindeuten.

Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Parapertussis-Erkrankungen mit 9 % einen deutlich höheren Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus als in den Vorjahren.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen (58 %) 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 (77 %) und hätte daher zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

Vygen-Bonnet S, Hellenbrand W, Garbe E, et al.: *Safety and effectiveness of acellular pertussis vaccination during pregnancy: a systematic review*. BMC Infect Dis 2020. doi: 10.1186/s12879-020-4824-3

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.

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.

Hellenbrand W, Riffelmann M, Holzer A, Wirsing von König CH: *Wie kann die Keuchhustendiagnostik in Deutschland verbessert werden? Ergebnisse eines Labor-Surveys*. Mikrobiologe 2017; 27: 19–24.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

STIKO: *Überprüfung der Impfempfehlung für eine einmalige Pertussis(ap)-Impfung im Erwachsenenalter (Stand: 15.3.2019)*. Epid Bull 2019; 15: 125–127.

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 (2020). www.rki-ratgeber.de/ratgeber

6.30 Kryptosporidiose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **1.974**
- Zunahme der Inzidenz um 9 % im Vergleich zum Median der Jahre 2014–2018
- 76 % der Erkankungen in Deutschland erworben
- Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 10 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- 26 Ausbrüche mit 67 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 auch 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

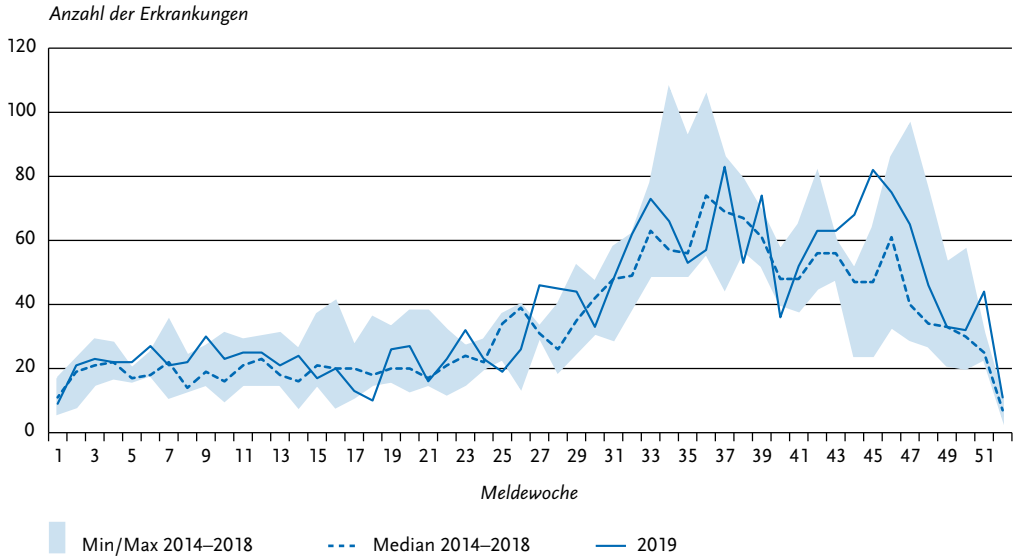
Im Jahr 2019 wurden insgesamt 1.974 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme gegenüber dem Vorjahr um 9 %. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 2,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (2,2) um 9 % erhöht.

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2019 zeigte sich diese Saisonalität in einer erhöhten Zahl von Erkrankungen im Zeitraum von Anfang August bis Mitte November (s. Abb. 6.30.1).

Tab. 6.30.1:
Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	35	2 %	16	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.774	88 %	1.958	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	37	2 %	78	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	159	8 %	215	9 %
alle	2.005	100 %	2.267	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**1.809**	**90 %**	**1.974**	**87 %**

Abb. 6.30.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 (n=1.974) im Vergleich mit den Vorjahren



Geografische Verteilung

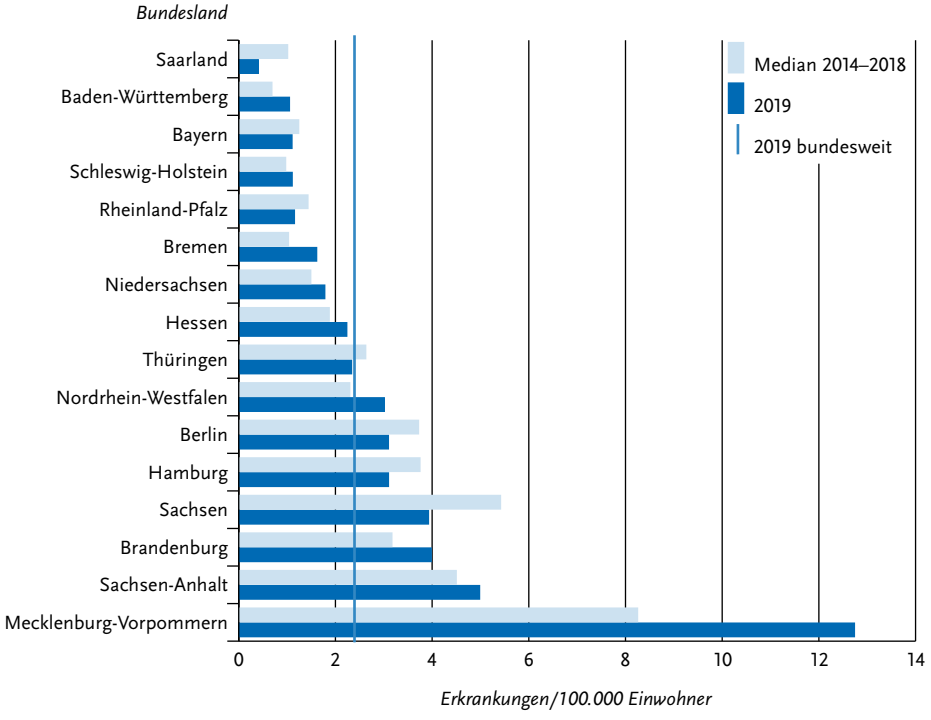
Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während das Saarland (0,4 Erkrankungen/100.000 Einwohner), Baden-Württemberg (1,0), Bayern (1,1), Schleswig-Holstein (1,1) und Rheinland-Pfalz (1,2) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (12,7), und Sachsen-Anhalt (5,0) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In 9 Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2019 über dem Median der 5 Vorjahre. Die stärksten relativen Zunahmen wurden in Bremen (57 %), Mecklenburg-Vorpommern (54 %) und Baden-Württemberg (53 %) verzeichnet. Die relative Abnahme der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahren war im Saarland (60 %), in Sachsen (28 %) und Rheinland-Pfalz (20 %) am größten (s. Abb. 6.30.2). In Nordrhein-Westfalen, Berlin, Hamburg, Sachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern lag die Inzidenz im Jahr 2019 über der bundesweiten Inzidenz (2,4 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.30.2).

Bei 1.304 Erkrankungen (66 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.342 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 74 % der Nennungen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Ägypten (25 Nennungen), Spanien (25), die Türkei (24), Frankreich (22) und Indien (21).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern zwischen ein und 10 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (8,8 bzw. 9,0 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 53 % der Erkrankten waren weiblich (s. Abb. 6.30.3). Bei den Ein- bis 4-Jährigen war die Inzidenz bei Jungen (9,6) um 75 % höher als bei Mädchen (5,5).

Abb. 6.30.2:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=1.974) im Vergleich mit den Vorjahren



Dagegen war die Inzidenz bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen zwischen 15 und 29 Jahren bei Mädchen bzw. Frauen (4,5) um 67 % höher als bei Jungen bzw. Männern (2,7).

Klinische Aspekte

Bei 1.974 (100 %) der übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 94 % der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 75 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2019 wurde kein Todesfall aufgrund einer Kryptosporidiose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 26 Ausbrüche mit insgesamt 67 Erkrankungen übermittelt (2018: 29 Ausbrüche mit 97 Erkrankungen), das entspricht 3 % der übermittelten Kryptosporidiosen. 25 der 26 Ausbrüche wurden mit weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Bei einem größeren Ausbruch waren 9 Kinder im Alter von ein bis 3 Jahren betroffen. Der Ausbruch ereignete sich in einer Kindertagesstätte in Sachsen-Anhalt. Als wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde »fäkal-oral/Schmierinfektion« angegeben.

Datenqualität

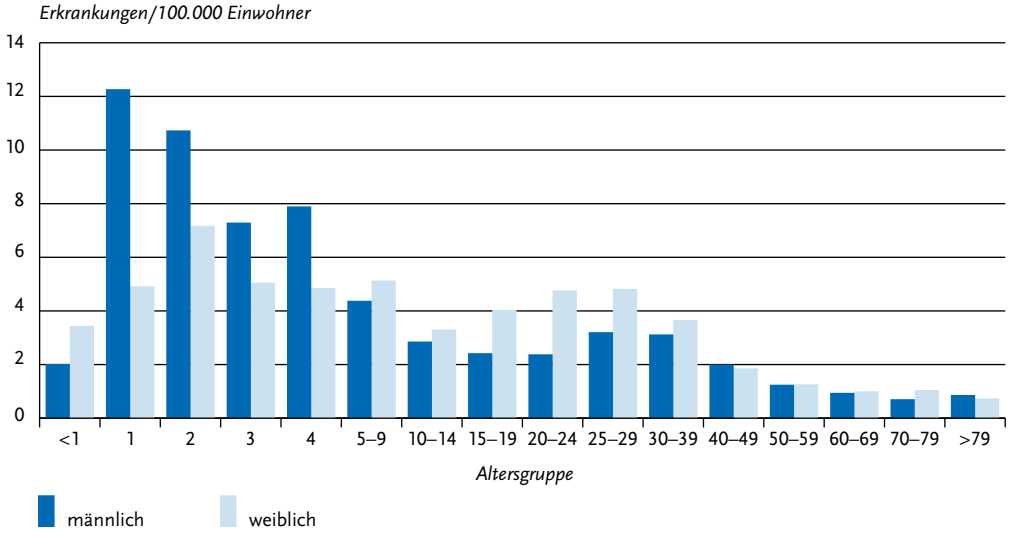
Es ist davon auszugehen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallsymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer Untererfassung der Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe auszugehen ist. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen 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. Von 2014 bis 2018 bewegte sich die Zahl der Erkrankungen mit leichten Schwankungen auf einem ähnlich hohen Niveau. Im Jahr 2019 wurde im Vergleich zum Mittelwert der 5 Vorjahre eine um etwa 10 % erhöhte Zahl von Erkrankungen übermittelt.

Abb. 6.30.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.969)



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.* BMC Infect Dis 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 2019 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 zwischen 2017 und 2019 Asylsuchende aus diesen Ländern nach Deutschland gekommen sind, wurden nur 2015 und 2016 Erkrankungen in Deutschland gemeldet.

Literaturhinweise

Fingerle V, Ackermann N, Beltig 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; 10:e0004522.

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 2019: **1.548**
- 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 zwei typische Krankheitsbilder: Das Pontiac-Fieber, welches durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die Legionärskrankheit, die mit einer Lungenentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Personen 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). Ein weiterer – wenngleich seltener – Infektionsweg ist die (Mikro-)Aspiration von kontaminiertem Wasser, welches versehentlich in die Luftröhre gelangt. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen spielen in der Praxis keine Rolle und sind – 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 die 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 2019 wurden insgesamt 1.548 Legionellosen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.447 Erkrankungen) wurden somit 101 Erkrankungen mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahl um 7 % 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. Aufenthalte in Hotels oder anderen Reiseunterkünften).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 1,7). Die höchste Inzidenz wurde mit 3,0 Erkr./100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.32.2). In Brandenburg war die Inzidenz 2019 mit 0,8 Erkr./100.000 Einw. am geringsten und ist im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre unverändert geblieben. In allen anderen Bundesländern war – mit Ausnahme von Bremen – die Inzidenz 2019 zum Teil deutlich höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre. Der vergleichsweise hohe Median der Vorjahre in Bremen lässt sich auf ein größeres Ausbruchsgeschehen in den Jahren 2015 und 2016 zurückführen.

Bei 1.032 (67 %) der 1.548 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland – wie im Vorjahr – 69 % (780 von 1.128) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland am häufigsten angegebene Land war – ebenso wie im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 84 Nennungen, gefolgt von der Türkei (34) und Spanien (32) (s. Tab. 6.32.2).

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere im höheren Alter – übermittelt, während Kinder und junge Erwachsene bis zu einem Alter von 29 Jahren nur geringfügig betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg bei Männern mit zunehmendem Alter an, bei Frauen war aber ab 70 Jahren wieder ein leichter Rückgang zu beobachten. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 63 Jahren.

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.445	89 %	1.547	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	116	7 %	141	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	60	4 %	94	5 %
alle	1.623	100 %	1.783	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**1.447**	**89 %**	**1.548**	**87 %**

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019 (n=7.005)

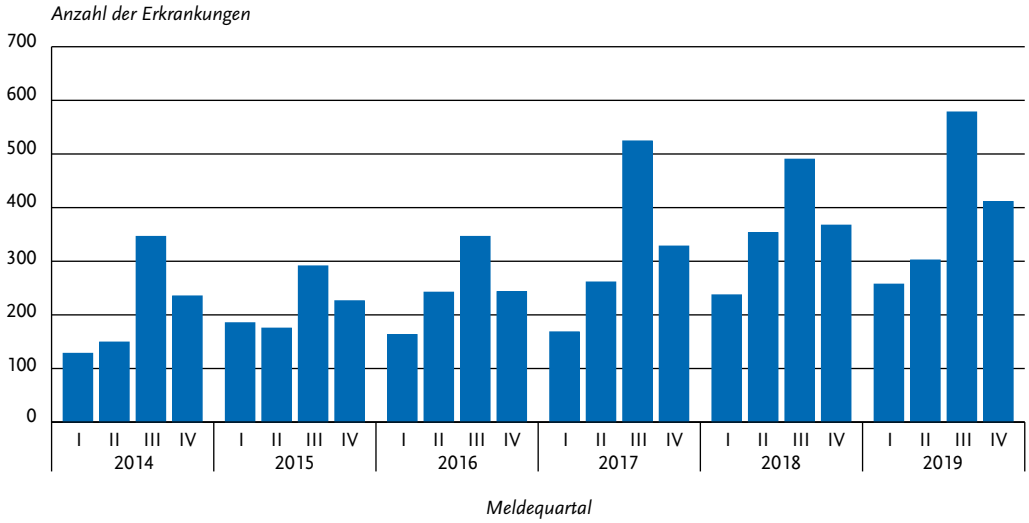
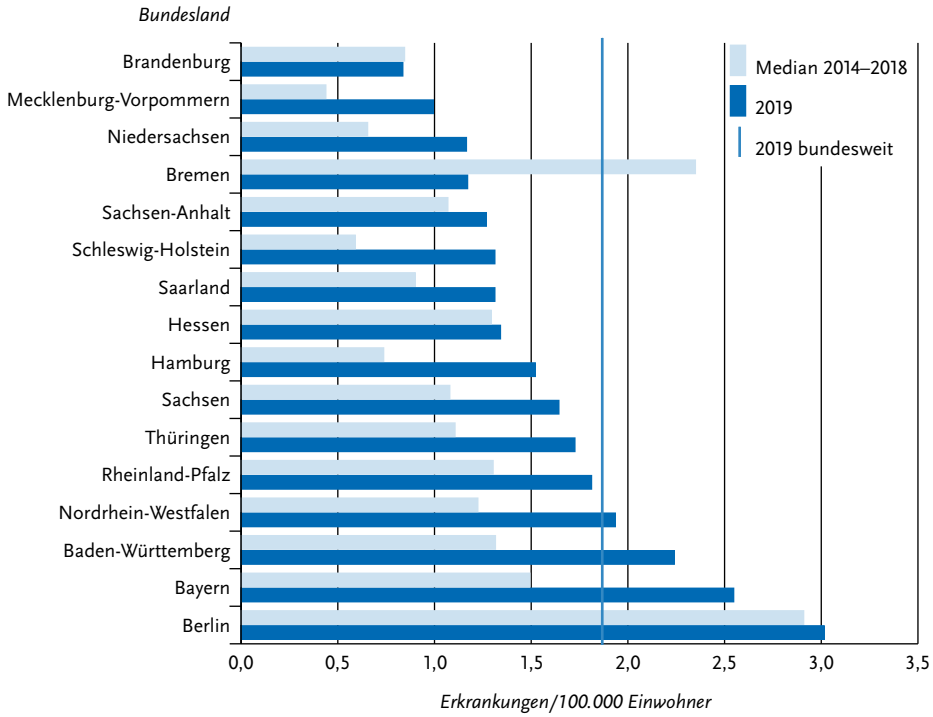


Abb. 6.32.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=1.548) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.32.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 1.032 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

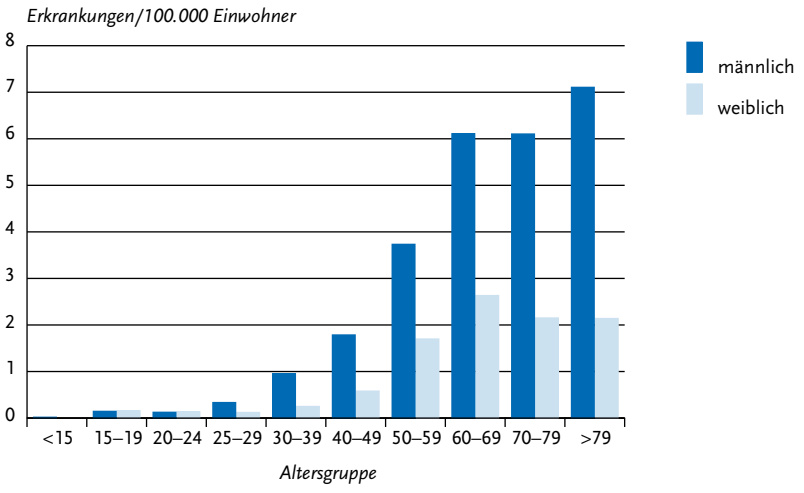
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	780	69 %
Italien	84	7 %
Türkei	34	3 %
Spanien	32	3 %
Österreich	25	2 %
Kroatien	17	2 %
Frankreich	17	2 %
Griechenland	15	1 %
Russische Föderation	11	1 %
Polen	9	1 %
Andere	104	9 %
Summe	**1.128**	**100 %**

Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern 2,4-mal so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 2,6 vs. 1,1). Dieser Unterschied tritt aber erst ab einem Alter von 25 Jahren auf (s. Abb. 6.32.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.513 (98 %) der 1.548 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 512 (34 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 1001 der 1.513 Erkrankungen (66 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 983 Erkrankungen (98 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Drei Erkrankungen (< 1 %) wurden von der Spezies *L. micdadei* verursacht und für 10 weitere Erkrankungen (1 %) wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies bzw. in 5 Fällen (<1 %) die Angabe »andere/sonstige« übermittelt. Von den 983 *L.-pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 419 (43 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 375 Erkrankungen (89 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppe 6 wurde 3-mal und die Serogruppe 2 wurde 2-mal genannt. Die Serogruppen 5, 9 und 14 wurden jeweils einmal genannt. Bei 29 Erkrankungen (7 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (Serumpool inklusive Serogruppe 1). Für 7 weitere Erkrankungen (2 %) wurde die Angabe »andere Serogruppe« übermittelt.

Abb. 6.32.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.546)



Klinische Aspekte

Von 1.536 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 84 Patienten (58 Männer, 26 Frauen) infolge der Legionellen-Pneumonie. Dies entspricht einer Letalität von 5,5 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität leicht gestiegen (2018: Letalität 4,5 %; 65 Todesfälle unter 1.431 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Für 919 der insgesamt 1.548 Erkrankungen (59 %) konnten anhand konkreter Angaben einer der möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus oder andere medizinische Einrichtung; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 629 der 1.548 Erkrankungen (41 %) wurde weder eine reiseassoziierte Exposition noch eine Assoziation mit einem Aufenthalt im Krankenhaus- oder Pflegeheim übermittelt. Diese Fälle wurden der Kategorie »privates/ berufliches Umfeld« zugewiesen. Da weitere 451 Fälle (29 %) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.080 Fällen (70 %) die Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle folgen reiseassoziierte Erkrankungen bei Personen, die sich im Zeitraum der wahrscheinlichen Infektion (Expositionsperiode) in einem Hotel oder einer ähnlichen Reiseunterkunft aufgehalten hatten (353 Erkrankungen; 23 %). Bei 50 Erkrankungen (3 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben bzw. bei 20 weiteren Erkrankten (1 %) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 42 Erkrankungen (3 %) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 3 Fällen (< 1 %) wurde zum möglichen Expositionsort die Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, um 3 % gesunken (2018: 1.053 Fälle; 73 %), wobei sich aber die absolute Zahl der konkret als »privates/berufliches Umfeld« übermittelten Fälle von 435 auf 451 Fälle erhöht hat. Bei den reiseassoziierten Erkrankungen sind die Erkrankungszahlen von 306 (21 %) auf 353 Erkrankungen (23 %) leicht gestiegen. Die registrierte Zahl der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist im Vergleich zum Vorjahr mit 54 bzw. 50 Fällen annähernd gleich geblieben. Demgegenüber haben sich die Erkrankungen im Zusammenhang mit einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise Reha-Kliniken bei insgesamt niedrigen Fallzahlen nahezu verdoppelt von 11 auf 20 Fälle. Gleiches gilt auch für Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung (2018: 23 Fälle; 2019: 42 Fälle).

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden dem RKI 9 Häufungen mit insgesamt 24 Fällen übermittelt: Hierbei handelte es sich um kleine Cluster mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen.

Sechs dieser 9 Cluster waren reiseassoziiert. Hier hatten sich die Erkrankten vor Erkrankungsbeginn in der gleichen Reiseunterkunft aufgehalten. Neben den Fällen aus Deutschland kamen zu einzelnen Clustern auch weitere Fälle aus anderen Europäischen Ländern hinzu, die sich in derselben Unterkunft aufgehalten hatten und im Rahmen des europäischen Legionellen-Netzwerkes ELDSNet bekannt geworden waren, so dass die jeweiligen reiseassoziierten Cluster, die mit einer bestimmten Unterkunft assoziiert waren, u.U. erst durch die internationale Zusammenarbeit im Rahmen von ELDSNet als solche identifiziert werden konnten. Auf internationaler Ebene können die Ausbrüche einen größeren Umfang aufweisen, weil die Zahl der internationalen Fälle das Cluster »vergrößern« können.

Darüber hinaus war ein Cluster mit insgesamt 4 Fällen mit einem Pflegeheim assoziiert und bei einem Cluster mit 2 Fällen wurde die Infektionsquelle im privaten bzw. beruflichen Umfeld vermutet. Zu einem weiteren Cluster mit 3 Fällen wurden keine Angaben zum Infektionsumfeld übermittelt.

Größere Ausbruchsgeschehen mit 5 oder mehr assoziierten Fällen wurden für das Jahr 2019 nicht übermittelt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen – trotz der kontinuierlich weiter steigenden 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. Es ist jedoch anzunehmen, dass in der Praxis zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden und es daher zu einer hohen Untererfassung kommt. So schätzt das deutsche Kompetenznetzwerk für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) die jährliche Zahl der Legionärskrankheit auf etwa 15.000 bis 30.000 Fälle.

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 Urin-Antigentests zur Anwendung kommen, die auf den Nachweis dieser 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 wurden 2019 nur bei knapp 60 % der Fälle konkrete Angaben 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. Seit Mitte 2019 besteht mit der Einführung eines neuen Updates der Meldesoftware SurvNet@rki aber die Möglichkeit, Ergebnisse von Wasseruntersuchungen und Nachweise zum Erreger aus vermuteten Infektionsquellen zu übermitteln, so dass ein Abgleich mit Patient und vermutlicher Infektionsquelle möglich wird. Derzeit sind die übermittelten Angaben aber in vielen Fällen noch lückenhaft und es bleibt abzuwarten, wie sich die Datenlage hierzu entwickeln wird.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorie E) ist mit insgesamt 5 % (94 Fälle) im Jahr 2019 vergleichsweise hoch und gegenüber dem Vorjahr noch angestiegen (2018: 4 %; 60 Fälle).

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 2019 ist die Anzahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr weiter angestiegen. Alters- und Geschlechtsverteilung sowie auch die saisonale Verbreitung blieben hierbei weitgehend unverändert. Häufungen traten in Form kleiner Cluster mit 2 bis 4 Fällen auf und waren überwiegend reiseassoziiert.

Vor dem Hintergrund 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 Labordiagnostik 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. In Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen sollte angesichts der dortigen vulnerablen Population besonders 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 Patientenpro-

ben ist es sinnvoll, auch in den in Frage kommenden Wassersystemen vermuteter Infektionsquellen nicht nur die Legionellen-Konzentration zu bestimmen, sondern auch eine Typisierung anzustreben. Nur durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es möglich, ursächliche Infektionsquellen zu identifizieren.

Literaturhinweise

Buchholz U, Altmann D, Brodhun B: *Differential seasonality of Legionnaires' disease by exposure category*. Int J Environ Res Public Health 2020. doi: 10.3390/ijerph17093049

Buchholz U, Dullin J, Lück C, et al.: *Ausbruch ambulant erworbener Legionellosen in Bremen 2015 und 2016 – Erfahrungen, Ergebnisse, Entscheidungen*. Epid Bull 2019; 28: 251–257.

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; 1: 1–5.

Brodhun B, Prahm K, Lück C, Haas W, Buchholz U: *Deutschland spielt eine wichtige Rolle in der Prävention reiseassoziierter Fälle von Legionärskrankheit – Teilnahme Deutschlands am ELDSNet*. Epid Bull 2018; 36: 391–399.

RKI-Ratgeber (2019). 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

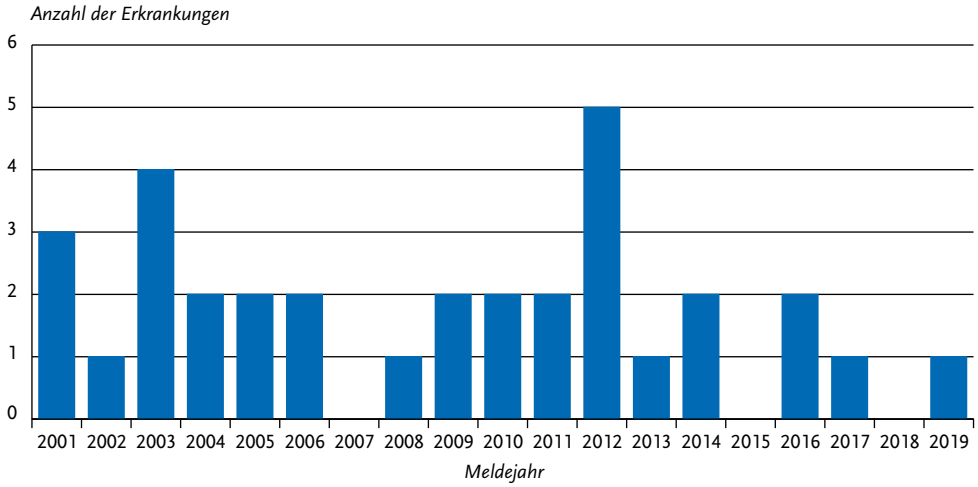
Im Jahr 2019 wurde eine Erkrankung an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.33.1). Die Erkrankung betraf einen Mann im Alter von 26 Jahren. Das Infektionsland war Indien, als klinische Form wurde Borderline-Lepra angegeben.

Literaturhinweise

Kasang C, Kreibich S, Dietrich S: *Lepra, nicht was Du denkst*. Epid Bull 2020; 4: 3–6.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

Abb. 6.33.1:
Übermittelte Lepra-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



6.34 Leptospirose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **159**
- Zunahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um etwa 36 %
- Saisonaler Verlauf mit Erkrankungsgipfel zwischen August und November
- Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 30 und 39 Jahren und bei Frauen zwischen 25 und 29 Jahren
- Etwa 64 % 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 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.34.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 159 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit um 36 % höher als im Vorjahr. 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 November 2019 wurden 55 % der Erkrankungen übermittelt.

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern außer dem Saarland und Sachsen-Anhalt traten Erkrankungen auf, wobei die höchste Inzidenz in Hamburg verzeichnet wurde (0,4 Erkr./100.000 Einw.). Für 112 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 114 Nennungen). Deutschland wurde bei 64 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2018: 44 %). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Asien (16 Nennungen) und Mittel- und Südamerika (8) erworben.

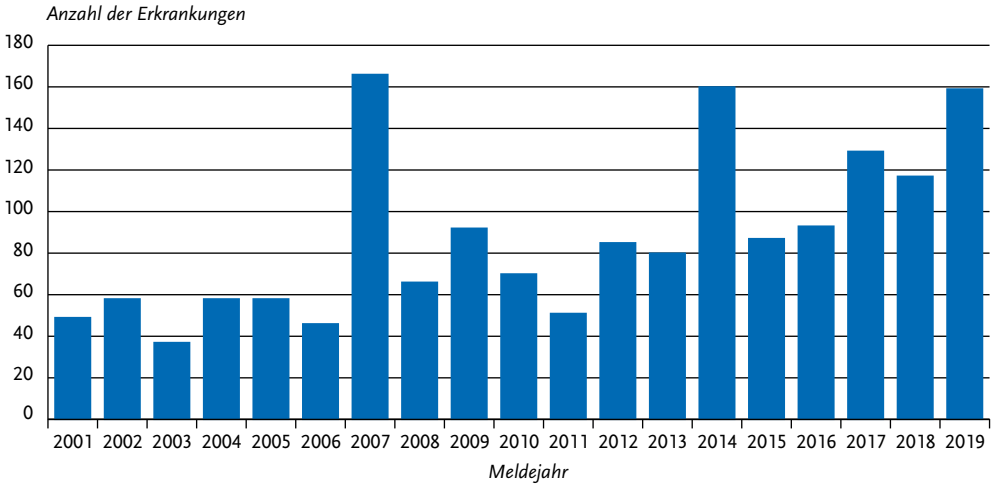
Demografische Verteilung

Insgesamt 95 Erkrankte (60 %) waren männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 30- bis

Tab. 6.34.1:
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	117	87 %	159	80 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	5 %	12	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10	7 %	27	14 %
alle	134	100 %	198	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**117**	**87 %**	**159**	**80 %**

Abb. 6.34.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



39-Jährigen mit einer Inzidenz von 0.6 Erkr./100.00 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Inzidenz bei den 25- bis 29-Jährigen am höchsten (0,6). Im Jahr 2019 wurden 3 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (3 Jungen) übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei 26 Erkrankungen (16 %) lagen Angaben zu einem Serovar vor. Bei 3 dieser Erkrankungen wurde *Leptospira interrogans* Serovar Icterohaemorrhagiae, bei 2 Erkrankungen Serovar Sejroe und bei jeweils einer Erkrankung Serovar Pomona und Pyrogenes genannt. Bei den übrigen 19 Erkrankungen wurde als Serovar »andere/sonstige« angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 159 Leptospirose-Erkrankungen (100 %) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 396 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (87 % der Erkrankungen) und Fieber (76 %). Bei 35 % der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 17 % Ikterus und bei 14 % Husten übermittelt. Des Weiteren wurden bei 6 % der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 6 % Hämorrhagien, bei 5 % Dyspnoe und bei 3 % eine Myokarditis übermittelt. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 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

Brehm TT, Schulze zur Wiesch J, Lütgehetmann M, et al.: *Epidemiology, clinical and laboratory features of 24 consecutive cases of leptospirosis at a German infectious disease center.* Infection 2018; 46: 847–853.

Brockmann SO, Ulrich L, Piechotowski I, et al.: *Risk factors for human Leptospira seropositivity in South Germany.* SpringerPlus 2016. doi: 10.1186/s40064-016-3483-8

Goris M, Boer K, Duarte T, Kliffen S, Hartskeerl R: *Human leptospirosis trends, the Netherlands, 1925–2008.* Emerg Infect Dis 2013. doi: 10.3201/eid1903.111260

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/eid1107.041172

RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.35 Listeriose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **591**
- Fallzahlen sind das zweite Jahr in Folge rückläufig
- Höchste Inzidenz bei Männern ab 80 Jahren
- Nicht-schwangerschaftsassoziierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen

Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria (L.) 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 Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Verzehr 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).

Tab. 6.35.1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition*, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	591	85 %	499	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	53	8 %	34	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	54	8 %	57	10 %
alle	699	100 %	592	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	**698**	**100 %**	**591**	**100 %**

* Änderung der Falldefinition 2015. Im Jahr 2018 und 2019 ist jeweils ein Fall gemäß alter Falldefinition (Version vor 2015) erfasst worden und erfüllt daher nicht die Referenzdefinition.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 591 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,7 Fällen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Im Jahr 2018 nahmen die Fallzahlen etwas ab. Gegenüber dem Vorjahr (698 Fälle) hat die Zahl der Listeriosen um 15 % abgenommen (s. Abb. 6.35.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,5 Fällen/100.000 Einw. in Hessen und die höchste Inzidenz mit 1,1 in Sachsen verzeichnet. Die Inzidenzen in Brandenburg, Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und Schleswig-Holstein lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.35.2). Vier Bundesländer verzeichneten im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz: Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, das Saarland und Schleswig-Holstein.

Für 311 Erkrankungen (53 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 97 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2019 wurden 552 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschaftsassoziierten, invasiven Listeriosen betrafen 210 Frauen (38 %) und 342 Männer (62 %). Die Inzidenz stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,3 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen bis auf 3,8 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.35.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 20 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 19 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 14 Mutter-Kind-Paare, davon eine Mutter mit Zwillingen identifiziert werden, 6 Mütter wurden ohne Meldung eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und 4 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von 24 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 20 und 50 Jahren waren 20 Schwangerschafts-Listeriosen (83 %).

Nachgewiesene Erreger

Für 267 (45 %) lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; 125-mal wurde das Serovar

Abb. 6.35.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019 (n=591)

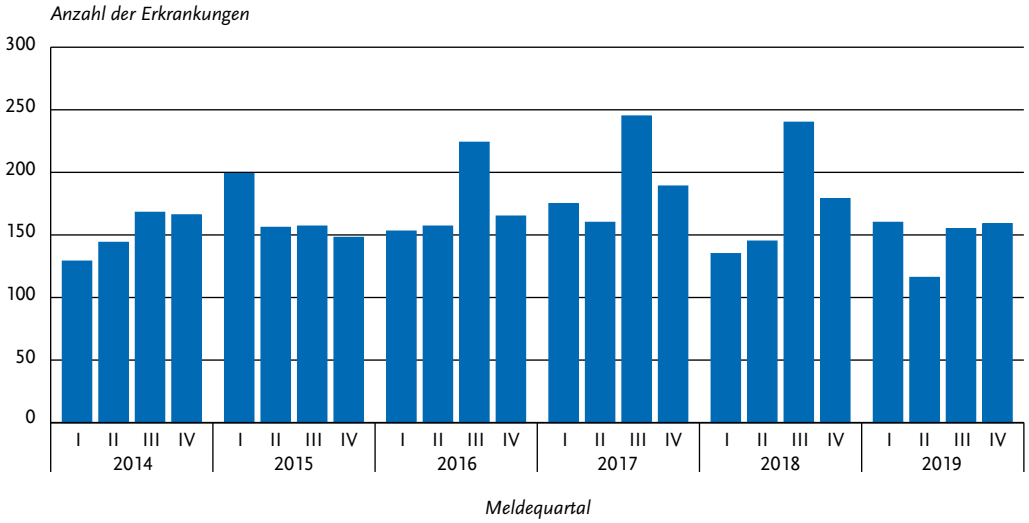


Abb. 6.35.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=591)

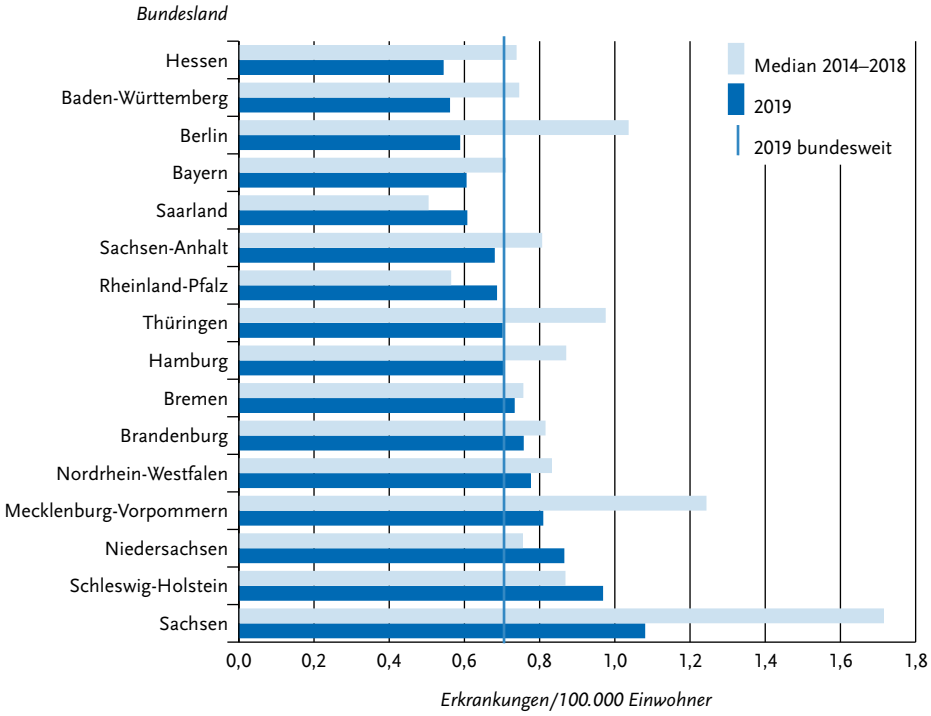
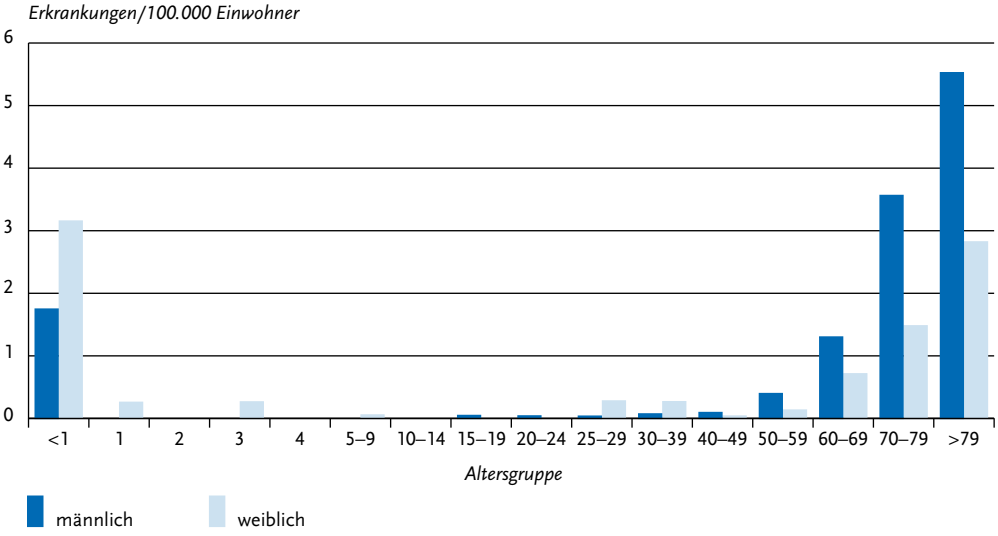


Abb. 6.35.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=590)



4b, 102-mal das Serovar 1/2a und 40-mal das Serovar 1/2b übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 190 (34 %) der 552 nicht-schwangerschaftsassoziierten invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 76 (14 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Vierzehn der 20 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (70 %) gaben grippeähnliche Symptome oder Fieber an. Eine Frau mit Schwangerschafts-Listeriose hatte eine Sepsis. Unter den 20 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurde bei einem Fall eine Totgeburt, bei einem Fall eine Fehlgeburt und bei 11 eine Frühgeburt angegeben. Eine symptomatische Listerien-Infektion lag bei 13 (68 %) der 19 lebend geborenen Neugeborenen vor: 9 (47 %) zeigten ein septisches Krankheitsbild, ein Neugeborenes (5 %) hatte eine Meningitis oder Enzephalitis, 7 (37 %) eine Atemstörung und bei 3 (16 %) war eine Haut-, Bindehaut- oder Schleimhautläsion angegeben (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 40 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2018: 31). Unter diesen waren 38 nicht-schwangerschaftsassoziierte Listeriosen und 2 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2019 bei 7 %. Die Listeriose ist damit die meldepflichtige Krankheit mit der dritthöchsten Letalität, nach der *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf und Meningokokken.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 konnte für einen Ausbruch mit 39 Erkrankten (der von 2014 bis 2019 andauerte) mit hoher Wahrscheinlichkeit eine Infektionsquelle gefunden werden. Die Genomsequenzen der Listerien-Isolate der 39 Patienten sind sehr nah verwandt, so dass davon auszugehen ist, dass die Patienten sich an einer gemeinsamen Quelle infiziert haben. Achtzehn Fallpersonen sind verstorben, davon wurden 3 Patienten als aufgrund der Listeriose verstorben übermittelt.

Da sich bei diesem Ausbruch ungewöhnlich viele Listeriose-Patienten bereits vor ihrer Listeriose-Erkrankung in Krankenhäusern, Reha-Einrichtungen, Altersheimen oder Ähnlichem aufgehalten haben, wurden die Lieferungen von Lebensmitteln aus diesen betroffenen Einrichtungen zurückverfolgt (durch das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit bzw. die Lebensmittelbehörden). Dies führte im September 2019 zur Identifikation eines Wurstwaren-Herstellers, bei dem Kontaminationen mit dem Listerien-Sequenz-Cluster-Typ CT2521 (Sigma1) nachgewiesen werden konnten.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Die Inzidenz der im Jahr 2019 übermittelten Listeriosen ist das zweite Jahr in Folge nach einem jahrelang ansteigenden Trend, rückläufig. Allerdings war im Jahr 2019 die Letalität etwas höher als in 2017 und 2018. Auch kann die Inzidenz in Relation zu den Fallzahlen seit 2001 weiterhin als hoch bewertet werden.

Literaturhinweise

Lachmann R, Halbedel S, Adler M, et al.: *Nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with consumption of meat products in health care facilities, Germany, 2014–2019*. Clin Microbiol Infect 2020. https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.09.020

Halbedel S, Wilking H, Holzer A, et al.: *Large nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with blood sausage, Germany, 2018–2019*. Emerg Infect Dis 2020. doi: 10.3201/eid2607.200225

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: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30094

Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: *Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015*. Euro Surveill 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30094

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. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0142986

RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.36 Malaria

- Fälle 2019: **993**
- Im Jahr 2019 weiterhin leichter Rückgang der *P.-vivax*-Infektionen
- Anteil der *P.-falciparum*-Infektionen gegenüber 2018 leicht angestiegen
- 97 % 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 2019 insgesamt 993 Malaria-Fälle (1,2 Fälle pro 100.000 Einwohner; Vorjahr: 899 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), seitdem ist die Fallzahl relativ konstant (s. Abb. 6.36.1).

Die Anzahl der monatlich diagnostizierten Malaria-Fälle lag 2019 zwischen 41 Fällen im März und 145 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 eine Inzidenz von 5,2 Fällen pro 100.000 Einwohner ermittelt (n=96), für Bremen von 3,5 (n=24) und für Berlin von 2,5 (n=93). Die niedrigste Inzidenz trat mit 0,1 Fällen/100.000 Einw. in Sachsen-Anhalt (n=2) auf.

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 683 Fälle (69 %) angegeben. Der weitaus größte Teil der Nennungen (661; 97 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.36.1). Wie in den Vorjahren wurden Ni-

Abb. 6.36.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

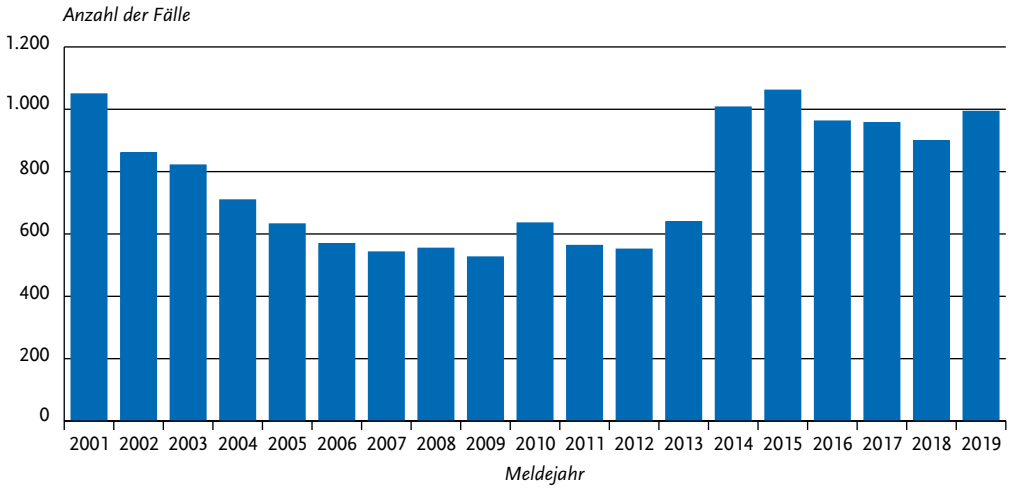
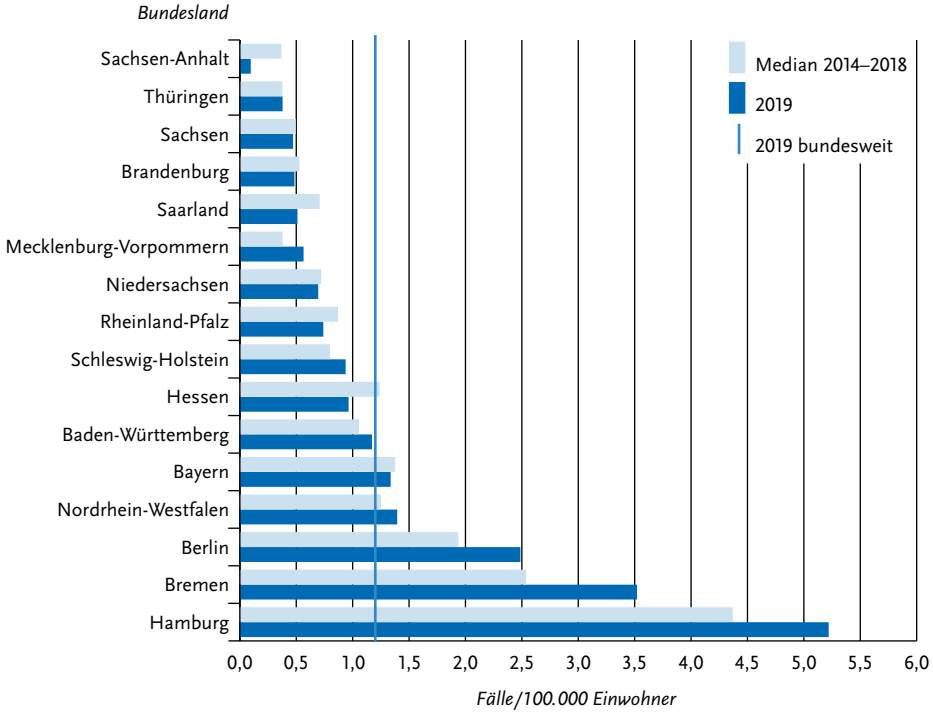


Abb. 6.36.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=993) im Vergleich mit den Vorjahren



geria, Kamerun, Ghana und Togo am häufigsten genannt. Die Zahl der in Asien erworbenen Infektionen war mit 16 Fällen gegenüber 15 Fällen im Jahr 2018 fast konstant. Infektionsländer außerhalb Afrikas und Asiens wurden bei 6 Fällen angegeben.

Bei 2 Fällen von Malaria tropica wurde die Infektion in Deutschland erworben. Betroffen waren 2 Männer, die auf dem Flughafen Frankfurt/Main in der Nachtschicht im Bereich der Flugzeugwartung arbeiteten.

Drei Fälle von Malaria quartana *(Plasmodium malariae)* traten bei Reiserückkehrern aus Tunesien bzw. Ägypten auf, deren Rückflüge am selben Tag in Frankfurt/Main gelandet waren. Da beide Urlaubsländer als malariafrei gelten, ist auch in diesen Fällen die Infektion möglicherweise auf dem Flughafen Frankfurt erfolgt.

Tab. 6.36.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2019 (n=683)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nigeria	123	18 %
Kamerun	98	14 %
Ghana	73	11 %
Togo	69	10 %
Uganda	48	7 %
Kenia	31	5 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	25	4 %
Kongo, Demokratische Republik	23	3 %
Sierra Leone	22	3 %
Guinea	22	3 %
Andere	149	22 %
Summe	**683**	**100 %**

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wies mit 2,0 Fällen/100.000 Einw. die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen auf. Jungen und Männer hatten insgesamt eine 2-mal höhere Inzidenz als Mädchen und Frauen, wobei die Inzidenz bei den 40- bis 49-jährigen Männern mit 3,0 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.

Tab. 6.36.2:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2019 (n=955)

Erreger	Anzahl	Anteil
Plasmodium falciparum (M. tropica)	814	85,2 %
Plasmodium vivax (M. tertiana)	39	4,1 %
Plasmodium malariae (M. quartana)	34	3,6 %
Plasmodium ovale (M. tertiana)	32	3,4 %
Mischinfektion	19	2,0 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	17	1,8 %
Summe	**955**	**100 %**

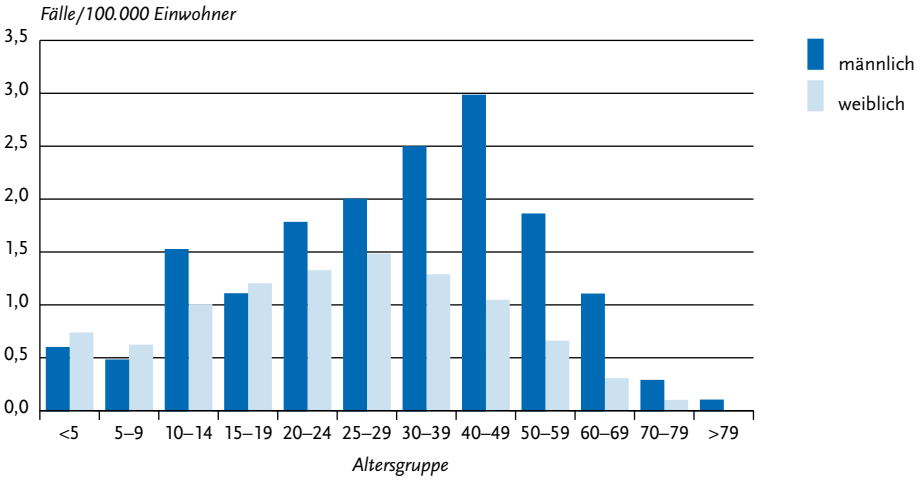
Nachgewiesene Erreger

Unter den 955 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (96 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 814 Fällen (85 %; 2018: 701 Fälle, 81 %) am häufigsten diagnostiziert. Wie im Vorjahr lag an zweiter Stelle *P. vivax* mit 39 Fällen (2018: 50 Fälle), gefolgt von *P. malariae* (34 Fälle), *P. ovale* (32 Fälle) und Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers; 17 Fälle). Bei 19 Fällen wurde eine Mischinfektion angegeben (s. Tab. 6.36.2). Wie im Vorjahr war die Anzahl von *P.-vivax*-Infektionen rückläufig. Die Anzahl gemeldeter *P.-falciparum*-Infektionen hat leicht zugenommen, sowohl absolut als auch als Anteil aller gemeldeten Erregernachweise.

Klinische Aspekte

Für 2 der im Jahr 2019 gemeldeten Malaria-Fälle wurde ein tödlicher Verlauf berichtet. Es handelt sich um eine Frau und einen Mann im Alter von 57 Jahren und 69 Jahren, die sich in Togo bzw. der Demokratischen Republik Kongo mit *P. falciparum* infiziert hatten.

Abb. 6.36.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=973)



Datenqualität
Für 671 Fälle (68 %; Vorjahr: 73 %) lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 316 Fälle nur der Laborbogen, für 6 Fälle nur der Arztbogen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland sind in der Regel nur im Arztbogen vorhanden.

Fazit
Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle war 2019 gegenüber 2018 leicht erhöht. Die 2014 und 2015 deutlich erhöhte Zahl von *P.-vivax*-Infektionen, die auf damals vermehrt nach Deutschland einreisende Personen aus Herkunftsländern, in denen *P. vivax* endemisch ist, zurückzuführen war, hat sich weiter verringert.

Literaturhinweise

Wieters I, Eisermann P, Borgans F, et al.: *Two cases of airport-associated falciparum malaria in Frankfurt am Main, Germany, October 2019*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.49.1900691

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, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.37 Masern

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **514**
- Inzidenz: 0,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- Weiterhin höchste Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren
- 65 Ausbrüche mit 311 Erkrankungen
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Kurzbeschreibung
Masern sind eine hochansteckende Viruserkrankung, die sehr schnell aerogen übertragen wird und durch Fieber, Entzündung der oberen Atemwege 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 Falldefinition für die Masern orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1). Im Jahr 2019 wurden 594 Fälle übermittelt, von denen 514 der Referenzdefinition entsprachen. Ein Teil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischen Bild könnte z. B. auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und abgeschwächter Symptomatik zurückzuführen sein. Ohne Angaben zu Symptomen und Untersuchungsanlass dieser Fälle ist das jedoch nicht verifizierbar.

Zeitlicher Verlauf
Für das Jahr 2019 wurden 514 Masern-Erkrankungen und damit im Vergleich zu 2018 (n=544) etwas weniger Fälle übermittelt. Angesichts einer in den letzten beiden Jahren in der Europäischen Region

Tab. 6.37.1:
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

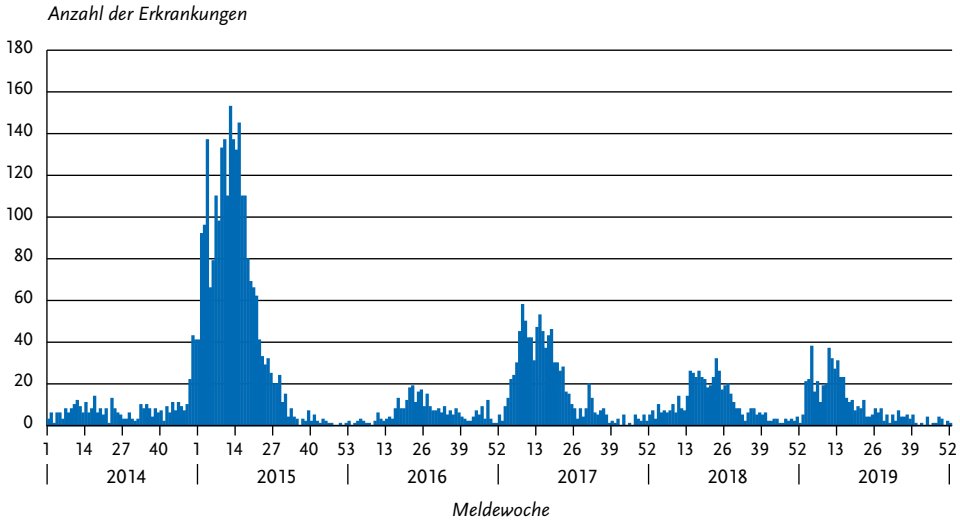
Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	33	5 %	29	5 %
klinisch-epidemiologisch (B)	53	8 %	80	13 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	458	68 %	405	68 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	115	17 %	67	11 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	18	3 %	13	2 %
alle	677	100 %	594	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	**544**	**80 %**	**514**	**87 %**

wie auch global erheblich gestiegenen Fallzahl ist der sinkende Trend der Fallzahlen in Deutschland beachtenswert. In den letzten Jahren schwankte die Zahl der übermittelten Fälle zum Teil erheblich. 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. Auch im Jahr 2019 zeigt sich der für Masern typische saisonale Verlauf mit den höchsten Erkrankungszahlen im ersten Halbjahr (besonders in der 2. bis 22. Meldewoche) (s. Abb. 6.37.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit etwas niedriger als im Jahr 2018 (0,7) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,7). In Niedersachsen (1,1), Hamburg (1,0), Rheinland-Pfalz (0,9), Nordrhein-Westfalen (0,8) und Baden-Württem-

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2014 bis 2019



berg (0,7) lag die Inzidenz über der bundesweiten Inzidenz. In diesen Bundesländern sowie in Hessen lag die Inzidenz 2019 auch über dem Median der jeweiligen Bundeslandinzidenzen der Vorjahre. In allen anderen Bundesländern entsprach die jeweilige Inzidenz dem bundesweiten Durchschnitt bzw. dem Median der Vorjahre oder lag zum Teil weit darunter. 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 2019 erneut in Mecklenburg-Vorpommern wie auch im Saarland und in Brandenburg erreicht (s. Abb. 6.37.2).

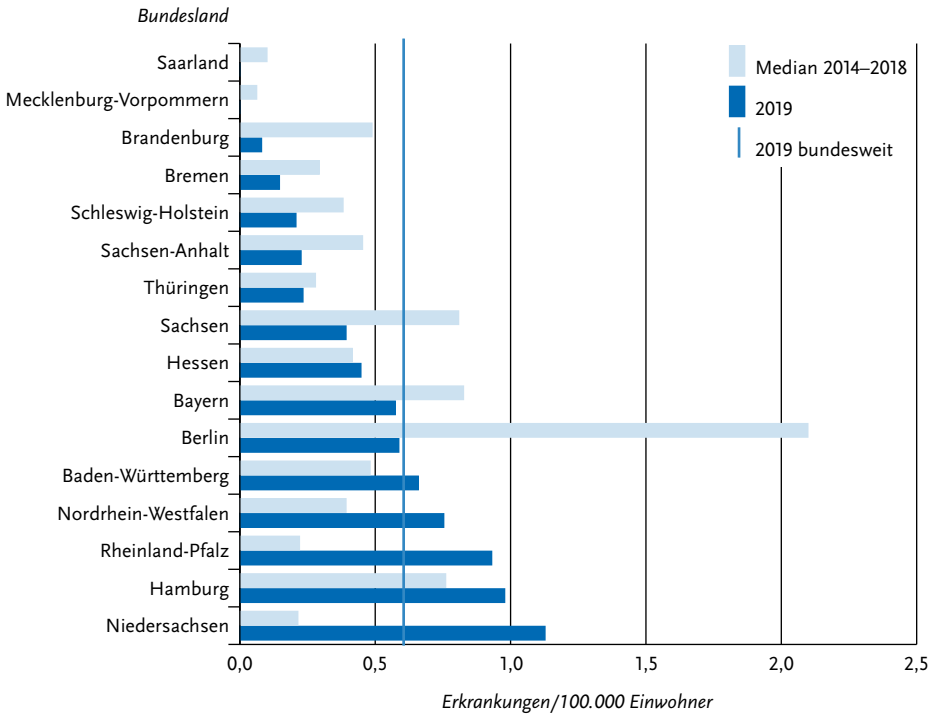
Rund 26 % der 514 Masern-Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen übermittelt (n=135), gefolgt von Niedersachsen mit 18 % (n=90) und Bayern mit 15 % aller Fälle (n=75). Sieben Bundesländer übermittelten dagegen im Jahr 2019 jeweils weniger als 10 Fälle. Aus Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland wurde kein Masernfall übermittelt.

Es lagen 370 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 352 Fälle mit Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (76 % der Nennungen; n=282). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden die Ukraine (n=15), Thailand (n=9) und Rumänien (n=7), Vietnam (n=5) sowie die Schweiz, Österreich und Georgien 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 4,2 Erkr./100.000 Einw. und bei den Einjährigen bei 3,4 Erkr./100.000

Abb. 6.37.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=514) im Vergleich zu den Vorjahren



Einw. Für die 2-Jährigen wurde eine Inzidenz von 2,0, bei den 3-Jährigen und 4-Jährigen von 1,4 berechnet. Für die 5- bis 9-Jährigen lag sie bei 1,0, für die 10- bis 14-Jährigen bei 1,2 und für die 15- bis 19-Jährigen bei 1,4. In den höheren Altersgruppen nahm die Inzidenz mit steigendem Alter ab (20- bis 24-Jährige: 1,6; 25- bis 29-Jährige: 0,9; 30- bis 39-Jährige: 0,8; 40- bis 49-Jährige: 0,5; 50- bis 59-Jährige: 0,1) (s. Abb. 6.37.3). In den Altersgruppen von 60 Jahren und darüber wurden Daten von insgesamt 3 Masern-Fällen übermittelt.

In der Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen traten 26 % aller Erkrankungen auf (2018: 31 %; 2017: 42 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 2-Jährigen bei rund 56 % (2018: 57 %). Weit über die Hälfte der Erkrankungen (74 %; 2018: 69 %) traten bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. Von allen Masern-Erkrankungen entfielen rund 20 % (2018: 23 %) auf die Altersgruppe der 10- bis 19-Jährigen und 40 % (2018: 36 %) auf die Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen. Rund 10 % waren zwischen 40 und 49 Jahre alt (2018: 7 %) und 4 % der an Masern Erkrankten war 50 Jahre oder älter (2018: 4 %).

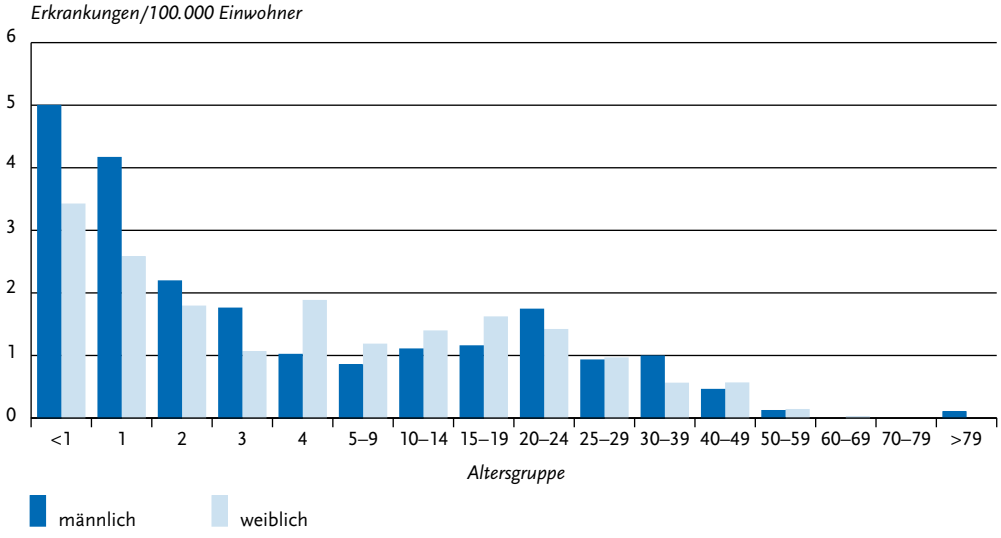
Im Jahr 2019 wurde für Jungen und Männer eine etwas höhere Masern-Inzidenz als für Mädchen und Frauen errechnet (0,7 versus 0,6).

Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung (n=178) lag bei 35 % und damit niedriger als im Jahr 2018 (42 %). Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variierte nach Alter. So wurden im Berichtsjahr 47 % (2018: 51 %) der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder (28 von 60) sowie 14 % (2018: 27 %) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren (24 von 176) hospitalisiert. Von Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 45 % (126 von 278; 2018: 52 %).

Für 343 der 514 Erkrankten lagen im Jahr 2019 Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 313 Patienten (91 %, 2018: 95 %) keine Komplikationen angegeben. Bei 30 Masern-Erkrankungen wurden Komplikationen dokumentiert. Einmal war im Rahmen der akuten Masern-Erkrankung eine Enzephalitis aufgetreten. Bei 17 der 343 Erkrankungen (5 %, 2018: 2 %) wurde eine Lungenentzündung und bei 10 Patienten (3 %, 2018: 0,5 %) eine Mittelohrentzündung im Verlauf der Masern-Erkrankung diagnostiziert. Zudem gingen 2 Erkrankungen mit einer nicht näher beschriebenen Komplikation einher. Im Jahr 2019 verstarb eine 33-jährige Frau an den Folgen einer akuten Masern-Erkrankung.

Abb. 6.37.3:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=514)



Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) als Spätfolge einer Masern-Erkrankung war im Jahr 2019 nicht meldepflichtig. Aus diesem Grund liegen dem RKI für dieses Krankheitsbild für den Berichtszeitraum keine Daten vor. Mit In-Kraft-Treten des Masernschutzgesetzes am 01.03. 2020 wurde die SSPE nunmehr meldepflichtig.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (MMR-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 1. Impfdosis kein Immunschutz aufgebaut wurde. Die 1. Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten empfohlen (siehe 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. Ferner wurden von der STIKO Anfang des Jahres 2020 die Empfehlungen für beruflich indizierte MMR- und Varizellen-Impfungen angeglichen und wissenschaftlich begründet (siehe Epidemiologisches Bulletin 2/2020).

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 514 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 462 Fällen (90 %) bekannt. Von diesen wurden 102 (22 %) als geimpft und 360 (78 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.37.4). Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung herangezogen. Diese lagen bei 77 Erkrankungen vollständig vor.

Bei 51 Personen war der Impfschutz nicht ausreichend, dabei waren 50 Personen einmalig und eine Person 2-malig, jedoch scheinbar zu spät, geimpft worden. Bei 36 der 50 einmalig geimpften Personen 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 weiteren 14 Personen mit einmaliger Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend jedoch Jahre, zurücklag, kann ein unzureichender Impfschutz aufgrund einer nicht erfolgten 2. Impfung angenommen werden. Nur 5 von diesen 14 Patienten waren jünger als 2 Jahre, bei den anderen 9 Patienten hätte man durch eine nach STIKO-Empfehlungen rechtzeitige 2. Impfung höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können. Bei einem Fall erfolgte die 2. Impfung 3 Tage vor Ausbruch der Masern.

Bei 26 der 27 mehr als einmal Geimpften mit Angabe des Impfdatums kann von einem möglichen Impfdurchbruch ausgegangen werden. Diese Patienten waren zwischen 2 und 49 Jahre alt.

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.

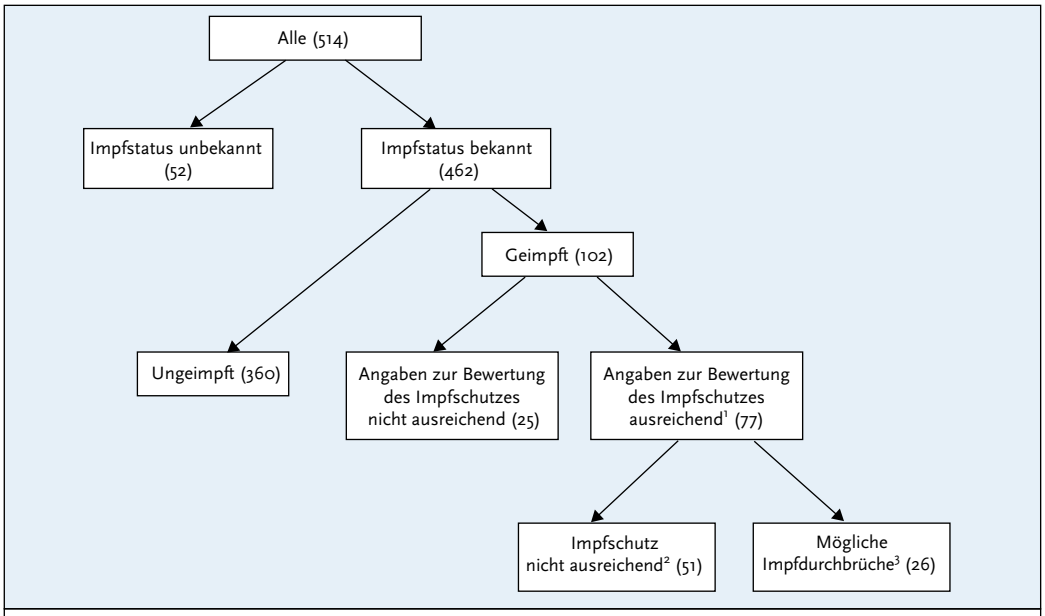
Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Wochen andauernden, auch bundeslandübergreifenden Transmissionsketten.

Im Jahr 2019 wurden 65 Ausbrüche mit 311 dazugehörigen Fällen (61 % aller Fälle) übermittelt. Im Vorjahr wurden 73 Ausbrüche mit 322 Fällen verzeichnet (59 % aller Fälle).

Im Jahr 2019 umfassten 50 Ausbrüche jeweils weniger als 5 Fälle und 15 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle (davon 3 Ausbrüche mit mehr als 10 Fällen). Diesen 15 Ausbrüchen wurden insgesamt 195 Fälle zugerechnet. Ausbrüche wurden aus 11 Bundesländern (außer Brandenburg, Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Saarland und Sachsen-Anhalt) übermittelt. Die meisten Ausbrüche

Abb. 6.37.4:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=514)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der 2. Impfung mindestens 21 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Masern-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

wurden in Baden-Württemberg (n=14), Nordrhein-Westfalen (n=11) und Bayern (n=10) dokumentiert. Sieben Ausbrüche wurden in Niedersachsen und jeweils 5 in Berlin und Hessen registriert; es folgen Rheinland-Pfalz mit 4 und Sachsen mit 2 Ausbrüchen sowie Hamburg, Schleswig-Holstein und Thüringen mit je einem Ausbruch.

Der größte Ausbruch mit insgesamt 59 Fällen nach Referenzdefinition begann im Dezember 2018 (erstmalig gemeldet im Januar 2019) in einem Landkreis in Nordrhein-Westfalen nach einem Import aus der Ukraine und breitete sich nachfolgend auf 2 weitere Kreise aus. Im März 2020 erkrankte der letzte Fall dieses Ausbruchs. Ein weiterer größerer Ausbruch mit 49 Fällen nach Referenzdefinition ereignete sich in Niedersachsen. Die Ausbrüche traten überwiegend im privaten Umfeld auf.

Datenqualität

Eine labordiagnostische 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 Maserndiagnose sehr niedrig ist. Der Anteil an klinisch-laborbestätigten Fällen lag mit 84 % erfreulicherweise hoch und übertrifft damit die von der WHO geforderten 80 %. Eine Laboruntersuchung sollte immer 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 Anklicken der Items »IgM-Antikörpernachweis« oder »IgG-Antikörpernachweis (deutliche Änderung zwischen zwei Proben)« dokumentiert.

Bei 221 der 514 übermittelten Erkrankungen (43 %; 2018: 37 %) war eine Genotypisierung veranlasst worden, die bei 204 Fällen erfolgreich war. 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 daher stets nachgetragen und übermittelt werden. Aufgrund der vorliegenden Systematik der Meldesoftware ist es 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 (auch in andere Bundesländer!) 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. Die Anteile der an Lungenentzündungen oder an einer Otitis Media Erkrankten im Vergleich zu allen Fällen haben sich allerdings für das Berichtsjahr mehr den international publizierten Zahlen zur Häufigkeit dieser Komplikationen angeglichen.

Fazit

Für das Jahr 2019 wurde eine Masern-Inzidenz von 0,6 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2018: 0,7). Die von der WHO vorgegebene richtungsweisende 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. Das ist eine Altersgruppe, die von Komplikationen besonders betroffen ist. Die Inzidenz bei Kindern unter 12 Monaten zeigt, dass der Gemeinschaftsschutz nicht ausreicht, um eine Ausbreitung der Masern in dieser Altersgruppe zu verhindern und diejenigen wirksam zu schützen, die selbst (noch) nicht geimpft werden können. Die Impfung bei Jugendlichen und Erwachsenen ist darum neben deren eigenem Schutz besonders auch für diese jüngsten Altersgruppen von Bedeutung. Über 70 % der Erkrankungen wurde in den Altersgruppen der 10-Jährigen und älter erfasst, 40 % aller Fälle waren zwischen 20 und 39 Jahre alt. Dieser Anteil hat in den letzten Jahren weiter zugenommen, während der Anteil der unter 10-Jährigen sinkt.

Der hohe Anteil an kleinen Ausbrüchen mit unter 5 Fällen zeigt einerseits, dass durch unverzügliche Maßnahmen der lokalen Behörden Transmissionsketten schnell unterbrochen wurden. Er könnte aber auch bedeuten, dass die Transmissionsketten nicht ausreichend verfolgt und Fälle und Ausbrüche, ausgelöst durch eine spezifische Sequenzvariante des Masernvirus, nicht zusammengefasst wurden.

Literaturhinweise

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.

Thole S, Kalhoefer D, an der Heiden M, Nordmann D, Daniels-Haardt I, Jurke A: *Contact tracing following measles exposure on three international flights, Germany, 2017*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.19.1800500

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. 24.17.1800529

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–-27.

Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020; 2: 3–22.

Matysiak-Klose D, Siedler A, Diercke M, Dudareva S, Wichmann O: *Bericht über die Nationale Konferenz zum Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland 2019 in Berlin*. Epid Bull 2019; 32/33: 301–305.

Mankertz A, Santibanez S, Bauer A, Friedrich N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für Masern, Mumps, Röteln für die Jahre 2017 und 2018*. Epid Bull 2019; 32/33:306–309.

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 (2020). www.rki.de/ratgeber

6.38 Meningokokken, invasive Infektion

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **256**
- Abnahme der Fallzahlen im Jahr 2019 um 13 %
- Abfall der Todesfälle auf 28 (Vorjahr: 35)
- Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern, gefolgt von Jugendlichen
- Eine Häufung mit 5 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 Serogruppen 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 (Falldefinitionskategorie 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

Tab. 6.38.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	6	2 %	3	1 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	280	95 %	241	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	2 %	10	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	0 %	2	1 %
alle	294	100 %	256	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	**294**	**100 %**	**256**	**100 %**

nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitionskategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen.

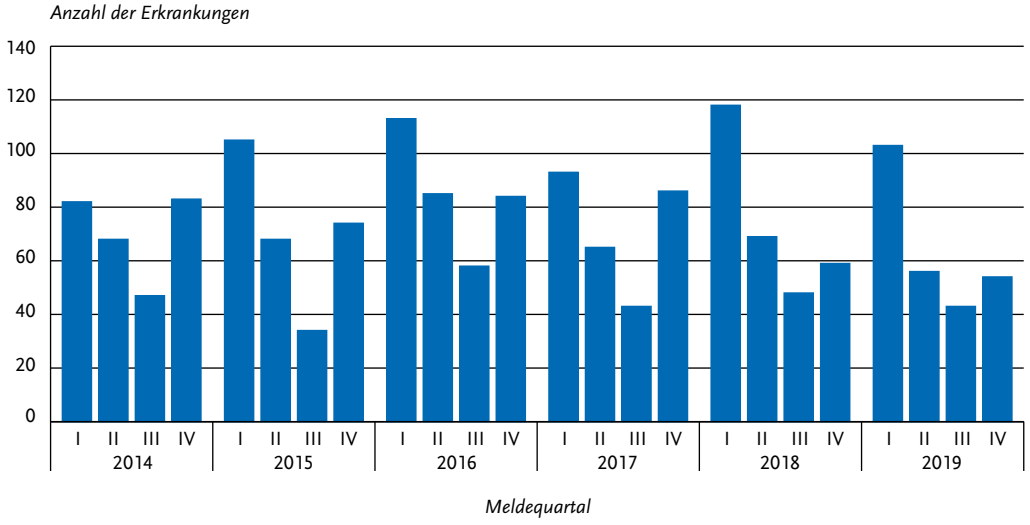
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 erfüllten insgesamt 256 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 13 % weniger als im Vorjahr. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem 40 % aller invasiven Meningokokken-Infektionen des Jahres 2019 auftraten (s. Abb. 6.38.1). Dies ist ähnlich wie in den 5 Vorjahren, in denen 29 bis 40 %, insg. 34 % aller Infektionen im I. Quartal auftraten.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,3 Erkrankungen pro

Abb. 6.38.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2019 (n=1.738)



100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,3 Erkr./100.000 Einw.) und schwankte in den Bundesländern zwischen 0,1 (Bremen, Saarland und Sachsen-Anhalt) 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 Schleswig-Holstein kam es zu einem deutlicheren Anstieg, allerdings bei insgesamt niedrigen Erkrankungszahlen.

Von den 198 (77 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 191 (96 %) ausschließlich Deutschland, in 6 Fällen wurde ein anderes Land als einziges wahrscheinliches Infektionsland angegeben: jeweils einmal Frankreich, Italien, Österreich, Rumänien, Spanien und Weißrussland. In einem Fall wurde zusätzlich zu Deutschland die Türkei als mögliches Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten Lebensjahren auf, insbesondere bei Säuglingen (2,8 Erkr./100.000 Einw.) und Einjährigen (1,9 Erkr./100.000 Einw.). Ein zweiter, kleinerer Gipfel bestand in den Altersgruppen der 15- bis 19-Jährigen (0,5 Erkr./100.000 Einw.) und der 20- bis 24-Jährigen (0,6 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht (jeweils 0,3 Erkr./100.000 Einw.) nicht (s. Abb. 6.38.3). Allerdings waren Personen männlichen Geschlechts in einigen Altersgruppen unter 70 Jahren häufiger betroffen als Personen weiblichen Geschlechts; Frauen waren jedoch ab dem Alter von 80 Jahren häufiger betroffen als Männer (Abb. 6.38.3).

Abb. 6.38.2:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=256) im Vergleich mit den Vorjahren

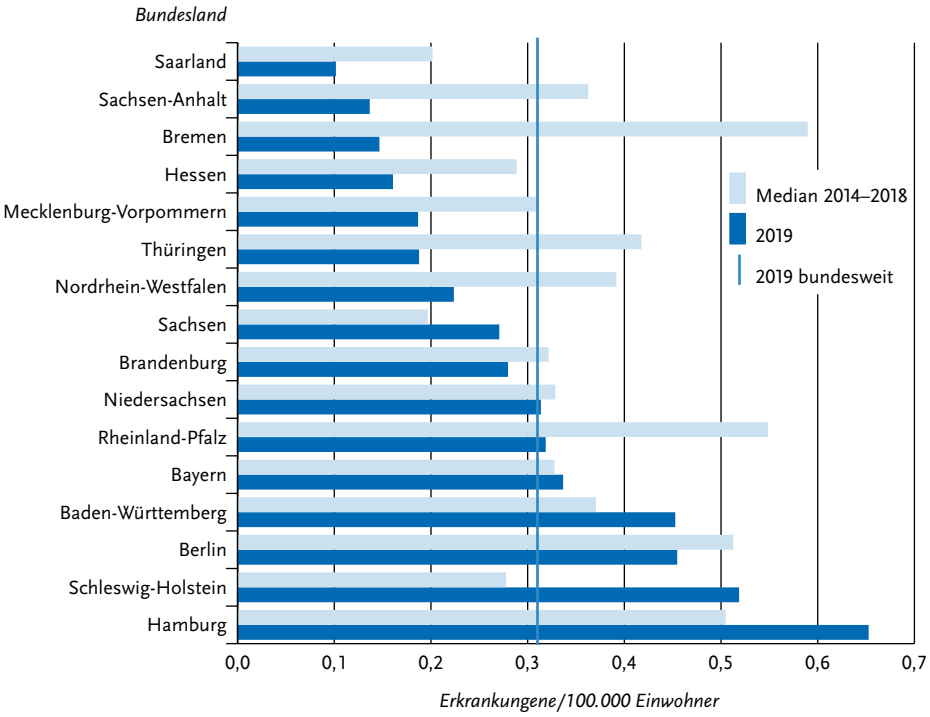
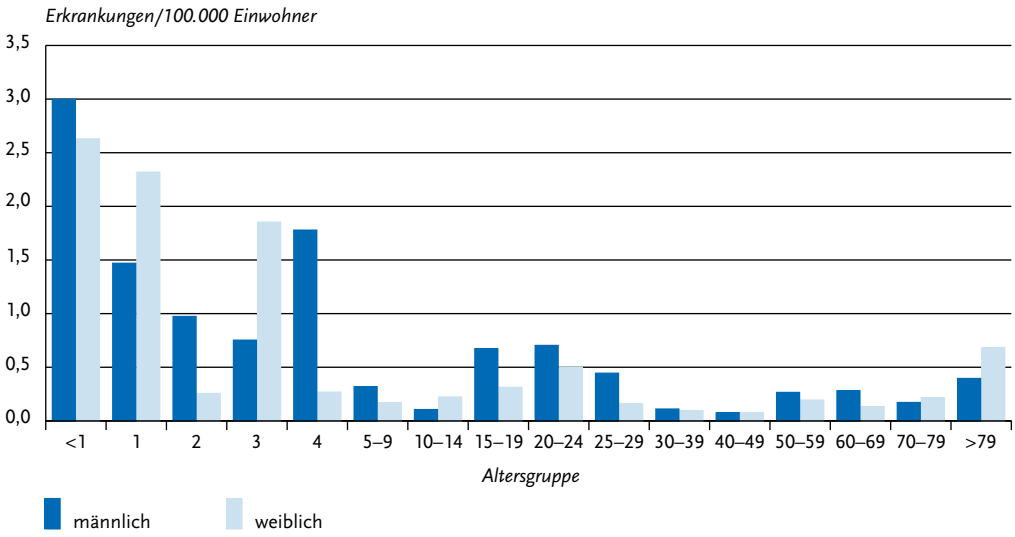


Abb. 6.38.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=256)



Nachgewiesene Erreger

Für 224 (88 %) der 256 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 81 %). Die Tabelle 6.38.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist mit 136 Fällen (61 %) für die Mehrzahl der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen verantwortlich (Vorjahr: 139 (58 %)); gefolgt von der Serogruppe Y mit 41 (18 %) Fällen (Vorjahr: 34 (13 %)). Die Serogruppe C wurde bei 27 (12 %) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen nachgewiesen (Vorjahr: 31 (13 %)) und die Serogruppe W bei 18 (8 %) (Vorjahr: 30 (13 %)). Bei je einem Fall wurden Meningokokken der Serogruppe D bzw. capsule-null-locus-Meningokokken (Fehlen aller für die Kapselbildung notwendiger Gene) 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 13-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Von den 53 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe war bei 47 (89 %) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag 2019 mit 2 Fällen bei 4 % (Vorjahr: 2 %, 1 Fall). Während invasive Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe insgesamt um 63 % abnahmen (2019: 42 Fälle gegenüber 2006: 115 Fälle), sind die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C sogar um 96 % (2019: 2 Fälle gegenüber 2006: 48 Fälle) zurückgegangen. Zusammen mit an anderer Stelle veröffentlichten

Tab. 6.38.2:
Serogruppen-Verteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2019 (n=224 mit Angabe der Serogruppe)

Erreger	Anzahl	Anteil
Serogruppe B	136	60,7 %
Serogruppe Y	41	18,3 %
Serogruppe C	27	12,1 %
Serogruppe W	18	8,0 %
Serogruppe D	1	0,4 %
cnl (»capsule null locus«)	1	0,4 %
Summe	**224**	**100,0 %**

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 196 der 256 invasiven Meningokokken-Infektionen (77 %) gemacht. Nach diesen Angaben lagen bei 117 (60 %) Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 147 (75 %) ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 68 (35 %) Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 33 (17 %) Fällen und Purpura fulminans bei 12 (6 %) Fällen angegeben.

Insgesamt 28 invasive Meningokokken-Infektionen mit Angaben hierzu (n=255) wurden als verstorben übermittelt, davon sind 25 an der gemeldeten Krankheit verstorben und 2 Erkrankte aufgrund anderer Ursache; bei einem Erkrankten war der Grund nicht bekannt. Die Letalität lag somit bei 10 % (Vorjahr: 12 %). Die Letalität bei Fällen mit der Serogruppe B lag 2019 bei 6 % (2018: 9 %), und bei Fällen mit der Serogruppe C bei 15 % (2018: 10 %). Von den Fällen mit der Serogruppe W bzw. Y starben jeweils 3 an der invasiven Meningokokken-Infektion (Letalität 17 % bzw. 7 %).

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 wird von der STIKO bislang nur für Risikopersonen empfohlen; sie kann jedoch als zugelassener Impfstoff in Anspruch genommen werden und wird von der Sächsischen Impfkommission für Kinder in Sachsen bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 6 Monaten 2 (Alter bei Erstimpfung ≥3 Monate) oder 3 (wenn Alter bei Erstimpfung 2 Monate) 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 222 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 59 Fällen (27 %) die Angabe zum Impfstatus (darunter 32 von 136 Fällen der Serogruppe B, 9 von 27 Fällen der Serogruppe C, 5 von 18 Fällen der Serogruppe W und 13 von 41 Fällen der Serogruppe Y). Auch bei 7 von 29 Fällen ohne Angabe der Serogruppe war der Impfstatus unklar.

Von den 136 übermittelten Fällen der Serogruppe B lagen für 104 Informationen zum Impfstatus vor. Für 19 von diesen wurde eine Impfung angegeben; bei 13 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen die Serogruppe C bzw. die Serogruppen ACWY, bei einem Fall um eine Impfung gegen die Serogruppe B und bei 5 weiteren Fällen konnte die Art der Impfung nicht ermittelt werden. Der Erkrankte mit der Meningokokken-B-Impfung war einmalig im Alter von etwa 6 Monaten gegen diese Serogruppe geimpft und erkrankte etwa 8 Monate nach dieser Impfung. Das Kind verstarb nicht an der Erkrankung, Risikofaktoren für eine invasive Meningokokken-Erkrankungen wurden nicht erhoben. Von den 27 Serogruppe C-Erkrankten hatten 18 eine Angabe zum Impfstatus; darunter hatte kein Erkrankter eine Meningokokken-C-Impfung erhalten. Von den 18 Serogruppe-W-Erkrankten lag für 13 eine Angabe zum Impfstatus vor, von diesen hatte keiner eine Impfung erhalten. Von den 41 Fällen der Serogrup-

pe Y hatten 28 eine mit Angabe zum Impfstatus; davon waren 23 ungeimpft, 4 Erkrankte hatten eine und ein Fall 3 Dosen einer Meningokokken-C-Impfung erhalten.

Soweit die Daten vorliegen, gab es daher im Jahr 2019 bei den übermittelten invasiven Meningokokken-Erkrankungen keine möglichen Impfdurchbrüche.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurde eine Häufung mit 5 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Es handelte sich um eine überregionale Häufung (4 Fälle aus dem LK Ebersberg; ein Fall aus dem LK München), die zwischen März und September auftrat. Ursächlich waren Meningokokken der Serogruppe C eines seltenen Feintyps. Betroffen waren 4 Jugendliche und junge Erwachsenen im Alter von 13 bis 21 Jahren und eine Person im Alter von 56 Jahren. Letztere war ein Haushaltskontakt eines der anderen Fälle, die ansonsten keinen Kontakt untereinander hatten. Sie hatte eine Chemoprophylaxe bekommen, jedoch nicht die empfohlene postexpositionelle Impfung, und erkrankte ca. 2 Monate später. Keiner der anderen 4 jüngeren Erkrankten war geimpft, trotz der geltenden STIKO-Empfehlung seit 2006. Die Häufung führte zu einer Impfkampagne für 15- bis 24-Jährige in der betroffenen Region des LK Ebersberg.

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit Angaben zur Serogruppe lag bei 88 % – und stellt damit eine Verbesserung gegenüber dem Vorjahr (81 %) dar. Es fehlten jedoch Angaben zum Impfstatus bei 31 % 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 zirkulierenden 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 2019 im Vergleich zum Vorjahr leicht ab. Eine anhaltende Abnahme ist weiterhin bei der Serogruppe C zu beobachten. Darüberhinaus gab es eine deutliche Abnahme bei der Serogruppe W, wohingegen die Fallzahl der durch die Serogruppe Y verursachten invasiven Meningokokken-Infektionen etwas anstieg. 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 13-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. Weitere Meningokokken-C-Erkrankungen könnten verhindert werden, wenn auch Jugendliche, die bisher nicht geimpft wurden, gemäß der geltenden STIKO-Empfehlung eine Meningokokken-C-Nachholimpfung erhalten würden. Dies – sowie auch der hohe Stellenwert der postexpositionellen Impfung bei Haushaltskontakten – wird eindrücklich durch den oben beschriebenen Ausbruch verdeutlicht.

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, T. L, Claus H, Vogel U: *Recurrent invasive meningococcal infections – quantifying the risk, Germany, 2002 to 2018*. Euro Surveill 2020. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.25.1900565

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, Schroten H: *Impfstoffe gegen Meningokokken für das Kindesalter*. Monatsschr Kinderheilkd 2019. doi: 10.1007/s00112-018-0635-7

Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2019)*: http://www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/berichte-meningokokken/daten-2019

Whittaker R, Dias JG, Ramliden M, et al.: *The epidemiology of invasive meningococcal disease in EU/EEA countries, 2004–2014*. Vaccine 2017. doi: 10.1016/j.vaccine.2017.03.007

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

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

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 2019 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; 2: 1613–1618.

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: 843–848.

RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.40 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **1.801**
- Seit 7 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 ausgebil-

det, 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.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.40.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 1.801 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 26 % weniger als im Vorjahr (2.433). Die Inzidenz in Deutschland betrug 2,2 Fälle pro 100.000 Einwohner und ist damit im Jahr 2019 im Vergleich zum Vorjahr (2,9) gesunken. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten.

Geografische Verteilung:

Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,7 (Baden-Württemberg) und 4,4 (Bremen) 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 10,5 Infektionen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 6,3. Insgesamt 79 % der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (2,3) auf (s. Abb. 6.40.2). Mit einer Inzidenz von 2,9 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (1,4).

Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen. Bei 13 (1 %) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 3 von diesen 13 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 1.594 der übermittelten Infektionen lagen klinische Angaben vor. Bei 1.063 (67 %) der Infektionen mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 1.172 (74 %) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 30 % der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt.

Es wurden 129 Todesfälle (7,3 % von 1.775 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion

Tab. 6.40.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.112	87 %	1.500	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	144	6 %	157	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	177	7 %	144	8 %
alle	2.433	100 %	1.801	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	**2.433**	**100 %**	**1.801**	**100 %**

Abb. 6.40.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=1.800) im Vergleich mit den Vorjahren

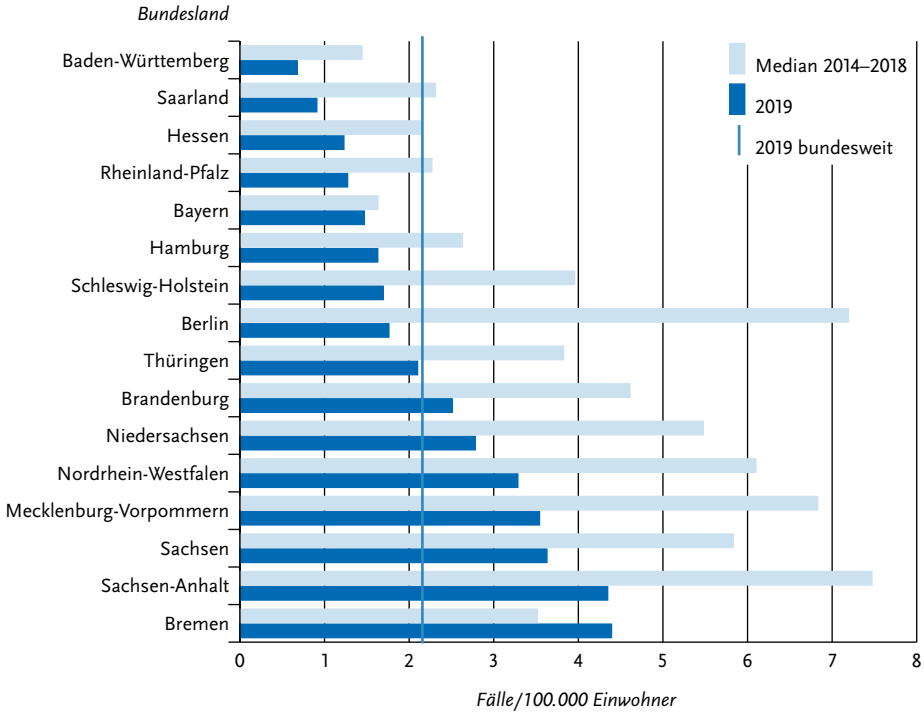
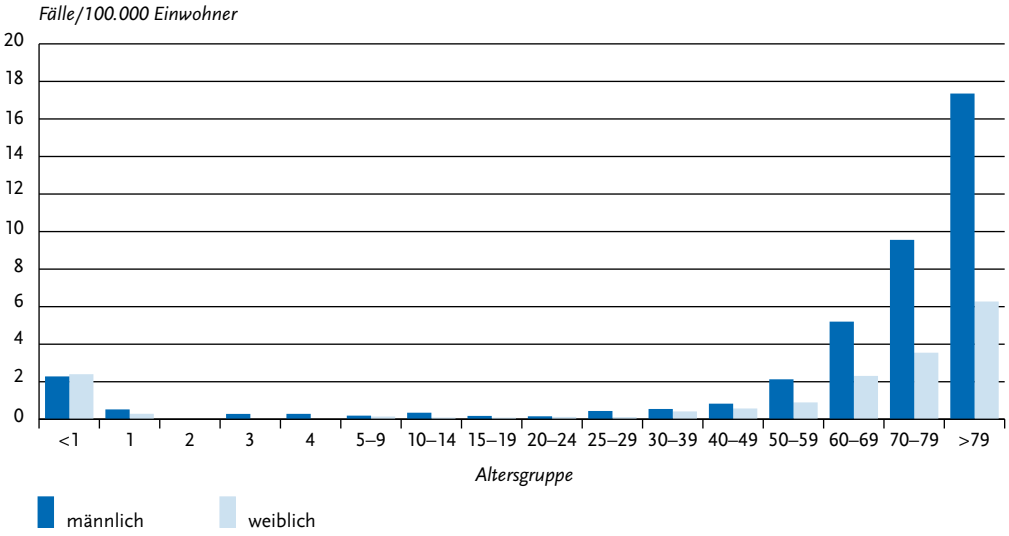


Abb. 6.40.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=1.796)



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 Nachverfolgungszeit 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 widergespiegelt 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 widergespiegelt. 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 meticillin-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. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.15.1800244

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 meticillin-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, Noll I, Eckmanns T, Werner G: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2017/2018.* Epid Bull 2019; 42: 437–442.

RKI: *Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit S. aureus und Enterokokken.* Epid Bull 2016; 22: 191–193.

6.41 Mumps

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **594**
- Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 534 bis 835 Erkrankungen
- Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- 74 % der Mumps-Erkrankten sind 15 Jahre und älter
- Nahezu jeder 10. männliche Mumps-Fall mit Orchitis
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung. Die Wirksamkeit der Impfung unterliegt jedoch einem »waning« und nimmt mit der Zeit ab.
- Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (96 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 Impfkommission (STIKO) ausgesprochen. Seit 2001 gilt die aktuell bestehende STIKO-Impfempfehlung, die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zu verabreichen, gefolgt von der 2. 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 Meldedaten 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.41.1).

Tab. 6.41.1:
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	197	28 %	183	23 %
klinisch-epidemiologisch (B)	22	3 %	27	3 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	315	45 %	384	49 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	63	9 %	69	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	107	15 %	117	15 %
alle	704	100 %	780	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	**534**	**76 %**	**594**	**76 %**

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2019 wurden 594 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Nach einem über 2 Jahre andauernden Rückgang ist die Zahl der Mumps-Erkrankungen wieder angestiegen und hat im Vergleich zum Vorjahr (534 Erkrankungen) um 11 % zugenommen. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 mit 835 Erkrankungen und das bisherige Minimum im Jahr 2018 mit 534 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten das gesamte Jahr über auf; monatlich wurden zwischen 33 bis 81 Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2019 zeigten die Mumps-Erkrankungen einen ausgeprägten saisonalen Verlauf mit einer deutlich erhöhten Fallzahl im IV. Quartal (s. Abb. 6.41.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Inzidenzen oberhalb des bundesweiten Durchschnitts wurden mit abnehmender Höhe ausschließlich in den folgenden westlichen Bundesländern bestimmt: Bayern, Bremen, Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz und in den Stadtstaaten Berlin und Hamburg (s. Abb. 6.41.2). Einen deutlichen Rückgang der Inzidenz um ≥50 % im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man in Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, dem Saarland und Sachsen-Anhalt. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 328 Erkrankungen vor (insgesamt 336 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 285 von 336 (85 %) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben.

Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 5- bis 9-Jährigen (1,7 Erkr./100.000 Einw.) und bei den 15- bis 19-Jährigen (1,3) verzeichnet. Die Inzidenz geht bei den höheren Altersgruppen nahezu kontinuierlich zurück und betrug bei den über 30-jährigen Erwachsenen fortlaufend < 1 Erkr./100.000 Einw. Nahezu drei Viertel (74 %) 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). Die Mumps-Inzidenz in Deutschland ist bei Mädchen und Frauen etwas geringer als bei Jungen und Männern (0,6 und 0,8). Deutliche geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden bei den unter 25-Jährigen. Hier lag mit 1,6 Erkr./100.000 Einw. die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung deutlich über der der weiblichen (1,1).

Abb. 6.41.1:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2019

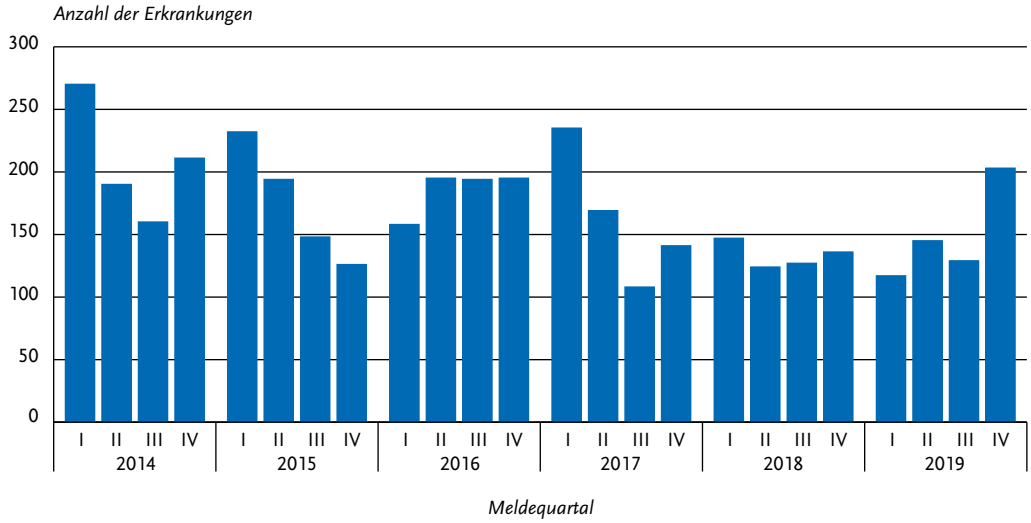


Abb. 6.41.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=594)

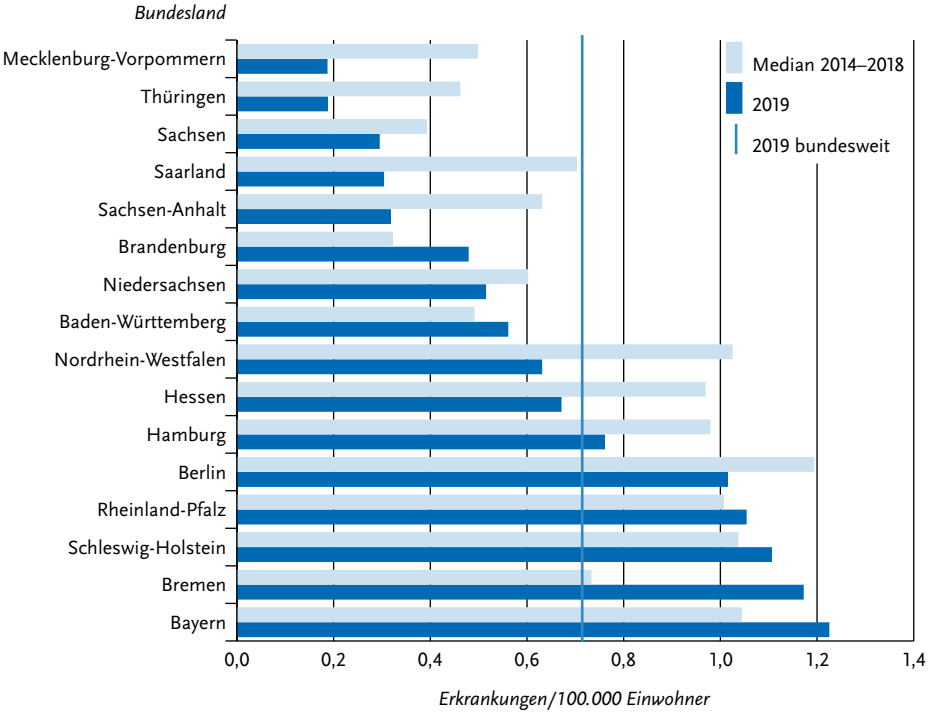
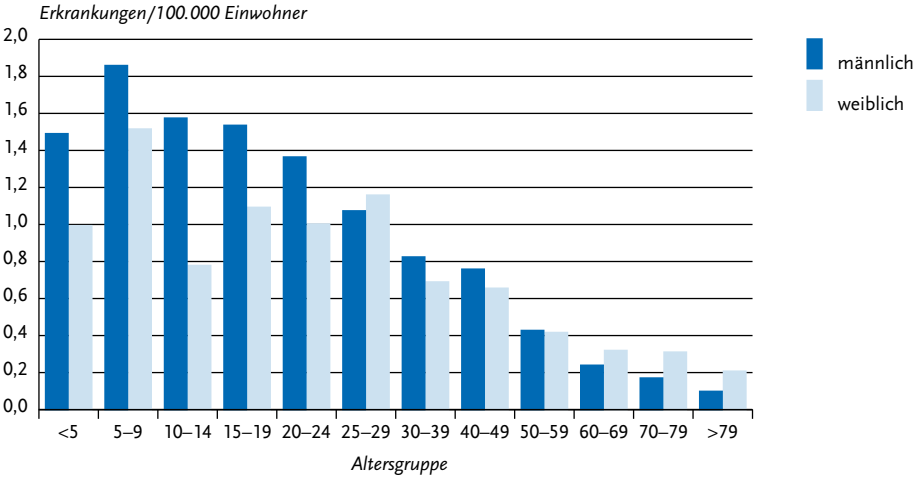


Abb. 6.41.3:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=590)



Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 568 (96 %) Erkrankungen angegeben. 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 223-mal (38 %), Orchitis 27-mal (8,4 % der Jungen und Männer), Pankreatitis 9-mal (1,5 %), Hörverlust 8-mal (1,3 %), Enzephalitis 4-mal (0,7 %) und Meningitis 2-mal (0,3 %).

Im Jahr 2019 wurde kein Mumps-assoziierter 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 1. 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. Wird die Mumps-Impfung im Erwachsenenalter nachgeholt, ist eine einmalige Impfung ausreichend. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung 78 % (95 %-Konfidenzintervall (KI) 49–92) und nach einer 2-maligen Impfung 88 % (95 %-KI 66–95).

Von den 594 übermittelten an Mumps Erkrankten war der Impfstatus bei 483 (81 %) bekannt. Von diesen wurden 215 (45 %) als geimpft und 268 (55 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.41.4). Bei 131 der 215 (61 %) geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: Es wurden davon 36 Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet; (i) 20 Erkrankte die zum Zeitpunkt der Erkrankung <18 Jahre alt waren und nur einmal geimpft waren, (ii) 14 Erkrankte im Alter ≥18 Jahre, die ebenfalls nur einmal geimpft waren und bei denen die Impfung im Kindesalter erfolgt war und (iii) zwei 2-malig geimpfte Erkrankte im Alter <18 Jahren, bei denen der Abstand zwischen Erkrankungsbeginn und 2. Impfung kleiner als 21 Tage war.

Es wurden 96 Mumps-Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung als »ausreichend geimpft« beurteilt. Darunter waren (iv) 4 Erkrankte, die 3-mal gegen Mumps geimpft worden waren, (v) 55 Mumps-Erkrankte im Alter <18 Jahren, die 2-mal geimpft worden waren und bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung >21 Tage betragen hat, (vi) 36 Mumps-Erkrankte im Alter ≥18 Jahre, die 2-mal geimpft worden waren, bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung >21 Tage betrug und (vii) ein Erkrankter im Alter ≥18 Jahre mit einer Impfung im Erwachsenenalter und ausreichendem Impfabstand. Bei den 96 Mumps-Erkrankten, die gemäß den Angaben zum Impfstatus als ausreichend geimpft eingestuft worden sind, muss von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden. Der Großteil der 2-mal oder mehr Geimpften, bei denen Angaben zum Alter bei Impfung vorlagen (86 von 96; 90 %), war zum Zeitpunkt der letzten Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mittel lag die letzte Impfung der als ausreichend geimpft eingestuften Erkrankten unabhängig von der Anzahl der erhaltenen Impfungen etwa 10,7 Jahre zurück (Median: 8,5 Jahre).

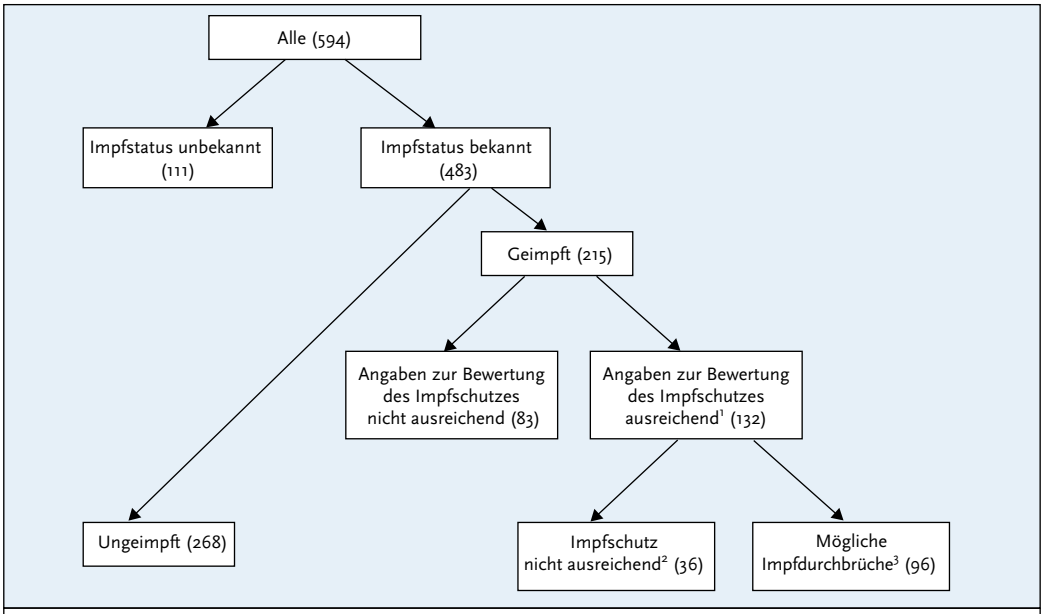
Ausbrüche

Es wurden 19 Ausbrüche mit insgesamt 64 Fällen übermittelt, dies entspricht etwa 11 % der übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (16) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den Ausbrüchen mit ≥ 5 Fällen waren ein Ausbruch mit 10 Schülern im Alter von 15 bis 21 Jahren und einem Betreuer in einem Internat, ein Ausbruch mit 8 Männern einer Fußballmannschaft im Alter von 19 bis 34 Jahren und ein Ausbruch mit 5 Studenten im Alter von 18 bis 24 Jahren an einer Universität.

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 (Falldefinitionskategorie D; 9 %) oder unbekanntem (Falldefinitionskategorie E; 15 %) klinischen Bild die Referenzdefinition nicht erfül-

Abb. 6.41.4:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=594)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung, ggf. Alter bei Impfung und Abstand zwischen Impfung und Erkrankung.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 21 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Mumps-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

len. 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 Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 11 % auch 2019 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 Nationales Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 594 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer mittleren Fallzahl zwischen 500 und 1.000 Fällen. Es fällt auf, dass die Inzidenzen in den östlichen Bundesländern mit Ausnahme Berlins alle im unteren Bereich unterhalb des Bundesdurchschnitts liegen. Dies könnte Ausdruck der höheren Impfquoten in diesen Regionen sein. Bedenklich ist die hohe Anzahl (n=95) 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

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

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

6.42 Norovirus-Gastroenteritis

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **78.665**
- Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbestätigter Erkankungen
- Ausgeprägte Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten
- Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 473 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.42.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden dem RKI 78.665 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (1 % mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 95 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (94 Erkr./100.000 Einw.) nahezu konstant geblieben und liegt weiterhin unter dem Median der letzten 5 Jahre (103 Erkr./100.000 Einw.).

Tab. 6.42.1:
Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	77.636	87 %	78.665	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.412	2 %	1.481	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10.560	12 %	10.790	12 %
alle	89.608	100 %	90.936	100 %
Referenzdefinition (C)	**77.636**	**87 %**	**78.665**	**87 %**

Auch im Jahr 2019 war eine deutliche Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten zu verzeichnen. Die höchste wöchentliche Fallzahl im Jahr 2019 wurde mit 3.273 Erkrankungen in der 5. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 25. Meldewoche mit 501 Erkrankungen (s. Abb. 6.42.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Sachsen-Anhalt (211 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (199), Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern (je 197) sowie Brandenburg (152) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Bremen (49), Baden-Württemberg (52), Schleswig-Holstein (63), Hessen (71) und Bayern (76) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.42.2).

Bei 46.006 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (46.047 Nennungen, Mehrfachnennungen 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 (982 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Neben den Kindern ist auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (300 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.42.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 14 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei den über 14-jährigen Kindern und Erwachsenen mit Ausnahme der 60- bis 79-Jährigen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (101), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (87) (s. Abb. 6.42.3).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 35 Norovirus-Erkrankungen übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,05 % (Vorjahr: 0,04 %).

Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen

Abb. 6.42.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2014 bis 2019

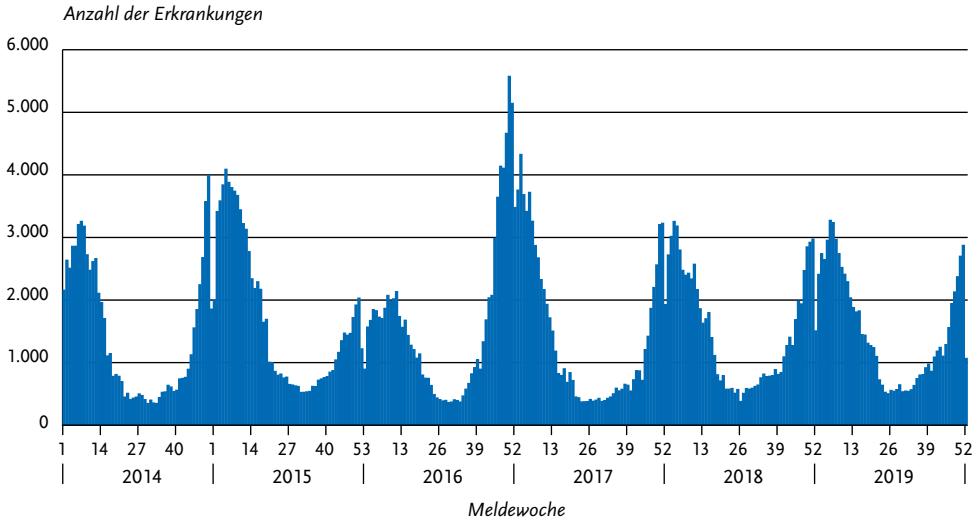


Abb. 6.42.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=78.651) im Vergleich mit den Vorjahren

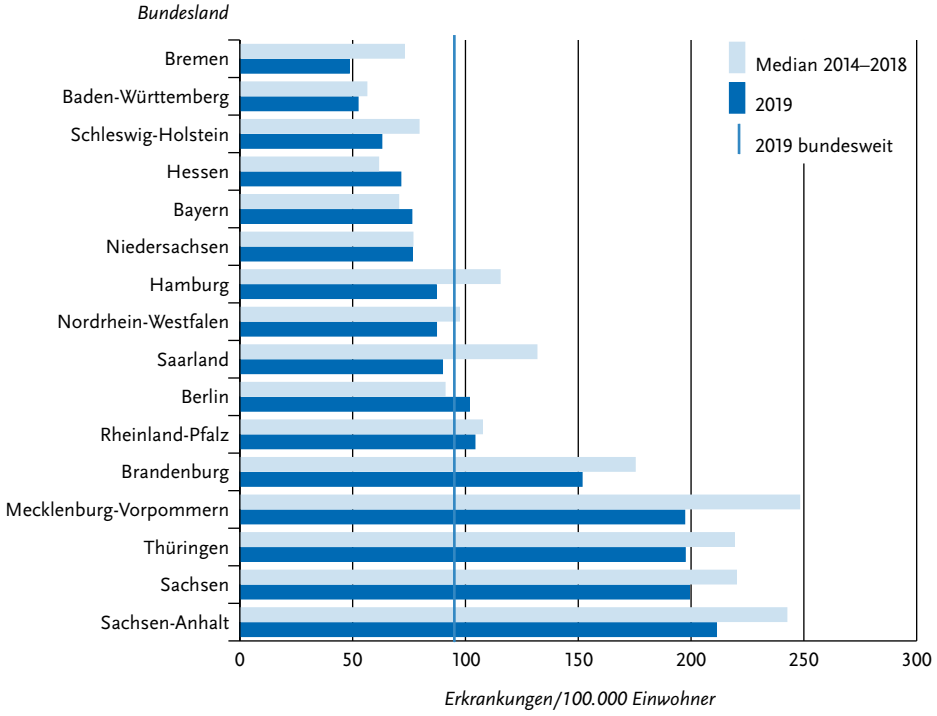
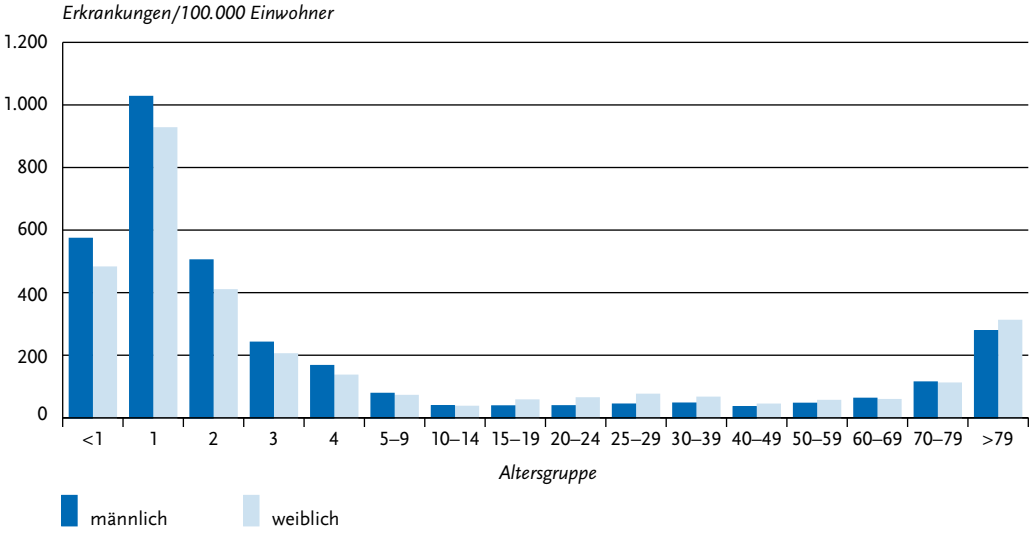


Abb. 6.42.3:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=77.756)



nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 15.735 (20 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.611 höher als im Vorjahr (2018: 3.279). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 5. Meldewoche 2019 übermittelt (182), die niedrigste in der 26. und 27. Meldewoche (je 11) (s. Abb. 6.42.4).

Für 3.212 Ausbrüche (89 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (37 %), Alten- und Pflegeheime (22 %), Kinderbetreuungseinrichtungen (17 %) sowie private Haushalte (10 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche des Jahres 2019 wurden in 5 % Viren der Genogruppe GI als auslösendes Agens identifiziert. Viren der Genogruppe GII wurden in 5 %, rekombinante Viren hingegen in 90 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig steigt, im Vergleich zum Vorjahr (84 %) im Jahr 2019 weiter gestiegen.

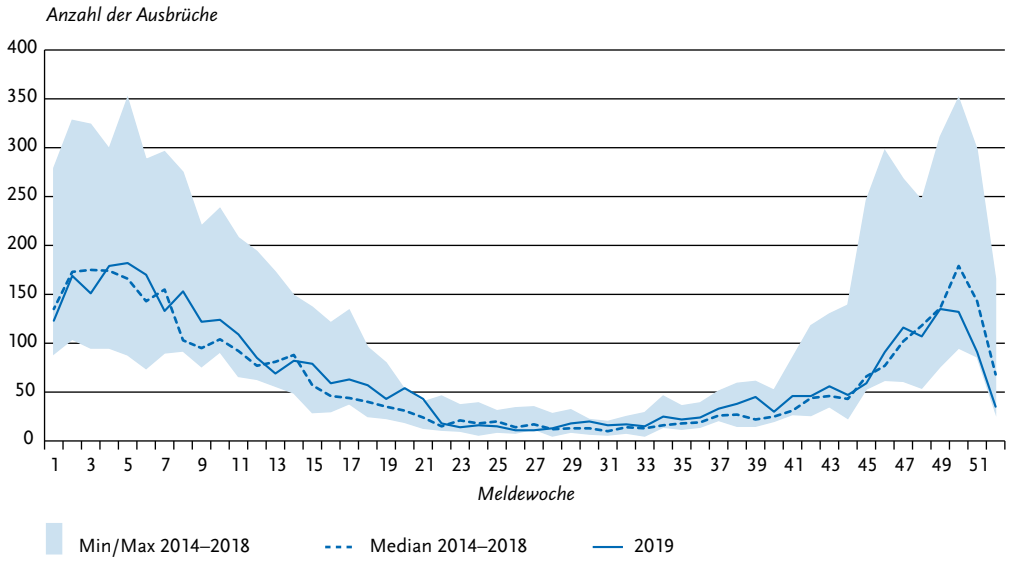
Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante (GII.P16-GII.4 Sydney) war für 41 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigste nachgewiesene Norovirus-Variante.

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 Ausbruchssetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von

Abb. 6.42.4:
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2019 (n=3.611) im Vergleich mit den Vorjahren



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 2019 etwa auf Vorjahresniveau.

Literaturhinweise

Niendorf S, Faber M, Tröger A, Noack C, Jacobsen S: *Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019*. Epid Bull 2020; 24:3–9.

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

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: *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-Sulzbach, 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 *Chlamydophila psittaci* bezeichnet) verursacht. Der in Vogelexkrementen und -sekreten lange überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch wurde beschrieben, kommt jedoch nur 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 Entzündungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

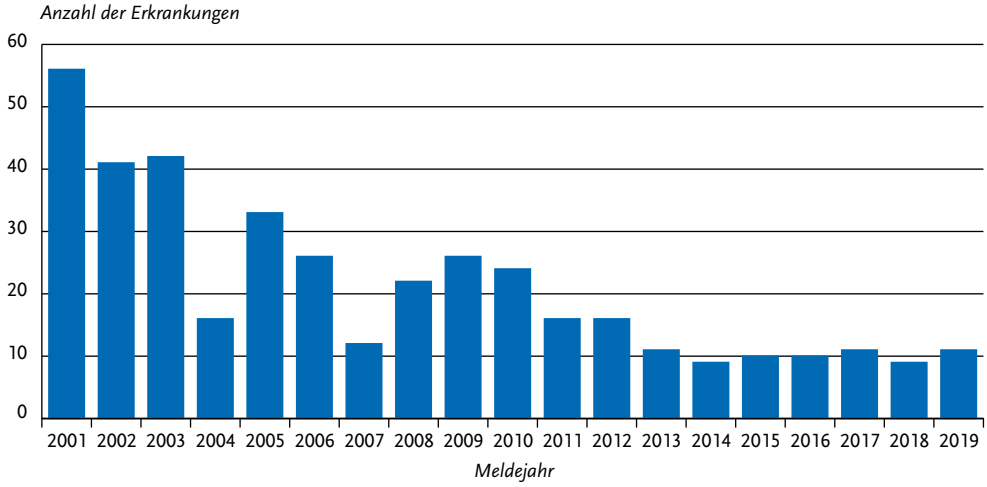
Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 wurden 11 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, aus Baden-Württemberg und Brandenburg jeweils 2 Erkrankungen und aus Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Sachsen jeweils eine Erkrankung. Für 8 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben, zu den restlichen 3 Erkrankungen liegen keine Angaben vor.

Die erkrankten Personen waren zwischen 15 und 83 Jahre alt (Median: 51 Jahre). Unter den Erkrankten waren 4 Frauen und 7 Männer. Bei 8 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert, bei den übrigen 3 Erkrankten wurden grippale Symptome (Kopfschmerzen, Husten) übermittelt. Sieben Erkrankte wurden hospitalisiert, keine Person ist krankheitsbedingt verstorben.

Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen wurde von 6 Erkrankten berichtet, ein Erkrankter gab einen möglichen Kontakt an, 3 Erkrankte verneinten Kontakt und zu einem Erkrankungsfall liegen keine Angaben vor. Zu den 6 Erkrankten mit bestätigtem Vogelkontakt wurden folgende, nähere Angaben gemacht: Drei Personen betrieben eine private Vogelzucht (Papa-

Abb. 6.43.1:
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



geien, Sittiche, Tauben), 2 Personen hatten im privaten Umfeld Kontakt zu Vögeln und eine Person hielt Vögel (Zwergpapageien). Ein Erkrankter gab möglichen Kontakt zu Taubenkot an. Ein vermuteter Ornithose-Ausbruch mit 2 Erkrankten konnte wegen dem Nichterfüllen der klinischen Kriterien einer der beiden erkrankten Personen nicht bestätigt werden.

Literaturhinweise

Hogerwerf L, Roof I, de Jong MJK, Dijkstra F, van der Hoek W: *Animal sources for zoonotic transmission of psittacosis: a systematic review*. BMC Infect Dis 2020. doi: 10.1186/s12879-020-4918-y

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 Chlamydophila 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 2019 wurden 36 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.44.1); gegenüber dem Vorjahr (30 Erkrankungen) ist dies ein Anstieg um 20 %, die Anzahl entspricht aber dem Median der letzten 5 Jahre. 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 2019 wie in den Vorjahren unter 0,1.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2019 in 11 Bundesländern registriert. Die meisten Erkrankungen wurden dabei aus Bayern und Nordrhein-Westfalen (je 7 Erkrankungen) sowie Hamburg und Berlin (je 4) übermittelt. Die Mehrzahl der Erkrankungen war reiseassoziiert. Für 34 Erkrankungen lagen insgesamt 35 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) vor; 89 % der Nennungen betrafen nicht-deutsche Infektionsländer. Am häufigsten wurde Indien (13 Nennungen) angegeben, gefolgt von Indonesien, Kambodscha, Myanmar, Pakistan und Peru (je 2), sowie Senegal, Singapur, und Thailand (je eine Nennung). Fünfmal wurde keine Angabe gemacht. Bei 4 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Es ist nicht geklärt, ob es sich bei den 4 Erkrankungen mit Infektionsland Deutschland um sekundäre Infektionen in Folge importierter Erkrankungen handelt.

Ein großer Teil der Erkrankungen (36 %) trat in der Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen auf; unter den Erkrankten waren Frauen (47 %) und Männer (53 %) fast gleich vertreten.

Informationen zum Serotyp lagen bei allen Erkrankungen vor. Die Serotypen verteilen sich zu 75 % auf *S.* Paratyphi A, 17 % *S.* Paratyphi B und 3 % auf *S.* Paratyphi C; zweimal (6 %) wurde nicht weiter differenziert und nur *S.* Paratyphi angegeben. Wie in den Vorjahren wurde auch 2019 Serotyp A überwiegend aus Asien importiert. Bei den 4 Erkrankungen ohne Reiseanamnese (Infektionsland Deutschland) waren jeweils 2 Serotyp A und 2 Serotyp B zuzuordnen.

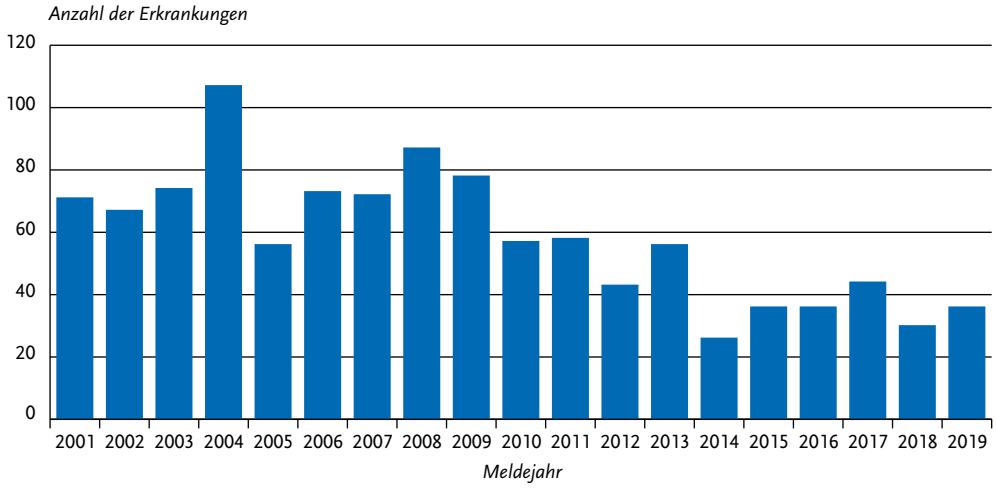
Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2019 nicht übermittelt.

Literaturhinweise

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, Faber M, Pörtner K, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019.* Epid Bull 2020; 50.

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

Abb. 6.44.1:
Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



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, Garchitorena 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 2019 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

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Diedrich S, Böttcher S: Weltpoliotag 2019: *Hohes Risiko der internationalen Verbreitung von Polioviren*. Epid Bull 2019; 43: 447–452.

RKI-Ratgeber (2015). www. rki.de/ratgeber

6.47 Q-Fieber

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **150**
- Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 61 % gestiegen, jedoch deutlich unter Median der letzten 5 Jahre
- Häufigstes Infektionsland ist Deutschland

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 erregerbelasteten 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 Krankheitsschwere gefürchtet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.47.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden insgesamt 150 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (93) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 61 % gestiegen (s. Abb. 6.47.1), liegt aber deutlich unter dem Median der letzten 5 Jahre (262).

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Brandenburg, Bremen und Mecklenburg-Vorpommern sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden dabei in Baden-Württemberg (0,9 Erkr./100.000 Einw.), dem Saarland (0,3) und Hessen (0,2) verzeichnet.

Für 122 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (81 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt. Bei 109 Erkrankungen (89 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 30- bis 39-jährigen und den 50- bis 59-jährigen Männern (0,4 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Bei den unter 15-Jährigen wurden 3 Erkrankungen übermittelt.

Wie in den Vorjahren waren Männer (91 Erkrankungen) deutlich stärker betroffen als Frauen (59 Erkrankungen) (s. Abb. 6.47.2).

Tab. 6.47.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	3 %	2	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	90	78 %	148	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	4 %	7	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	17	15 %	10	6 %
alle	115	100 %	167	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**93**	**81 %**	**150**	**90 %**

Abb. 6.47.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

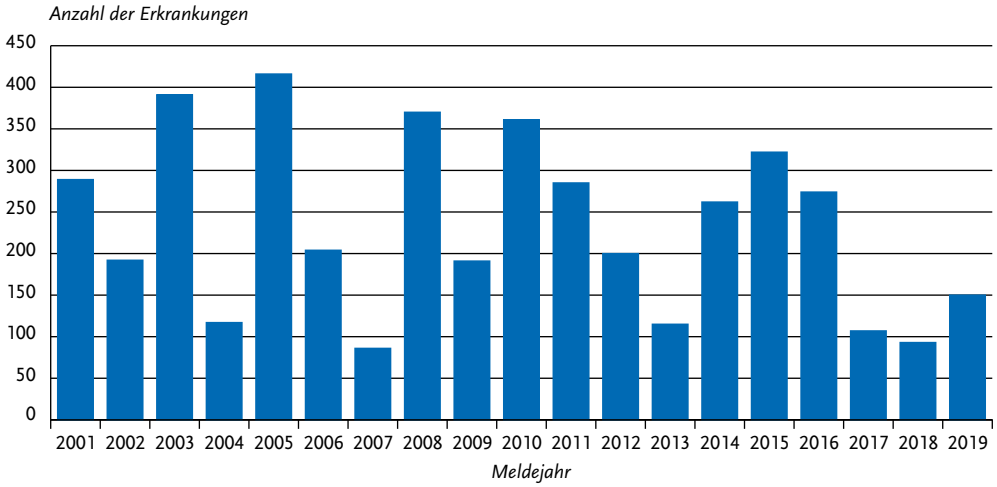
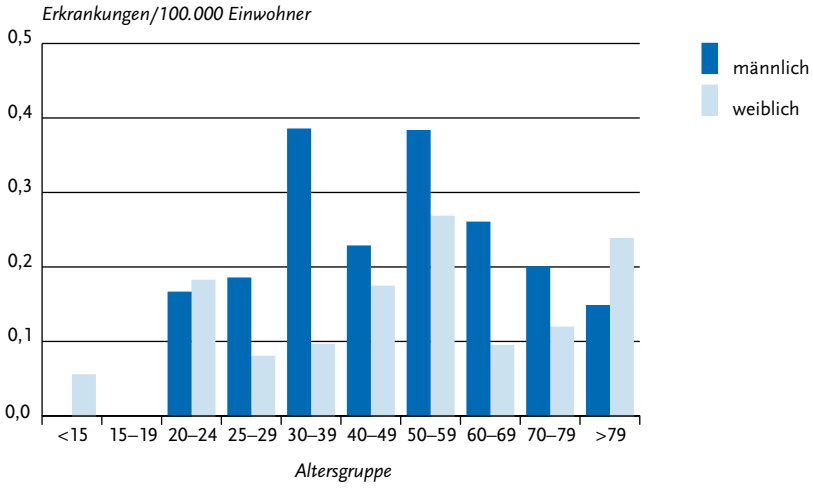


Abb. 6.47.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=150)



Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 369 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 89 % aller Erkrankungen) und Fieber (bei 83 % aller Erkrankungen). Bei 77 Erkrankungen (51 %) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurden keine Todesfälle im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 2 Ausbrüche mit 5 und 64 Erkrankungen aus Baden-Württemberg übermittelt. Der Anteil der Q-Fieber-Erkrankungen, die 2019 im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt wurden, war mit 46 % höher als in 2018.

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 204 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. doi: 10.3201/eid2307.161693

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

6.48 Rotavirus-Gastroenteritis

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **36.874**
- Im Vergleich zum Vorjahr stiegen die Erkrankungszahlen um 56% an bei weiterhin insgesamt rückläufigem Trend seit 2008
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- 1.385 Ausbrüche mit 12.299 Erkrankungen
- Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Daneben erkranken Personen > 69 Jahren häufiger an einer Rotavirus-Gastroenteritis als Erwachsene ≤ 69 Jahren. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektionen, 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.48.1).

Tab. 6.48.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.363	17 %	8.512	21 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	19.243	73 %	28.362	70 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	369	1 %	499	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.226	8 %	3.265	8 %
alle	26.201	100 %	40.638	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**23.606**	**90 %**	**36.874**	**91 %**

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2019 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis und der *Campylobacter*-Enteritis. Im Vergleich zum Vorjahr sind die Fallzahlen angestiegen. Jedoch sind sie weiterhin niedriger als in den Jahren vor Einführung der STIKO-Impfempfehlung für eine Rotavirusschluckimpfung für Säuglinge (2013). Somit setzt sich insgesamt der seit 2008 beobachtete rückläufige Trend der Fallzahlen fort (s. Abb. 6.48.1). Wie in anderen Ländern nach Einführung der Impfempfehlung für die Rotavirusimpfung bereits beschrieben, scheint das Auftreten von Rotavirus-Gastroenteritiden einem 2-jährlichen Muster zu folgen. Einem Saisonjahr mit niedrigen Fallzahlen folgt zumeist ein Saisonjahr mit deutlich höheren Fallzahlen. Die für Deutschland übermittelten Fallzahlen scheinen ebenfalls darauf hinzuweisen.

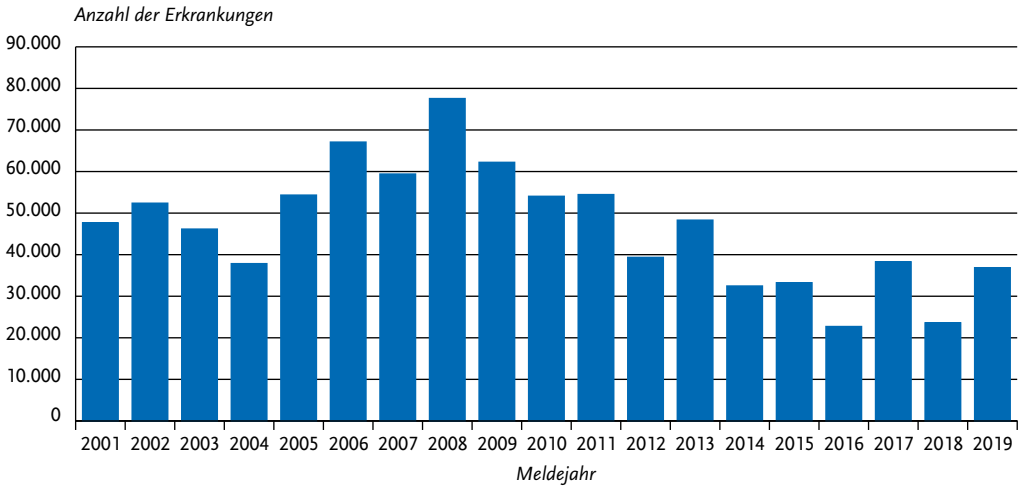
Die Zahl der Erkrankungen (36.874) nahm 2019 im Vergleich zum Vorjahr (23.606) um 56 % zu. Damit liegen die Erkrankungszahlen zwar unterhalb der Zahlen der Jahre 2013 (48.312) und 2017 (38.285) jedoch oberhalb der übermittelten Erkrankungszahlen der Jahre 2014 (32.470), 2015 (33.250) und 2016 (22.724), dem Jahr mit der bundesweit niedrigsten Inzidenz seit Inkrafttreten des IfSG im Jahr 2001 (s. Abb. 6.48.1).

Eine kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden zeigte sich ab der ersten Januarwoche 2019. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2019 im April. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.930 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief mit Erkrankungszahlen um 200 Fälle/Woche begann in der 32. Meldewoche. Einen Anstieg der Erkrankungszahlen als Beginn der nächsten Rotavirus-Saison zeigt sich bis zum Ende 2019 nicht. Somit scheint sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison in das folgende neue Kalenderjahr zu verschieben.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 44 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit oberhalb des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (40 Erkr./100.000 Einw.). Deutliche Inzidenzzuwächse im Vergleich zum Bundesland-spezifischen Median der Vorjahre von mehr als 10 Erkrankungen/100.000 Einwohner wurden in den Bundesländern Brandenburg, Berlin, Hamburg, Niedersachsen und Schleswig-Holstein beobachtet. In den übrigen Bundesländern hat sich die Inzidenz im Vergleich mit der der Vorjahre nur gering verändert. Im Jahr 2019 ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr

Abb. 6.48.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



2018 in allen Bundesländern bis auf Thüringen und Sachsen angestiegen. Besonders ausgeprägt war der Anstieg in Brandenburg, Niedersachsen, Berlin und dem Saarland, wo sich die Inzidenzen mehr als verdoppelt haben. Die Inzidenzen lagen in den ostdeutschen Flächenbundesländern mit Werten zwischen 93 und 155 Erkr./100.000 Einw. erheblich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin mit Werten zwischen 14 und 84 Erkr./ 100.000 Einw.) (s. Abb. 6.48.2).

Bei 21.460 (58 %) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 99 % der Nennungen Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 29 % der Erkrankungen betrafen Kinder <5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde wie im vergangenen Jahr bei einjährigen Kindern (364 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. Im Jahr 2019 lag die Inzidenz in der Altersgruppe der >79-jährigen Personen bei 156 Erkr./100.000 Einw., insgesamt wurden 8.419 (23 %) Erkrankungen in dieser Altersgruppe übermittelt.

Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz in allen Altersgruppen zu. Besonders deutlich war der jährliche Inzidenzzuwachs bei den >79-Jährigen (+81 Erkrankungen/100.000), den 2-Jährigen (+70 Erkr./100.000) und den Einjährigen (+77 Erkr./100.000). Es fällt auf, dass im Säuglingsalter das männliche Geschlecht etwas häufiger betroffen ist als das weibliche, während sich die Situation im

Abb. 6.48.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=36.872) im Vergleich mit den Vorjahren

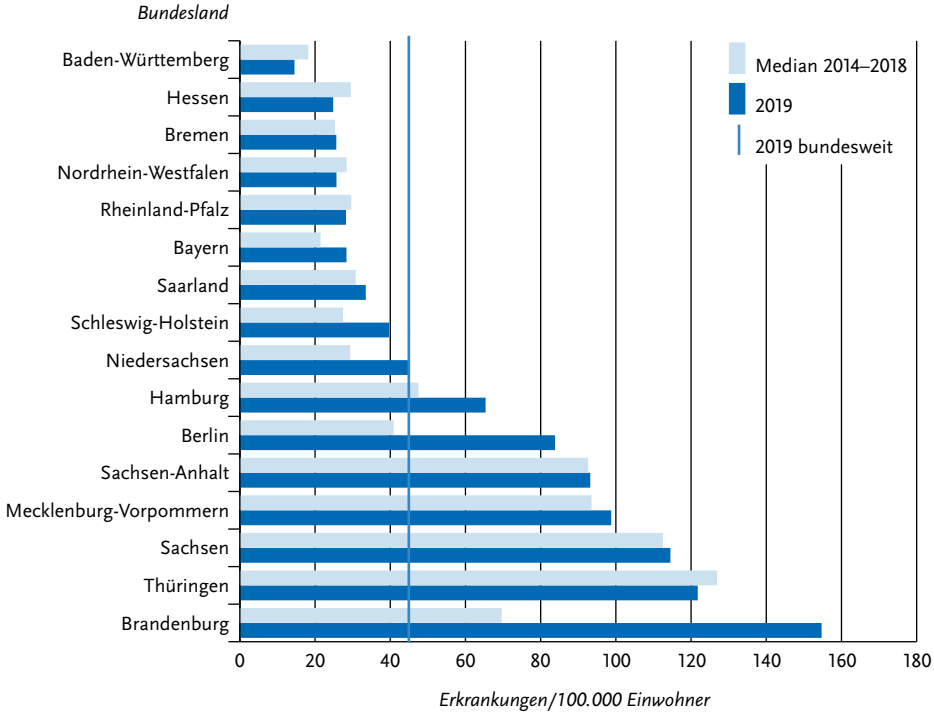
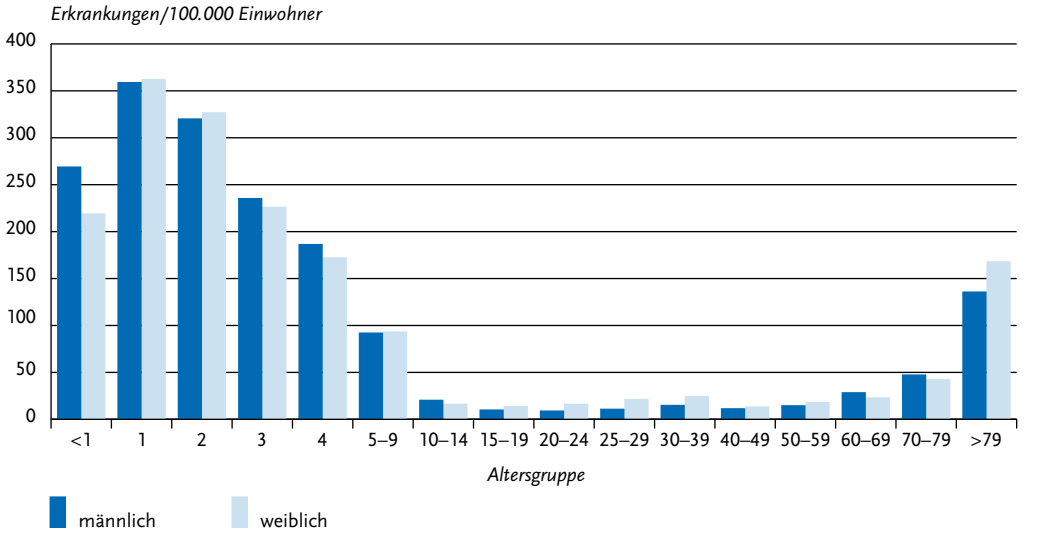


Abb. 6.48.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=36.366)



Alter zwischen 15 und 59 Jahren sowie im Alter >79 Jahren wendet und eher das weibliche Geschlecht betroffen ist.

Klinische Aspekte

Bei 32.844 Erkrankungen (89 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 16.201 Erkrankungen (49 %) wurde ein solcher bejaht. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war in den Altersgruppen der <15-Jährigen (56 %) und der >69-Jährigen (55 %) am höchsten und war bei den 20- bis 49-Jährigen mit 25 % am niedrigsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99 % der Erkrankungen vor. Es wurden 24 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 54 und 105 Jahren. Im Median waren die Verstorbenen 84 Jahre alt. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,07 %.

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 verabreicht 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 <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.

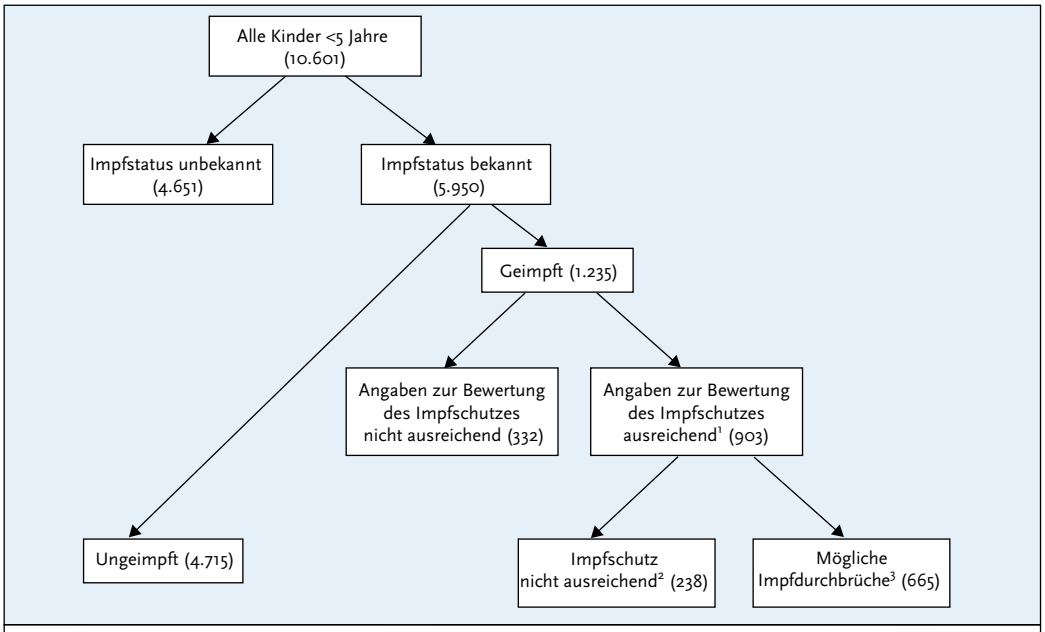
Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2018 basierend auf der Auswertung von

Daten zu verkauften Rotavirus-Impfstoffdosen der INSIGHT Health Datenbank (www.insight-health.de/) betrug 80 %.

Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter < 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von < 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 10.601 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 5.950 (56 %) bekannt. Von diesen wurden 1.235 (21 %) Kinder als geimpft und 4.715 (79 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.48.4). Von den geimpften Kindern waren bei 903 (73 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen < 9 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der anzunehmende Impfschutz bewertet werden konnte. Von diesen 903 Kindern waren 665 (74 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 665 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 405 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung, 212 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung und 48 Erkrankungen nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates. Die Diagnose war bei 90 % der 903 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 665 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 49 (7 %) unter einem Jahr, 196 (29 %) ein Jahr, 205 (31 %) 2 Jahre, 128 (19 %) 3 Jahre und 87 (13 %) 4 Jahre alt;

Abb. 6.48.4:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=10.601)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Rotavirus-Gastroenteritis diagnostiziert worden ist.

247 (37 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 6 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 1.385 Ausbrüche mit insgesamt 12.299 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.48.2). Die Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zu der des Vorjahrs (734 Ausbrüche) um 89 % gestiegen. Insgesamt sind 33 % aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 722 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.878 Erkrankungen) und 663 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 10.421 Erkrankungen) auf. Für 90 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 38 % dieser Ausbrüche in Pflege- und Altenheimen, 32 % in Kindergärten und 16 % in Krankenhäusern.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betrifft vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter < 5 Jahren. Höhere Inzidenzen waren auch bei Personen > 69 Jahren zu beobachten; in dieser Altersgruppe verstarben auch vereinzelt Personen an einer Rotavirus-Gastroenteritis. Im Jahr 2019 konnte eine Häufung verschiedener Rotavirus-Stämme des Genotyps G2P[4] beobachtet werden, der Anteil bei Personen > 69 Jahren war besonders hoch. Bei älteren Personen und in Ausbrüchen mit Erwachsenen wurden auch in der Vergangenheit gehäuft Rotavirus-Stämme mit diesem Genotyp gefunden. Die Daten verschiedener Studien legen eine schwächere oder nachlassende Immunität gegenüber G2P[4] bei Erwachsenen nahe, die genauen Ursachen sind jedoch unklar. Obwohl die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis insgesamt sehr gering ist, ist die Krankheitslast in Anbetracht der hohen, überwiegend krankheitsbedingten Hospitalisierungsrate beträchtlich. Im Vergleich zum Vorjahr stiegen die Erkrankungszahlen von Rotavirus-Gastroenteritiden an, wobei sie jedoch weiterhin unter dem Niveau der Erkrankungszahlen in den Jahren vor Einführung der STIKO-Impfempfehlung für die Rotavirusimpfung von Säuglingen liegen. Wie bereits international beschrieben, scheinen die Erkrankungszahlen einem 2-jährlichen Muster zu folgen. Einem Jahr mit geringen Erkrankungszahlen folgt ein Jahr mit höheren Erkrankungszahlen. Inwiefern sich dieser Trend fortsetzt, muss abgewartet werden.

Literaturhinweise

Marquis A, Koch J: *Impact of routine rotavirus vaccination in Germany: evaluation five years after its introduction*. Pediatr Infect Dis 2020; 39: e109–e116.

Verberk J, Pijnacker R, Bruijning-Verhagen P, et al.: *Biennial Pattern of Rotavirus Gastroenteritis in The Netherlands and a Shifting Age DistributionAfter a Low Rotavirus Season, 2010–2016*. Pediatr Infect Dis J; 37: e248–e250.

Koch J, Harder T, von Kries R, Wichmann O: *Risk of intussusception after Rotavirus vaccination*. Dtsch Arztebl Int 2017; 114: 255–262.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

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

Tab. 6.48.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2018 und 2019

	2018		2019	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	394	998	722	1.878
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	340	5.251	663	10.421
Alle Ausbrüche	**734**	**6.249**	**1.385**	**12.299**

6.49 Röteln

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **18**
- Keine konnatale Röteln-Infektion
- Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labordiagnostisch mit einer PCR bestätigt werden
- Inzidenz 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- Im Jahr 2019 Übermittlung eines Ausbruchs
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

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 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 36 Monate durch eine hohe Qualität der Surveillance bewiesen werden kann.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß IfSG eine bundesweite namentliche Meldepflicht der Röteln für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Röteln-Infektionen bundesweit nichtnamentlich an das RKI zu melden.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 149 im Jahr 2019 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 18 (12 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.49.1).

Die Falldefinition veränderte sich im Jahr 2015: Mütter von Neugeborenen mit Röteln-Embryopathie werden nun als klinisch-epidemiologische Fälle erfasst, auch wenn sie selbst keine weiteren klinischen Kriterien für die Röteln aufwiesen oder aufweisen und bei ihnen kein labordiagnostischer Nachweis vorliegt; darüber hinaus kam zu den labordiagnostischen Nachweisen der Antigennachweis hinzu.

Zeitlicher Verlauf

Monatlich wurden 0 bis 5 Röteln-Erkrankungen an das RKI übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen ist im Vergleich zum Jahr 2017 (n=19) und zum Jahr 2018 (n=16) weitgehend konstant.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz von 0,1 Erkr./100.000 Einw.

In Nordrhein-Westfalen wurden 7 Erkrankungen erfasst. Aus Berlin wurden 3, aus Bayern und Niedersachsen jeweils 2 Erkrankungen übermittelt. Je ein Fall wurde in Hamburg und Hessen, im Saarland und in Schleswig-Holstein erfasst. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 12 Erkrankungen vor. Nach diesen Angaben erwarben 11 der Erkrankten die Infektion in Deutschland und einer in Vietnam.

Tab. 6.49.1:
Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	42	26 %	40	27 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	3	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	16	10 %	15	10 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	56	34 %	42	28 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	50	30 %	49	33 %
alle	164	100 %	149	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**16**	**10 %**	**18**	**12 %**

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppen der 0- bis 9-Jährigen wurden 4 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 13 Röteln-Erkrankungen erfasst.

Im Jahr 2019 waren mit 11 Erkrankungen mehr Jungen bzw. Männer von Röteln betroffen als Mädchen bzw. Frauen mit 7 Erkrankungen. Fünf der weiblichen Erkrankten waren im Alter zwischen 15 und 49 Jahre alt.

Klinische Aspekte

Für alle 18 an Röteln erkrankte Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei 17 trat ein Exanthem auf, Lymphknotenschwellungen wurden bei 15 der Erkrankungen angegeben. Bei 3 der Erkrankungen traten Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) auf. Bei einem Fall wurde eine Fehlgeburt ohne weitere Röteln-spezifische Symptome jedoch mit positiver Serologie mit einer akuten Röteln-Infektion in Verbindung gebracht. Vier Erkrankte waren aufgrund der Erkrankung hospitalisiert. Dabei handelte es sich um Personen im Alter zwischen 26 und 49 Jahren. Röteln-assoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2019 nicht berichtet.

Impfstatus

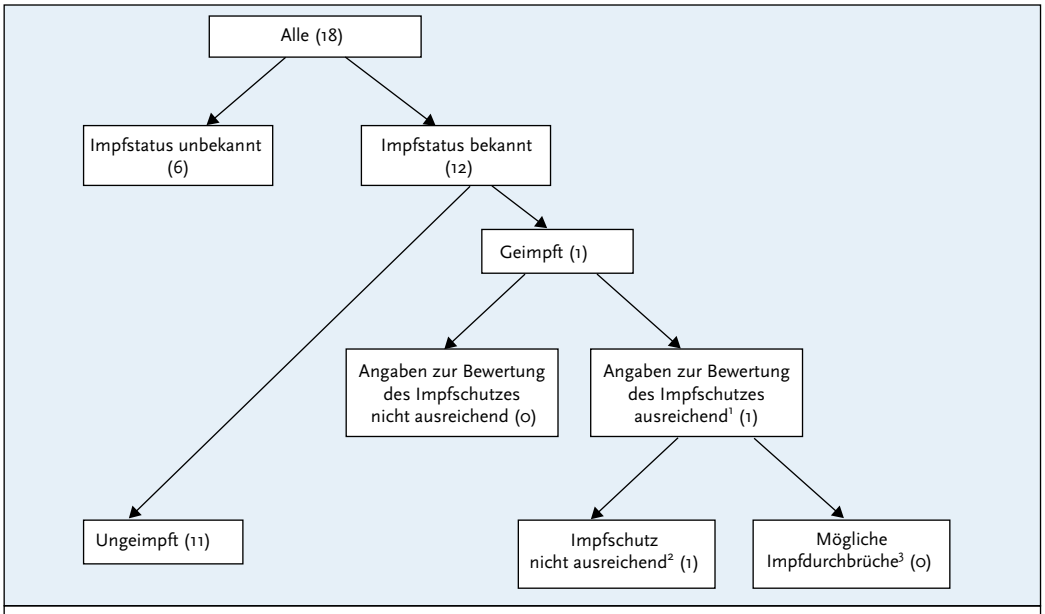
Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines Röteln-haltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Bereits nach der 1. Impfung entwickeln über 95 % der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, 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 aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 18 Erkrankungen im Jahr 2019 wurde ein Erkrankter als geimpft und 11 als ungeimpft übermittelt; bei 6 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.49.1). Die geimpfte Person hatte vor rund 16 Jahren eine einmalige Impfdosis erhalten. Es wurden in 2 aufeinanderfolgenden Proben steigende Röteln-IgG-Titer nachgewiesen. Eine PCR nach Abstrich wurde nicht durchgeführt.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurde ein Ausbruch mit 2 Fällen übermittelt.

Abb. 6.49.1:
Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=18)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Röteln-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

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 ggf. in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.49.1). Darüber hinaus können andere Viruserkrankungen eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist es sehr schwierig, Röteln-Erkrankungen eindeutig zu erkennen und Infektionsketten sicher nachzuverfolgen. Daher werden besonders viele Erkrankungen als sporadisch eingestuft und wenige Ausbrüche erkannt.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Eine labordiagnostische Abklärung sollte deshalb immer bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion erfolgen. Nur ein kleiner Teil der dem RKI übermittelten Röteln-Fälle wurde labordiagnostisch bestätigt. So wurden dem RKI im Jahr 2019 insgesamt 40 Röteln-Fälle übermittelt, die allein klinisch bestätigt waren (Falldefinitionskategorie A). Diese bildeten einen hohen Anteil aller an das RKI übermittelten Fälle (40 von 149; 27 %) und müssen auch an die WHO berichtet werden. Für die Analysen für das Jahrbuch werden sie nicht berücksichtigt, weil sie nicht der Referenzdefinition entsprechen. Unter diesen 40 Fällen waren besonders viele Kinder im Alter unter 10 Jahren (35 von 40; 88 %). In dieser Altersgruppe treten häufiger exanthematische, fieberhafte Erkrankungen auf, die in der Regel jedoch nicht labordiagnostisch abgeklärt werden.

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 recht hohe Anteil der 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 unbedingt 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.

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 Röteln-Infektion sicher zu bestätigen und unzureichend geimpfte schwangere Kontaktpersonen gut beraten zu können. Sollte die RT-PCR positiv sein, kann eine Genotypisierung des Rötelnvirus angeschlossen werden.

Eine Genotypisierung wurde im Jahr 2019 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 (MMR) am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch.

Es wird empfohlen, dass

- bei jedem klinischen Röteln-Verdachtsfall der Nachweis des Rötelnvirus-Genoms in Rachen-Abstrich und Urin über die RT-PCR erfolgen sollte (Probenentnahme möglichst unverzüglich nach Einsetzen des Exanthems);
- nach jedem positiven IgM-Nachweis (Serologie) ein Probenversand an das NRZ MMR am RKI erfolgen sollte, um diesen Befund durch weitere Untersuchungen (Immunoblot, IgG-Avidität, RT-PCR) zu bestätigen;
- nach einem durch ein Labor gemeldeten positiven Befund – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache der Gesundheitsämter mit der betroffenen Person und ggf. dem/der einsendenden Arzt/Ärztin erfolgen sollte.

Fazit

Die übermittelten Daten von 2019 ermöglichen aufgrund ihrer noch nicht ausreichenden Qualität noch keine sichere Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Die Röteln-Inzidenz ist zwar weiterhin sehr niedrig und eine endemische Transmission der Rötelnviren unwahrscheinlich, trotzdem ist es sehr schwierig, mit diesen Daten die Elimination der Röteln in Deutschland zu verifizieren. Wegen des oft fehlenden oder unspezifischen Krankheitsbildes der Röteln reichen die Meldedaten nicht aus, um sicher auftretende Transmissionsketten oder den Import von Rötelnviren beschreiben zu können. Eine Nachverfolgung von Transmissionsketten von höchstwahrscheinlich importierten Rötelnviren ist derzeit wegen fehlender Daten zu zirkulierenden Genotypen 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 Surveillancesystem 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. Immunblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2019 wurde dem RKI keine konnatale Röteln-Infektion übermittelt. Der letzte konnatale Röteln-Fall war dem RKI im Jahr 2015 bekannt geworden. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Röteln-Fälle mehr auftreten sollen. Diesem Ziel ist Deutschland bereits sehr nahe gekommen.

Literaturhinweise

ECDC: *Monthly measles and rubella monitoring reports.* https://ecdc.europa.eu/en/rubella

Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland. www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021.* Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance.* Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung.* Epid Bull 2020; 2: 3–22.

Matysiak-Klose D, Siedler A, Diercke M, Dudareva S, Wichmann O: *Bericht über die Nationale Konferenz zum Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland 2019 in Berlin.* Epid Bull 2019; 32/33: 301–305.

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln.* Epid Bull 2010; 32: 322–325.

RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.50 Salmonellose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **13.693**
- Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- Großteil der Infektionen wird in Deutschland erworben
- 277 Ausbrüche mit 1.101 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, 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.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden insgesamt 13.693 Salmonellosen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprechen. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. Von 2001 bis 2016 wurde ein rückläufiger Trend beobachtet (von 76.998 zu 12.973 Erkrankungen pro Jahr). Ab 2017 haben die Zahlen jedoch mit rund 13.700 Erkrankungen pro Jahr ein etwa gleichbleibendes Niveau erreicht. Im

Tab. 6.50.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	238	2 %	198	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	13.302	85 %	13.495	85 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	487	3 %	565	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.631	10 %	1.660	10 %
alle	15.658	100 %	15.918	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**13.540**	**86 %**	**13.693**	**86 %**

Jahr 2019 ist die Zahl der Erkrankungen im Vergleich zum Jahr 2018 (13.540 Erkrankungen) nur unwesentlich gestiegen (1 %). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen lag im Jahr 2019 bei 17 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (4.913; 36 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.50.1).

Geografische Verteilung

In der Hälfte der Bundesländer lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.50.2). Insbesondere im Saarland (17 %), Thüringen (16 %) und Hessen (15 %) war ein Anstieg der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre zu beobachten. Ein besonders starker relativer Rückgang war in Bremen (21 %), Sachsen

Abb. 6.50.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 (n=13.693) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)

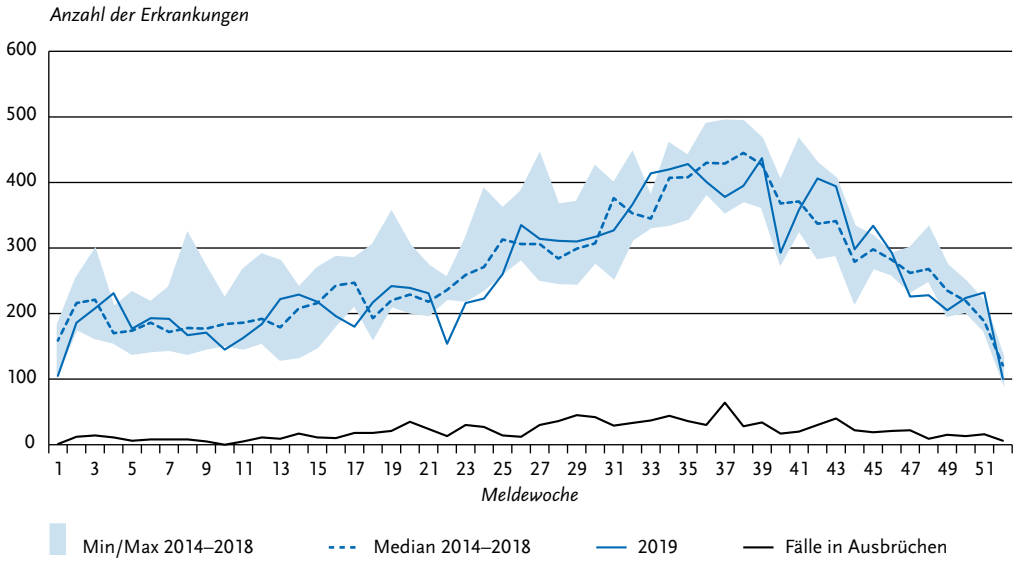
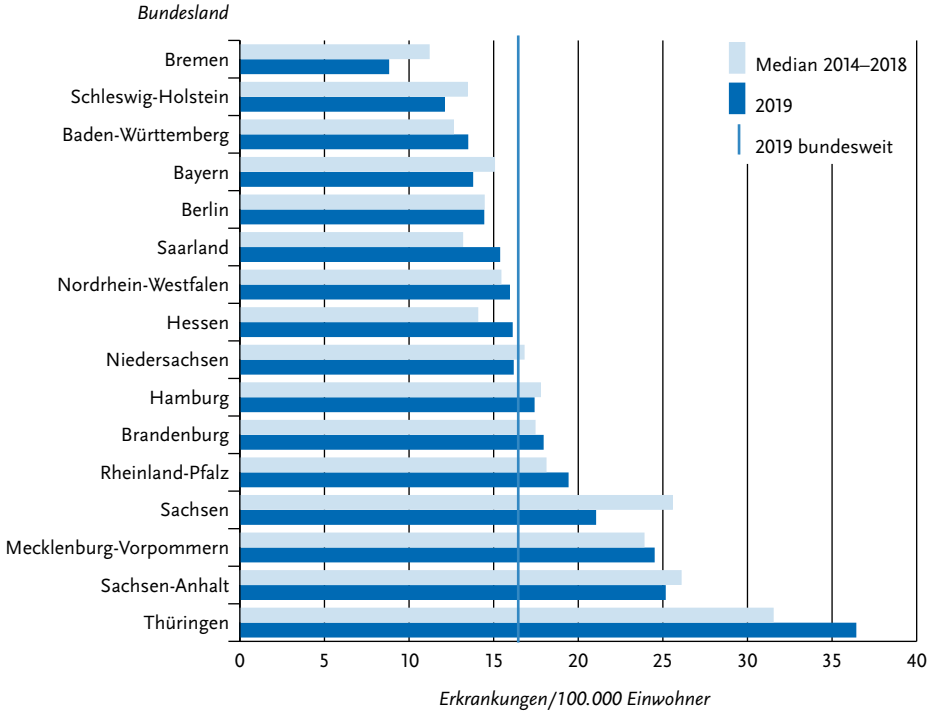


Abb. 6.50.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=13.691) im Vergleich mit den Vorjahren



(18 %) und Schleswig-Holstein (10 %) zu verzeichnen.

Bei 8.753 Salmonellosen (64 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (8.875 Nennungen); 6.396 (72 %) der Nennungen entfielen auf Deutschland. Die übrigen verteilten sich vor allem auf typische Urlaubsländer wie die Türkei (506 Nennungen), Ägypten (417), Thailand (128) und Spanien (114).

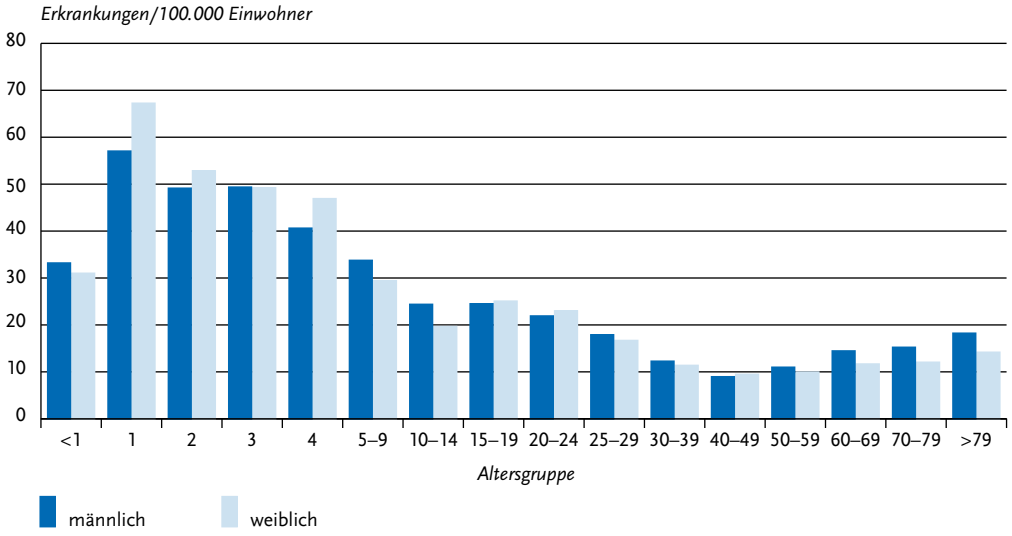
Demografische Verteilung

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 52 %; weiblich 48 %).

Nachgewiesene Erreger

Eindeutige Angaben zum Serovar wurden für 72 % (2018: 76 %) der Erkrankungen übermittelt. Bei 42 % der Nennungen handelte es sich um *S.* Enteritidis und bei 34 % um *S.* Typhimurium (inklusive der monophasischen Variante). Mit weitem Abstand folgten *S.* Infantis (3,5 %), *S.* Derby (1,5 %) und *S.* Agona (1,0 %). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 18 % aus. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Anzahl der übermittelten *S.*-Enteritidis-Erkrankungen um 10 % ab (von 4.599 auf 4.146). Die Anzahl der *S.*-Typhimurium-Erkrankungen (inklusive der monophasischen Variante) sank um 1,6 % (von 3.384 auf 3.330).

Abb. 6.50.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=13.660)



Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (13.665) wurden Symptome angegeben (30.837 Nennungen). Durchfall (97 % der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (67 %), Fieber (39 %) und Erbrechen (23 %). Es wurden 18 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2018: 14). Betroffen waren 5 Männer und 13 Frauen im Alter zwischen 45 und 87 Jahren (Altersmedian 70 Jahre). Bei 11 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 7-mal *S.* Typhimurium, 2-mal *S.* Enteritidis, und je einmal *S.* Bovismorbificans und *S.* Derby. Die übrigen 7 Todesfälle wurden ohne eindeutige Angaben zum *Salmonella*-Serovar übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 277 Ausbrüche mit insgesamt 1.101 Erkrankungen (8 % aller Salmonellosen, Vorjahr: 7 %) übermittelt (s. Tab. 6.50.2), davon 36 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Im Vergleich zum Vorjahr wurden 1,5 % mehr Ausbrüche übermittelt.

Der größte Ausbruch umfasste 47 Erkrankungen in mehreren Bundesländern und wurde durch *S.* Enteritidis Complextyp (CT) 1505 verursacht.

Tab. 6.50.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2018 und 2019

	2018		2019	
	Anzahl Ausbrüche	**Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche**	**Anzahl Ausbrüche**	**Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche**
Ausbrüche mit < 5 Fällen	241	578	241	581
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	32	331	36	520
Alle Ausbrüche	**273**	**909**	**277**	**1.101**

Der wahrscheinliche Infektionsort war Ägypten, das Infektionsvehikel blieb aber unbekannt. Ein Ausbruch mit 41 Erkrankungen in Hessen wurde ebenfalls durch *S.* Enteritidis (CT 1879) verursacht und stand in Zusammenhang mit dem Verzehr von Eiern oder Eiprodukten. Ein Ausbruch mit 37 Erkrankungen in mehreren Bundesländern wurde durch *S.* Hadar verursacht. Als wahrscheinliches Infektionsvehikel wurde rohes Schweinehackfleisch angegeben. Im Jahr 2019 wurden mehrere kleinere Ausbrüche und sporadisch erscheinende Einzelfälle übermittelt (insgesamt 64 Erkrankungen), die in Zusammenhang mit einem großen *S.*-Enteritidis-CT-1734-Geschehen standen, über das bereits im Jahr 2018 berichtet wurde. Das wahrscheinliche Infektionsvehikel waren Eier/Eiprodukte.

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. Ab dem Jahr 2017 hat sich der rückläufige Trend nicht weiter fortgesetzt. Die Zahlen befinden sich seitdem auf einem konstanten Niveau von rund 13.700 Erkrankungen pro Jahr. Es treten immer wieder zum Teil große Ausbrüche auf.

Literaturhinweise

Enkelmann J, von Laer A, Simon S, Fruth A: *Disentangling outbreaks using whole-genome sequencing: concurrent multistate-outbreaks of Salmonella Kottbus in Germany, 2017*. Epidemiol Infect 2020. doi: 10.1017/S0950268820000394

Meinen A, Simon S, Banerji S, et al.: *Salmonellosis outbreak with novel Salmonella enterica subspecies enterica serotype (11:z41:e,n,z15) attributable to sesame products in five European countries, 2016 to 2017*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.36.1800543

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

6.51 Shigellose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **627**
- Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 8 % gesunken
- Männer häufiger betroffen als Frauen (57 % zu 43 %)
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 39 Jahren
- Etwa 40 % der Erkrankungen in Deutschland erworben, weitere wichtige Infektionsländer sind Ägypten und Indien
- 22 Ausbrüche mit 64 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 vor allem 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.51.1).

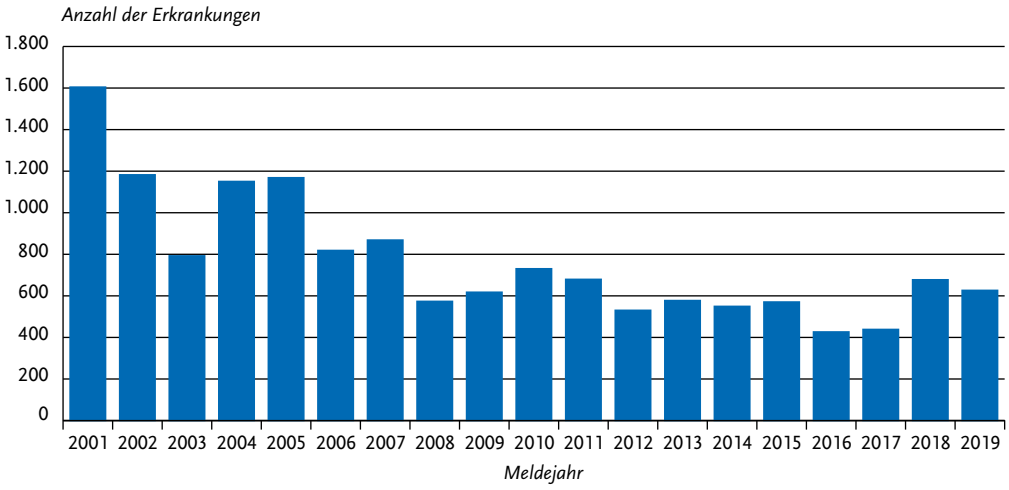
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden insgesamt 627 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Vorjahr um 8 % gesunken. Im zeitlichen Verlauf ist seit 2001 insgesamt eine deutliche Abnahme der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.51.1). Seit 2008 schwankt die Zahl der jährlichen Erkrankungen zwischen etwa 430 und 730.

Tab. 6.51.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	23	3 %	13	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	655	89 %	614	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	11	2 %	19	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	44	6 %	41	6 %
alle	733	100 %	687	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**678**	**92 %**	**627**	**91 %**

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



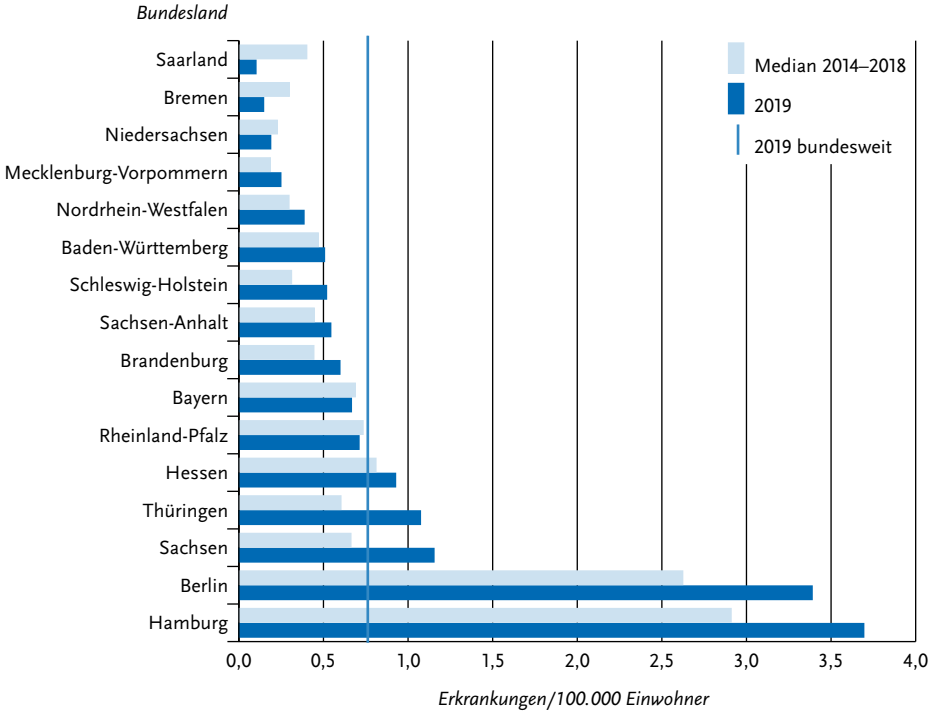
Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland wie im Vorjahr 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit etwas höher als der Median der 5 Vorjahre (0,7).

In 11 Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2019 höher als der jeweilige Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.51.2). Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Thüringen (78 %), Sachsen (74 %) und Schleswig-Holstein (67 %) beobachtet. Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2019, wie bereits zuvor, in Hamburg (3,7 Erkr./100.000 Einw.) und Berlin (3,4) registriert. Auch in Sachsen, Thüringen und Hessen lag die Shigellose-Inzidenz über dem bundesweiten Median. Im Saarland, in Bremen, Niedersachsen, Bayern und Rheinland-Pfalz war die Inzidenz im Jahr 2019 niedriger als der jeweilige Median der 5 Vorjahre.

Bei 514 Erkrankungen (82 %) lagen insgesamt 531 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 212 Nennungen (40 %) wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (10 %), Indien (4 %) und Indonesien (3 %) (s. Tab. 6.51.2).

Abb. 6.51.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=627) im Vergleich zu den Vorjahren



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 (0,6 Erkr./100.000 Einw.; n=23). Bei Erwachsenen wurden die höchsten Inzidenzen bei den 25- bis 39-Jährigen registriert (1,6; n=251).

Insgesamt waren mehr männliche (57 %) als weibliche Personen (43 %) betroffen. In der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher (1,9) als bei Frauen (1,3) (s. Abb. 6.51.3).

Nachgewiesene Erreger

Bei 549 Erkrankungen (88 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (72 %), *S. flexneri* (23 %), *S. boydii* (2,7 %) und *S. dysenteriae* (2,2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2018: 19 %) bzw. *S. dysenteriae* (2018: 1,5 %) zugenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2018: 77 %) abgenommen hat. Der Anteil der Infektionen mit *S. boydii* ist gleich geblieben (2018: 2,7 %).

Klinische Aspekte

Für 627 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (98 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (68 %), Fieber (42 %) und Erbrechen (17 %). Im Jahr 2019 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 22 Ausbrüche (2018: 24) mit insgesamt 64 Erkrankungen (2018: 97) übermittelt. Ein *S.-sonnei*-Ausbruch im Rahmen eines kulturellen Festivals betraf 13 Erkrankte in verschiedenen Bundesländern. Die übrigen 21 Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankte.

Tab. 6.51.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2019 (Mehrfachnennungen möglich, 514 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	212	40 %
Ägypten	53	10 %
Indien	23	4 %
Indonesien	15	3 %
Marokko	13	2 %
Mexiko	13	2 %
Spanien	10	2 %
Tansania	9	2 %
Kolumbien	8	2 %
Kosovo	8	2 %
Kuba	8	2 %
Andere	159	30 %
Summe	**531**	**100 %**

Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland labordiagnostisch 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 Jahr 2019 im Vergleich zum Vorjahr leicht rückläufig. Im Jahr 2018 war die Anzahl im Vergleich zu den beiden Vorjahren deutlich gestiegen, nachdem in den Jahren zuvor ein eher abnehmender Trend verzeichnet worden war. Seit 2008 schwankt die Zahl der jährlichen Erkrankungen zwischen etwa 430 und 730.

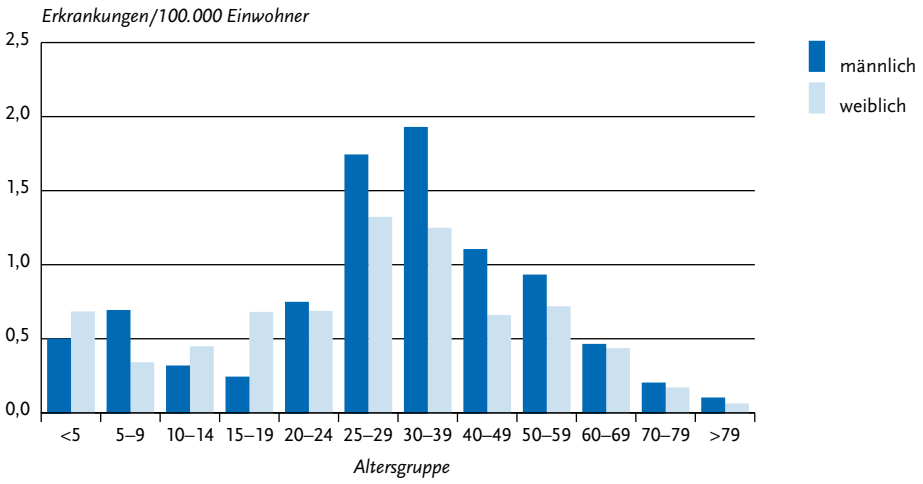
Literaturhinweise

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1.* Nature Microbiol 2016; 1: 16027.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019.* Epid Bull 2020; 50.

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

Abb. 6.51.3:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=624)



6.52 Syphilis

- Fälle 2019: **7.889**
- Höchste Fallzahl seit Einführung des IfSG
- Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- 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 labordiagnostisch 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 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 2019 wurden dem RKI 7.889 Syphilis-Fälle gemeldet, 531 (7,2 %) mehr als im Vorjahr. Mit Ausnahme eines leichten Abfalls im Jahr 2018 stieg die Fallzahl damit wie in den Vorjahren auf einen neuen Höchststand an (s. Abb. 6.52.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2019 mit 9,5 Fällen pro 100.000 Einwohner über dem Median der 5 Vorjahre (8,7). Die Inzidenz stieg in 7 Bundesländern an. Der Anstieg war besonders ausgeprägt in Sachsen (von 6,1 auf 9,1 Fälle pro 100.000 Einw.; +49 %), Berlin (von 32,3 auf 39,7; +23 %) und Nordrhein-Westfalen (von 10,0 auf 11,4; +14 %). In Hessen und Niedersachsen änderte sich die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr nicht, in den anderen Bundesländern fiel sie leicht ab (zwischen 0,4 und 1,3 Fällen/100.000 Einw.).

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (39,7) und Hamburg (24,5) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz ansonsten nur in Nordrhein-Westfalen (11,4), am niedrigsten in Schleswig-Holstein (4,9), Mecklenburg-Vorpommern (4,3) und Brandenburg (4,1) (s. Abb. 6.52.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 20 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg in den Städten Köln (57,8), München (30,2), Frankfurt/M. (28,3), Offenbach (25,6), Mannheim (25,5), Düsseldorf (24,7), Leipzig (23,1) und Stuttgart (21,0) zu verzeichnen (s. Abb. 6.52.3).

Für 5.901 Fälle (75 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (5.541; 93 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (57 Nennungen), Thailand (47), Rumänien (24), Brasilien (20), China (15), die Türkei (14), Bulgarien und Italien (je 12), die USA und Polen (je 11) sowie Frankreich (10).

Abb. 6.52.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019

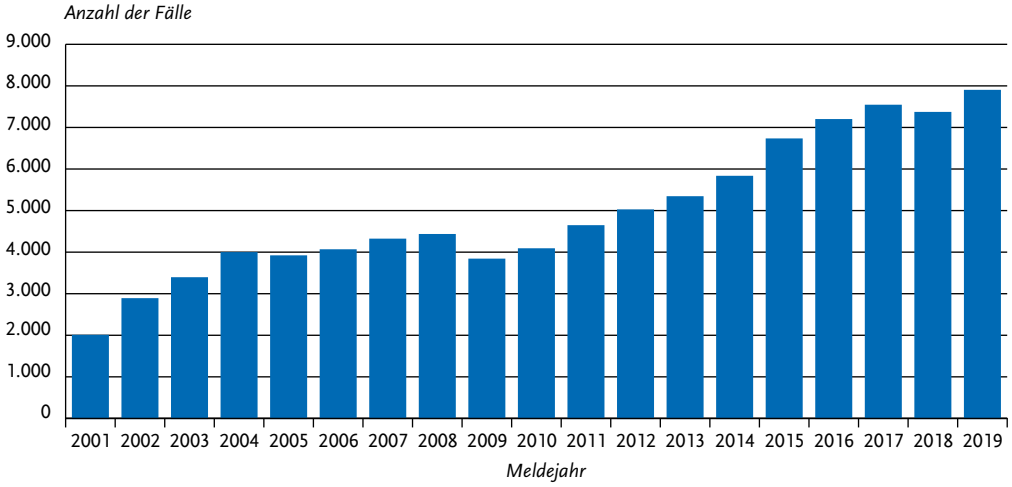


Abb. 6.52.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=7.889) im Vergleich mit den Vorjahren

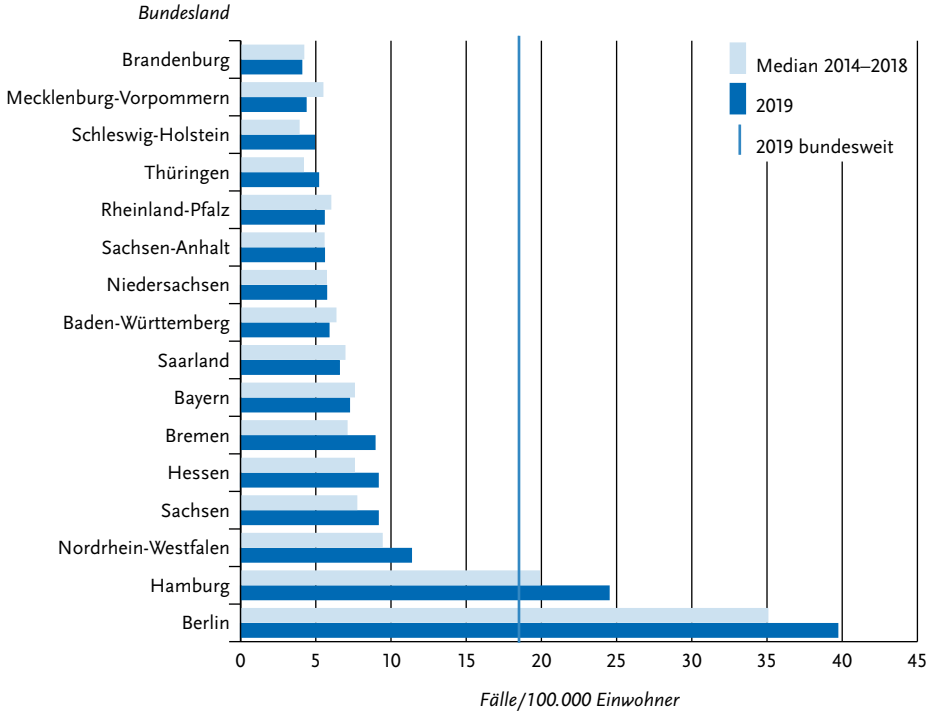


Abb. 6.52.3:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2019 (n=7.889)

Demografische Verteilung

Im Jahr 2019 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 5,8 % und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr (6,1 %) annähernd stabil. Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen stieg im Vergleich zum Vorjahr um 2,5 % auf 456. Die Anzahl der Fälle unter Männern (7.422) stieg um 7,4 %. Mit 18,1 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,1). Die höchste Inzidenz wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (38,8) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (36,3) und der 40- bis 49-Jährigen (33,7) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen (3,7) die höchste Inzidenz auf, gefolgt von den 30- bis 39-Jährigen (2,5) sowie den 20- bis 24-Jährigen (2,4) (s. Abb. 6.52.4).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 79 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Fälle, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) übertragen wurden, 86 % aus und lag damit auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 14 %.

Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2018 in 8 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß an: Sachsen (+70 %), Berlin (+28 %), Sachsen-Anhalt (+18 %), Nordrhein-Westfalen (+14 %), Thüringen (7 %), Brandenburg (3 %), Bayern und Hamburg (je 2 %). Demgegenüber fiel die Anzahl der Fälle von MSM in Rheinland-Pfalz (–23 %), Schleswig-Holstein (–18 %), Baden-Württemberg und Bremen (–12 %), dem Saarland (–10 %), Hessen und Niedersachsen (je –3 %) ab.

Im Vergleich zum Vorjahr fiel die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden (n=126) leicht ab (–6 %). Die Zahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden (n=78), blieb unverändert. Insgesamt handelte es sich um kleine Fallzahlen, bei denen Angaben im Kontext der Prostitution gemacht wurden.

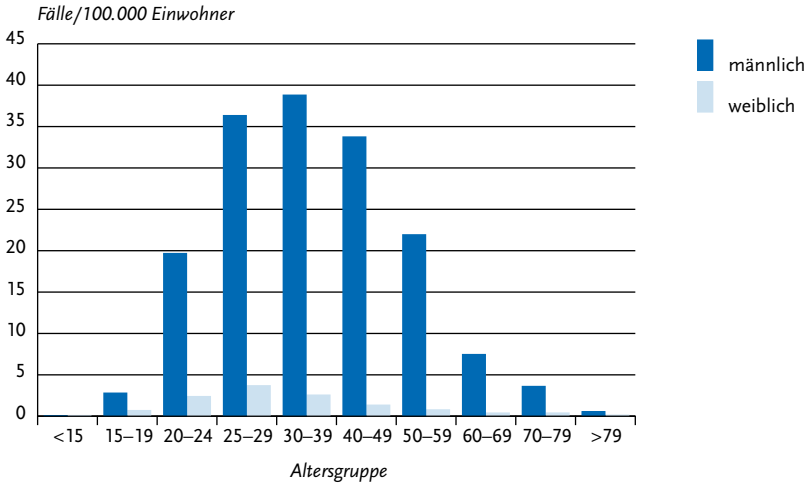
Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2018 zwischen ein und 6 Fällen pro Jahr. Im Jahr 2019 waren es 3 Fälle.

Bei einem Drittel der Fälle aus dem Jahr 2019 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (32 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 44 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (7 %).

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 9.206 im Jahr 2018 auf 9.923 im Jahr 2019. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu Doppel-Meldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil. Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen

Abb. 6.52.4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=7.858)



Kodierung schwierig und wird auf Grundlage des oben genannten Algorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, labordiagnostischer 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 2019 nach einem geringen Abfall im Vorjahr weiter fort. Die Anzahl der Syphilis-Fälle erreicht damit einen neuen Höchststand. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffenen-Gruppe sind MSM, bei denen geographisch 2019 keine einheitliche Dynamik festzustellen war. Insbesondere in den von besonders hohen Fallzahlen geprägten Bundesländern Berlin und Nordrhein-Westfalen kam es zu einem weiteren deutlichen Anstieg.

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. Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschafts-Vorsorgeuntersuchungen ist in Deutschland von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle: im Jahr 2019 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. Darüber hinaus ist es wichtig, insbesondere für Gruppen mit hohen Inzidenzen wie MSM ausreichende und niedrigschwellige Beratungs-, Test- und Therapieangebote vorzuhalten. Laut Leitlinien der Deutschen 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

ECDC (2020): *Syphilis - Annual epidemiological report for 2018*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-annual-epidemiological-report-2018

ECDC (2019): *Syphilis and congenital syphilis in Europe – A review of epidemiological trends (2007–2018) and options for response*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/

syphilis-and-congenital-syphilis-europe-review-epidemiological-trends-2007–2018
Meyer T, Schüttler C, Straube E, et al.: *Schnelltest-Diagnostik sexuell übertragbarer Infektionen in niedrigschwelligen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60: 245–254.
Deutsche STI-Gesellschaft (2014): *S2k-Leitlinie: Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html
Jansen K: *Syphilis in Deutschland im Jahr 2018 – Anstieg der Vorjahre stagniert auf hohem Niveau*. Epid Bull 2019; 50: 545–554.

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 2019 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: *Rabies fact sheet 2020*. www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/rabies
WHO: *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018*. https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/272371/WER9316.pdf?ua=1
WHO: *Expert Consultation on Rabies, Third report*. World Health Organ Tech Rep 2018. http://www.who.int/iris/handle/10665/272364
RKI (2018): *Häufig gestellte Fragen und Antworten zu Tollwut und Schutzimpfung gegen Tollwut*. www.rki.de/SharedDocs/FAQ/Tollwut/FAQ_Liste.html
STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.
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.

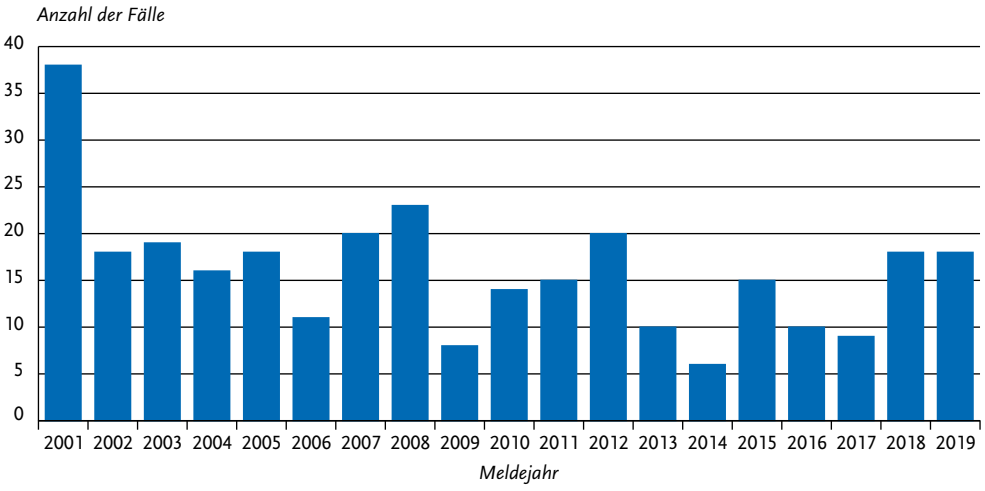
Situation in Deutschland

Für das Jahr 2019 wurden dem RKI 18 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.54.1). Die Meldungen kamen aus 7 Bundesländern, davon 6 Fälle aus Sachsen, 4 Fälle aus Sachsen-Anhalt, 3 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 2 Fälle aus Brandenburg und je 1 Fall aus Baden-Württemberg und Bayern. Für 9 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich), Deutschland wurde 8-mal, Frankreich und Spanien je einmal genannt.

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 an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

Abb. 6.54.1:
Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2019 (n=306)



Literaturhinweise

Pleyer U, Gross U, Schlüter D, Wilking H, Seeber F: *Toxoplasmosis in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2019; 116: 435–444.

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 (2018). 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 kontaminiertem 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 2019 wurden dem RKI 3 Trichinellosen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.55.1). Betroffen waren 2 Männer und eine Frau im Alter zwischen 23 und 48 Jahren. Für eine der Erkrankungen wurde als wahrscheinlicher Infektionsort Indonesien übermittelt. Für die beiden anderen ist eine Infektionsquelle in Deutschland anzunehmen. Verursachende Lebensmittel wurden nicht übermittelt.

Literaturhinweise

Franssen F, Takumi K, van der Giessen J, Swart A: *Assessing the risk of human trichinellosis from pigs kept under controlled and non-controlled housing in Europe*. Food Waterborn Parasitol 2018; 10: 14–22.

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.

RKI-Ratgeber (2013). www. rki.de/ratgeber

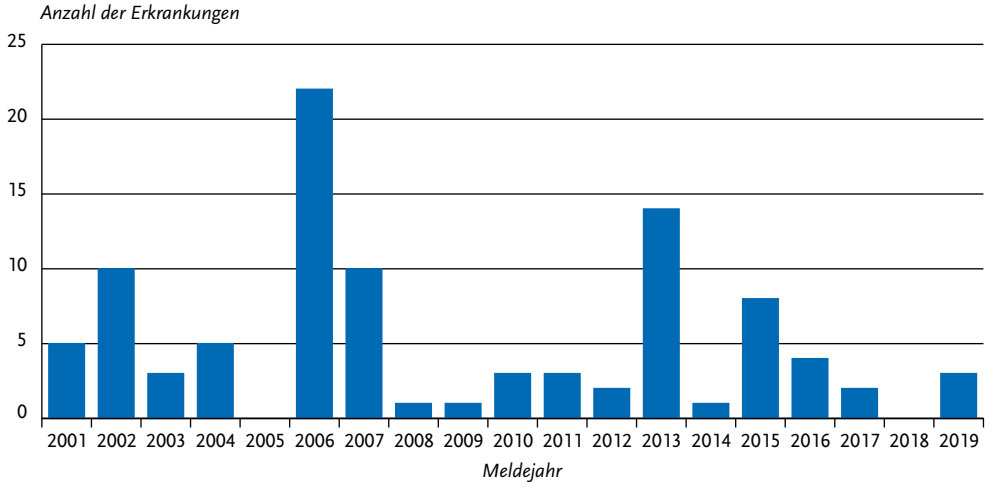
6.56 Tuberkulose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **4.791**
- Fallzahlen sind 2019 im Vergleich zum Vorjahr um fast 13 % gesunken
- Lungentuberkulose macht knapp drei Viertel der Erkrankungen aus, davon 82 % als offene Form
- Kontinuierliche Zunahme der extrapulmonalen Tuberkulose von 21 % (2002) auf 28 %
- Mehr als die Hälfte der offenen Lungentuberkulosen ist mikroskopisch positiv
- Höchste Inzidenzen bei jungen Erwachsenen im Alter zwischen 20 und 24 Jahren
- Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2018 bei 81,2 % und damit geringer als das WHO-Ziel (90 %)

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium (M.) tuberculosis, M. africanum, M. bovis, M. microti, M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die

Abb. 6.55.1:
Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



Tab. 6.56.1:
Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	1.135	20 %	1.020	21 %
klinisch-epidemiologisch (B)	93	2 %	75	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.264	77 %	3.696	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	51	1 %	77	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5	0 %	5	0 %
alle	5.548	100 %	4.873	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	**5.492**	**99 %**	**4.791**	**98 %**

Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund sind zur Unterbrechung von Infektionsketten eine 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 von besonderer Bedeutung.

Initial geht die Erkrankung häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einher. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich. Tuberkulose ist in der Regel medikamentös heilbar, unbehandelt ist die Krankheit jedoch durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2019 wurden dem RKI 4.791 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 5,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2018: 5.492 Fälle; 6,6 Erkr./100.000 Einw.). Nachdem sich die Fallzahlen zwischen 2008 und 2014 bei jährlich etwa 4.400 stabilisiert hatten, waren sie 2015 (5.836) und 2016 (5.945) deutlich gestiegen. In den Jahren 2017 und 2018 blieben die Fallzahlen auf insgesamt etwas niedrigerem Niveau annähernd gleich (5.498 bzw. 5.492 Fälle), während im Jahr 2019 ein Rückgang der Fallzahlen um fast 13 % gegenüber dem Vorjahr zu beobachten war bzw. 19 % gegenüber 2016 (Abb. 6.56.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2019 in fast allen Stadtstaaten und Bundesländern geringer als oder vergleichbar mit dem Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.56.2). Lediglich in Hamburg hat die Inzidenz gegenüber dem Median der vergangenen 5 Jahre von 10,7 auf 11,2 geringfügig zugenommen. Hamburg liegt damit zusammen mit den Stadtstaaten Berlin (9,6) und Bremen (8,2) sowie dem Bundesland Hessen (8,8) deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 5,8. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren Mecklenburg-Vorpommern (2,9) und Thüringen (3,2).

Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 196 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (216) leicht verringert. Es erkrankten etwas mehr Jungen als Mädchen (103 vs. 92 Erkrankungen, zu einem Kind lag keine Angabe zum Geschlecht vor). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,7 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war unter Kindern die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen zu verzeichnen (2,4; 94 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 20 und 24 Jahren

Abb. 6.56.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2019

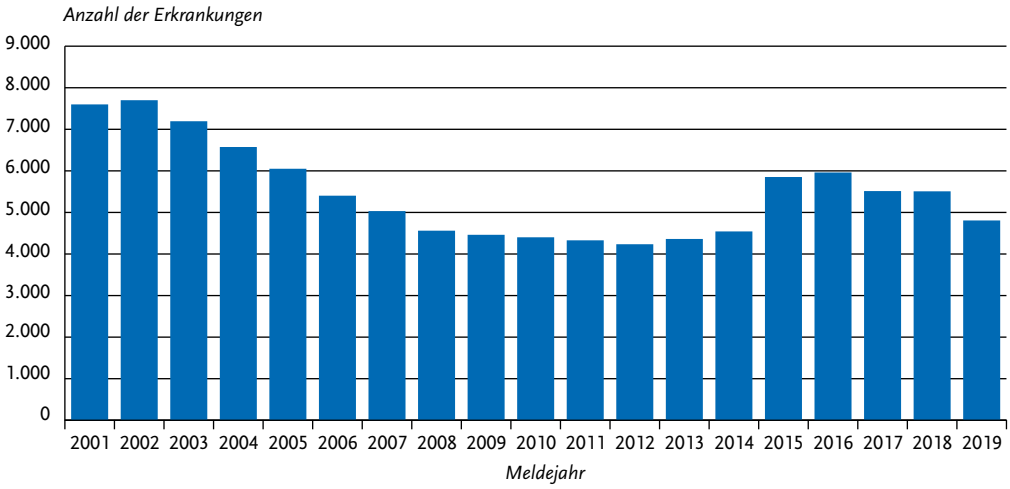
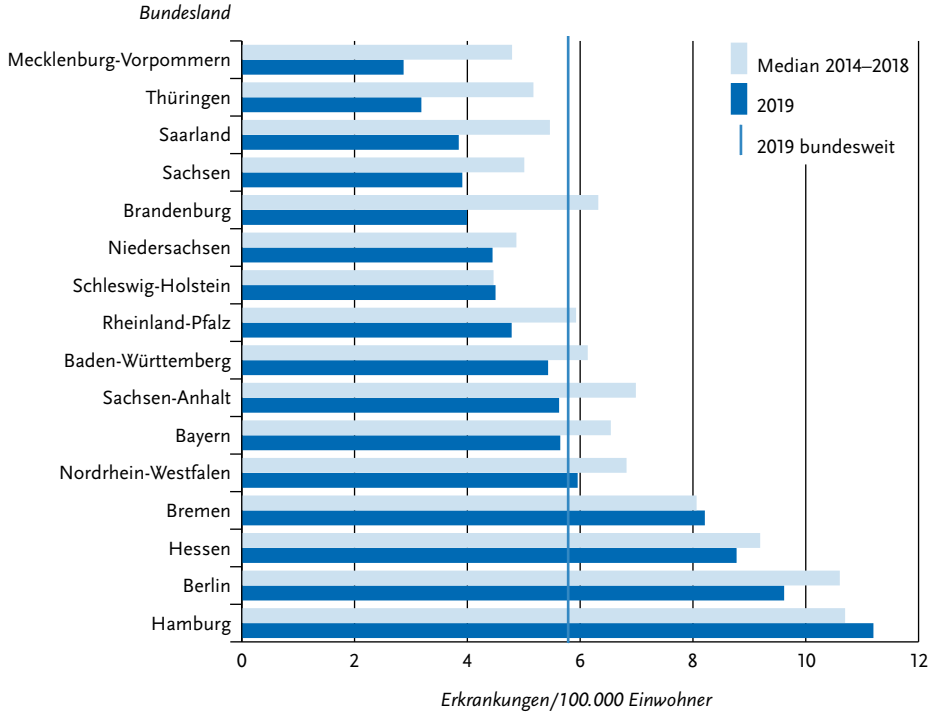


Abb. 6.56.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=4.788) im Vergleich mit den Vorjahren



(14,5 Erkr./100.000 Einw.), wobei Inzidenz in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen mit 11,3 ebenfalls vergleichsweise hoch war. Ein weiterer, wenngleich deutlich kleinerer Gipfel ließ sich bei den über 79-Jährigen beobachten. In dieser Altersgruppe lag die Inzidenz bei 6,3. Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 7,6 und war damit fast doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (4,0). Die deutlich höhere Erkrankungshäufigkeit bei Jungen und Männern manifestierte sich ab dem 15. Lebensjahr (s. Abb. 6.56.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.892 (81 %) der 4.791 Fälle übermittelt. Für 899 Fälle (19 %) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *M.-tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 3.101 (80 %) der 3.892 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 97 % (3.001 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. bovis* wurde bei 52 Erkrankten (1,7 %) angegeben; *M. africanum* wurde 45-mal (1,5 %), *M. canetti* zweimal und *M. microti* einmal genannt.

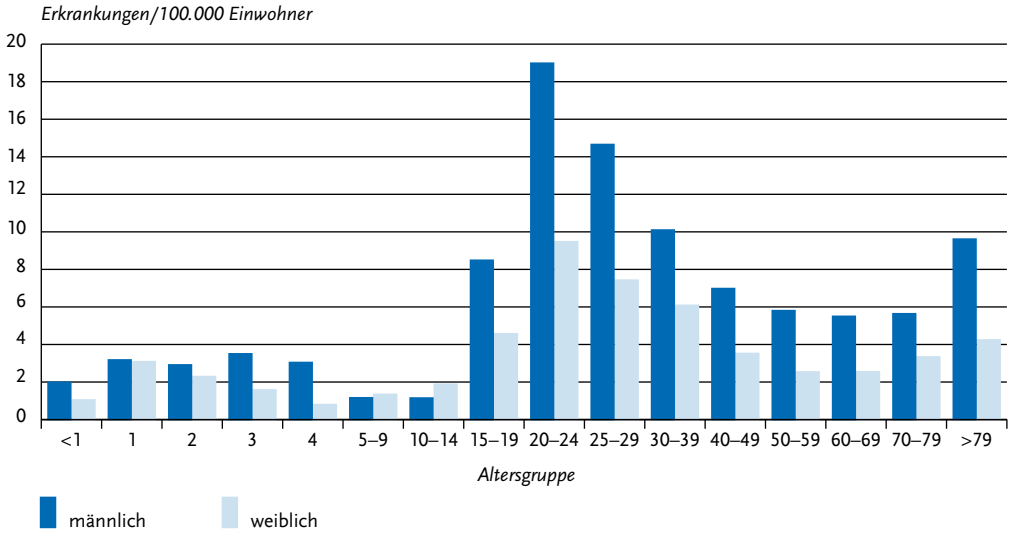
Für 791 (20 %) Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*M.-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Im Jahr 2019 wurden 87 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2018 waren es 119 Fälle).

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 72,2 % (3.435 von 4.756 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 27,8 % der Erkrankungen (1.321). Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 14,5 % der Erkrankungen (689) am häufigsten betroffen und verteilten sich mit 10,1 % (481 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 4,4 % (208 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten. Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen, d.h. bakteriologisch bestätigten Form 82,4 % (2.832 von 3.435 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 57,8 % (1.636 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive

Abb. 6.56.3:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=4.781)



Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 17,6 % (603 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 129 von 4.680 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,8 %, wobei diese bei den über 79-Jährigen mit 16 % (52 Todesfälle) am höchsten war. Bei Kindern bis zu einem Alter von unter 15 Jahren wurden keine krankheitsbedingten Todesfälle registriert.

Ausbrüche

Für das Jahr 2019 wurden 60 Ausbrüche mit insgesamt 164 Erkrankungsfällen übermittelt. Es gab 2 Ausbrüche mit jeweils 6 und 3 Ausbrüche mit jeweils 5 assoziierten übermittelten Erkrankungen. Bei den restlichen 55 Ausbrüchen (mit insgesamt 137 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen. Die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2018 übermittelt wurden, wurde von ursprünglich 68 mit insgesamt 187 Erkrankungsfällen (Datenstand: 01.03.2019) auf nunmehr 90 Ausbrüche mit insgesamt 247 Erkrankungsfällen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2018

Die folgenden Ergebnisse gelten für das Jahr 2018. Entsprechende Daten für 2019 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für 4.758 der 5.492 im Jahr 2018 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 3.864 Erkrankte (81 %) 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 136 Erkrankungen (2,9 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 245 Patienten (5,1 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 133 Erkrankungen (2,8 %) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei 11 Erkrankungen (0,2 %) wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 369 Patienten (7,8 %) waren vor Beginn oder während der Behandlung an Tuberkulose (157 Erkrankungen; 3,3 %) oder an anderen Ursachen (212 Erkrankungen; 4,5 %) 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 die Referenzdefinition nicht erfüllen, ist mit 1,7 % (82 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (1,0 %; 56 Fälle) leicht gestiegen. Insgesamt bedarf es einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Tuberkulose bleibt in Deutschland nach wie vor ein nicht zu vernachlässigendes Public Health Problem.

Nachdem die Erkrankungszahlen im Jahr 2015 und 2016 deutlich angestiegen waren, lagen sie in den Jahren 2017 und 2018 auf etwas geringerem Niveau. Im Jahr 2019 konnte ein deutlicher Rückgang der Fallzahlen von fast 13 % gegenüber dem Vorjahr beobachtet werden. Es bleibt abzuwarten, wie sich der Trend in den kommenden Jahren weiter entwickeln wird. Die derzeitige epidemiologische Situation wird vor allem durch Migrationsbewegungen und die demografische Entwicklung in der Bevölkerung beeinflusst.

Um das von der WHO gesetzte Ziel zu erreichen, welches für Niedriginzidenzländer wie Deutschland bis zum Jahr 2035 die Senkung der Inzidenz auf < 1 Fall pro 100.000 vorsieht, wäre eine jährliche Inzidenzabnahme von mindestens 10 % erforderlich. Der aktuelle Rückgang müsste also kontinuierlich fortgesetzt werden.

Aufgrund der besonderen Vulnerabilität von Kindern, und da Erkrankungen bei Kindern als Indikator für aktuelle Infektionsketten gelten, bedarf

die Kindertuberkulose – trotz erneut rückläufiger Zahlen – stets einer erhöhten Aufmerksamkeit.

Der hohe Anteil offener und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, dass die Kontaktpersonennachverfolgung inklusive der präventiven Behandlung infizierter Personen (bzw. Chemoprophylaxe exponierter Kinder < 5 Jahren) wichtige Maßnahmen darstellen, um Folgeerkrankungen und weitere Übertragungen zu verhindern.

Von hoher Relevanz sind auch Anstrengungen zur weiteren Verbesserung des Behandlungsergebnisses, welches nach wie vor – insbesondere bei älteren Menschen – unter dem von der WHO angestrebten Behandlungsziel bleibt. Eine erfolgreich abgeschlossene Behandlung ist entscheidend für die Genesung der Erkrankten, die Vermeidung der Entwicklung resistenter Bakterienstämme sowie für den Infektionsschutz.

Die Sicherstellung einer frühzeitigen Diagnose und einer adäquaten, vollständigen Therapie sowie die konsequente Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention der Tuberkulose sind von entscheidender Bedeutung für die Tuberkulosekontrolle. Für die Umsetzung der erforderlichen Maßnahmen und Strategien ist hier die koordinierte Zusammenarbeit aller Beteiligten im Gesundheitswesen notwendig.

Ein wesentlicher Aspekt ist nicht zuletzt auch eine gut etablierte Tuberkulose-Surveillance, die es erlaubt, aktuelle Entwicklungen im epidemiologischen Geschehen frühzeitig zu erkennen.

Literaturhinweise

Guthmann JP, Haas W: *Tuberculosis in the European Union/European Economic Area: much progress, still many challenges*. Euro Surveill 2019. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.12.1900174

WHO (2019): *Global Tuberculosis Report 2019*. www.who.int/teams/global-tuberculosis-programme/tb-reports

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

Deutsches Zentralkomitee zur Bekämpfung der Tuberkulose: *Informationen für Ärzte (inkl. nationaler Empfehlungen und Leitlinien), Patienten und Laien*. www.dzk-tuberkulose.de

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

Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Haas W (2020): *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2019*. www.rki.de/tb-berichte

Hauer B: *Tuberkulosekontrolle: Neue Wege beschreiten*. Epid Bull 2020; 11: 3–5.

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.

RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.57 Tularämie

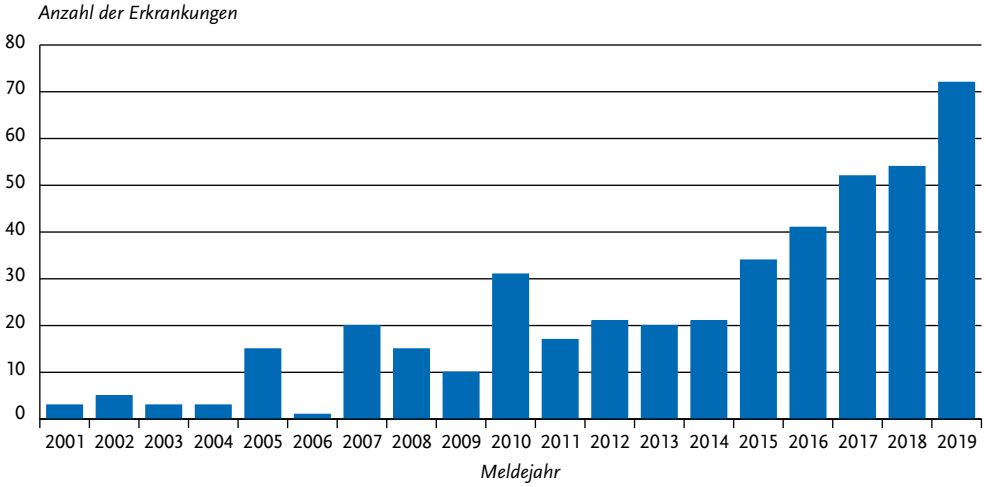
Kurzbeschreibung

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 2019 wurden 72 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Die seit 2013 steigende jährliche Fallzahl setzt sich damit auch 2019 fort (s. Abb. 6.57.1). Die Erkrankten kamen aus 13 Bundesländern, wobei zusammen 38 Fälle (53 %) aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 48 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils 2 Erkrankungen Frankreich, Norwegen und Schweden. Für jeweils eine Erkrankung wur-

Abb. 6.57.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



de Spanien und Österreich angegeben. Im Jahr 2019 waren 51 Erkrankte männlichen und 21 Erkrankte weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen betroffen. Die jüngste Erkrankte war ein 9-jähriges Mädchen mit unbekannter Infektionsquelle.

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankten übermittelt. Ein Ausbruch stand im Zusammenhang mit einer Pilgerreise nach Norwegen und einer bekannten Häufung dort. Der andere trat im Zusammenhang mit Kontakt zu Wildschweinen in Deutschland auf. Im Jahr 2019 wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit einer Tularämie übermittelt. Eine 90-jährige Frau verstarb unter dem klinischen Bild einer Pneumonie.

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. 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. doi: 10.1017/S0950268812001008

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 2019: **86**
- Im Vergleich zu 2018 Anstieg der Erkrankungszahlen, insbesondere bei Reiserückkehrern aus Pakistan
- Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Nichtgeimpften
- Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen 0 und 9 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 Benom-

menheit 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.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.58.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 86 Erkrankungen übermittelt. Dies liegt deutlich über 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, August und November auf.

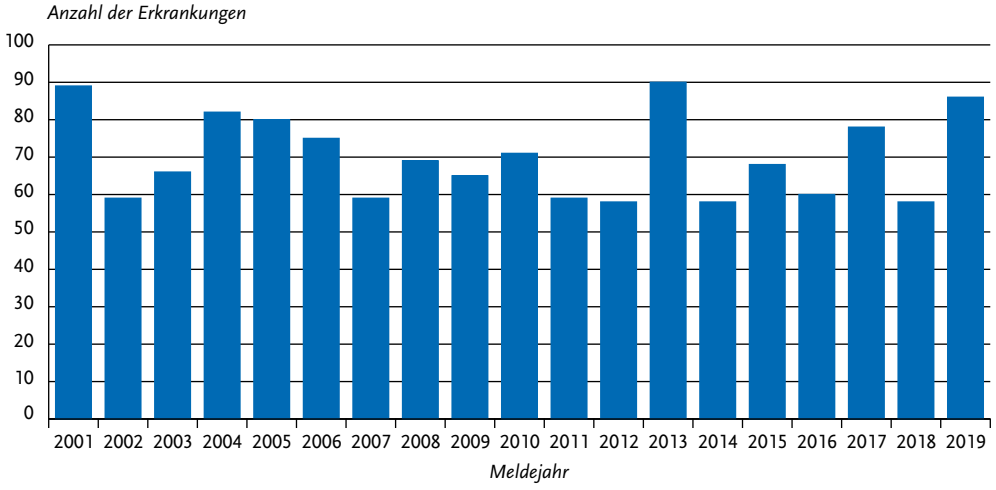
Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz betrug 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen wurden in absteigender Reihenfolge in Hessen und Berlin verzeichnet. Für 84 übermittelte Erkrankungen (98 %) lagen Angaben zum wahr-

Tab. 6.58.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	58	83 %	86	90 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	10	14 %	9	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2	3 %	1	1 %
alle	70	100 %	96	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**58**	**83 %**	**86**	**90 %**

Abb. 6.58.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



scheinlichen Infektionsland vor. Dabei entfielen 78 % der Nennungen auf Infektionsländer in Asien. Für 2 Erkrankungen wurde Deutschland als einziger Infektionsort übermittelt. Die 3 am häufigsten genannten nicht-deutschen wahrscheinlichen Infektionsländer waren Pakistan (31), Indien (24) und Mexiko (6). Die Anzahl von Erkrankungen, die wahrscheinlich in Pakistan erworben wurden nahm besonders stark zu (im Vorjahr 5 Nennungen).

Demografische Verteilung

In der Altersgruppe der 20- bis 49-Jährigen traten 51 % der Erkrankungen auf. Von den Erkrankten mit Angabe zum Geschlecht waren 45 (53 %) männlich und 40 (47 %) weiblich.

Klinische Aspekte

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (84 %), gefolgt von Durchfall (51 %), Bauchschmerzen (47 %), Kopfschmerzen (25 %), Husten (11 %) und Obstipation (7 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Impfstatus

Für 69 (80 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 66 (96 %) nicht gegen Typhus geimpft. Zu den 3 als geimpft übermittelten Erkrankten gab es einmal keine Angaben zu Datum und Impfstoff, eine Person war mehr als 7 Jahre vor Erkrankungsbeginn geimpft worden (ohne Angabe zum Impfstoff) und eine Person hatte 23 Monate vor Erkrankungsbeginn Typhus-Totimpfstoff erhalten.

Ausbrüche

Im Jahr 2019 wurden 6 Ausbrüche von Typhus abdominalis übermittelt. Zwei Ausbrüche betrafen jeweils 2 Kinder mit gemeinsamer Exposition in Indien. Vier Ausbrüche betrafen jeweils 2 Personen, die sich zur gleichen Zeit in Pakistan aufgehalten hatten, darunter waren auch Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) *Salmonella* Typhi.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Nichtgeimpften. Im Jahr 2019 wurde ein deutlicher Anstieg von Erkrankungen bei Reiserückkehrern aus Pakistan beobachtet, darunter waren auch Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) *Salmonella* Typhi.

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, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

RKI: *Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) Salmonella Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan*. Epid Bull 2019; 30: 285.

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

6.59 Virale Hämorrhagische Fieber

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 2019 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt. Allerdings wurden im November/Dezember 2019 in Bayern 4 Flugcrew-Mitglieder als Kontaktpersonen beobachtet, die einen von Sierra Leone zur medizinischen Behandlung in die Niederlande ausgeflogenen (noch undiagnostizierten) Lassafieber-Fall transportiert hatten. In Baden-Württemberg wurde eine Kontaktperson zu dem gleichen lokalen Lassafieber-

Ausbruch in Sierra Leone beobachtet, bei dem sich auch der niederländische Patient infiziert hatte. Keine der deutschen Kontaktpersonen erkrankte.

Zuletzt wurden in Deutschland 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 August 2018 wurde ein sehr großer Ebolafieber-Ausbruch im Osten der Demokratischen Republik Kongo bekannt, der derzeit noch anhält.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 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 2019 wurden dem RKI keine Gelbfieber-Erkrankungen übermittelt.

Im Vorjahr waren, zum ersten Mal seit 2001, insgesamt 3 Gelbfiebervirus-Infektionen an das RKI übermittelt worden.

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 häufig durch engen Kontakt zu Nutztieren und (ungenügend erhitzten) Tierprodukten. Eine Übertragung durch Zeckenstich ist ebenfalls typisch. 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 und zuletzt auch Zentral-Spanien.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2019 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 Tierepidemien 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 2019 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

Overbosch F, de Boer M, Veldkamp KE, et al.: *Public health response to two imported, epidemiologically related cases of Lassa fever in the Netherlands (ex Sierra Leone), November 2019*. Euro Surveill 2020. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.15.2000265

Hunger I, Becker S, Frank C, et al.: *Vier Jahre nach der Ebolakrise – Herausforderungen und Schlussfolgerungen für den Öffentlichen Gesundheitsdienst in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62: 1041–1051.

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, Kaasik Aaslav K, Schlagenhauf P, Sudre B: *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

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. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00088

Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

Boecken G: *Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt*. Epid Bull 2018; 15: 147.

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

6.60 West-Nil-Virus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

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.

Situation in Deutschland

2019 wurden 12 WNV-Infektionen in Deutschland gemeldet, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 18 und 81 Jahre alt (Median: 53,5 Jahre), 5 waren männlich und 7 weiblich. Bei 4 Fällen wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt; Todesfälle wurden nicht übermittelt.

Unter den 12 Fällen waren 7 reiseassoziierte Infektionen. Angegebene Infektionsländer waren 2-mal Griechenland und jeweils einmal die Türkei, Bulgarien, Serbien und die USA; bei einem Fall handelte es sich um einen Asylsuchenden, der von Afrika über Malta nach Deutschland eingereist war (Infektionsort schlecht eingrenzbar).

Nach einer ersten autochthonen WNV-Infektion in Deutschland 2018 (ein Tierarzt, vermutlich durch Kontakt zu einem an WNV-verendeten Vogel) wurden 2019 insgesamt 5 Infektionen autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche. Dies sind somit die ersten mutmaßlich durch Mücken übertragenen dokumentierten WNV-Infektionen in Deutschland. Die Patienten erkrankten im August und September 2019. Für diese Fälle wurde ein höherer Grad an labordiagnostischer Bestätigung gefordert, um falsch-positive Befunde aufgrund von Kreuzreaktivitäten in der Serologie (z. B. mit dem Usutu- oder FSME-Virus) auszuschließen: durch den Nachweis viraler RNA durch PCR oder Sequenzierung (z. B. aus Serum der Akutphase oder Liquor/Urin später in der Erkrankung), durch Neutralisationstest, oder im Einzelfall durch Nachweis WNV-spezifischer IgM und IgG (aktuell noch experimenteller Spezialtest). Die Wohnorte der Patienten lagen in Sachsen (3 Fälle), Sachsen-Anhalt und Berlin. Dabei ist auffällig, dass bestätigte Fälle nur in Gebieten mit WNV-Zirkulation in Vögeln und/oder Pferden auffielen, und sich Fälle in anderen Regionen nicht bestätigten. Von den 5 Fällen wurde bei 3 Fällen Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt. Es ist dabei jedoch von einer großen Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe auszugehen: Hinter jeder diagnostizierten neuroinvasiven Infektion stehen ca. 80 asymptomatische und 20 leicht-symptomatische Infektionen. Weitere serologische Befunde bei Personen ohne Reiseanamnese, z.T. auch aus Gebieten in Deutschland ohne WNV-Zirkulation in Tieren, konnten in der Bestätigungsdiagnostik explizit nicht als WNV-Infektionen bestätigt werden. Die Infektion eines im Rahmen der Blutspende positiv auf WNV getesteten asymptomatischen Spenders ohne Reiseanamnese stellte sich bei der Bestätigungsdiagnostik als Usutu-Virus-Infektion heraus (siehe Kapitel 6.03).

Das Virus ist offenbar in der Lage, in Deutschland zu überwintern und wird vor allem von in Deutschland weit verbreiteten Stechmücken der Gattung *Culex* übertragen. Daher sollten Ärzte vor allem im Sommer und Spätsommer und in Gebieten mit bekannter WNV-Zirkulation in Tieren bei Personen mit ätiologisch unklaren Enzephalitiden und bei örtlichen Häufungen von Patienten mit Fieber unklaren Ursprungs (mit oder ohne Hautausschlag) eine WNV-Diagnostik in die Wege leiten – auch wenn die Personen keine Reiseanamnese aufweisen. Personen in Risikogruppen für schwere Verläufe von WNV-Infektionen (vor allem ältere Menschen und/oder solche mit Vorerkrankungen) ist insbesondere in dieser Jahreszeit und in diesen Gebieten Schutz vor Mückenstichen empfohlen.

Literaturhinweise

Frank C, Lachmann R, Stark K, et al.: *Autochthone Infektionen mit dem West-Nil-Virus in Deutschland 2018 und 2019*. Epid Bull 2020; 25: 3–10.

Ziegler U, Dianne Santos P, Groschup MH, et al.: *West Nile virus epidemic in Germany triggered by epizootic emergence, 2019*. Viruses 2020. doi: 10.3390/v12040448

Ziegler U, Lühken R, Keller M, et al.: *West Nile virus epizootic in Germany, 2018*. Antiviral Res. doi: 10.1016/j.antiviral.2018.12.005

Frank C, Stark K, Wilking H, et al.: *Risiko autochthoner Infektionen: West-Nil-Virus in einheimischen Vögeln nachgewiesen*. Dtsch Arztebl 2018; 115 (41): A-1808/B-1519/C-1505

6.61 Windpocken

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **22.676**
- Anstieg der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 0 bis 9 Jahren
- Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- 1.404 Ausbrüche mit 5.625 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 2. Krankheitsbild, der Gürtelrose (Herpes zoster).

Eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.61.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2019 wurden mit insgesamt 22.676 Windpocken-Erkrankungen etwa 11 % mehr Fälle als im Vorjahr 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 777 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 52. Meldewoche mit 168 Erkrankungen (s. Abb. 6.61.1).

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Windpocken-Erkrankungen unterschied sich nur gering von der im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz lag mit 27,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner unter dem Median der Vorjahresinzidenzen von 27,4. In Berlin, Bremen, Brandenburg, Nordrhein-Westfalen, Hessen, Rheinland-Pfalz, Thüringen und Sachsen-Anhalt war die Inzidenz 2019 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 (44), gefolgt von Bayern (40), Berlin (39), Bremen (36), Baden-Württemberg (34) und Hamburg (29). Die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten Sachsen-Anhalt (11), das Saarland (12) und Mecklenburg-Vorpommern (12). In den übrigen 7 Bundesländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 17 (Thüringen) und 25 (Brandenburg) (s. Abb. 6.61.2).

Tab. 6.61.1:
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	14.277	70 %	15.502	68 %
klinisch-epidemiologisch (B)	4.867	24 %	5.703	25 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.312	6 %	1.471	6 %
alle	20.456	100 %	22.676	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	**20.456**	**100 %**	**22.676**	**100 %**

Abb. 6.61.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 im Vergleich mit den Vorjahren 2014 bis 2018

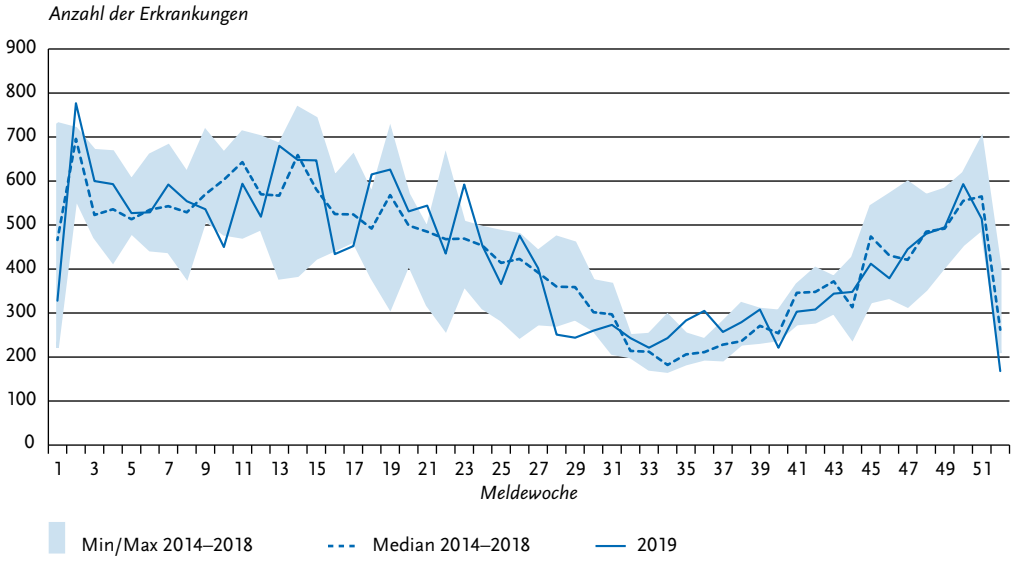
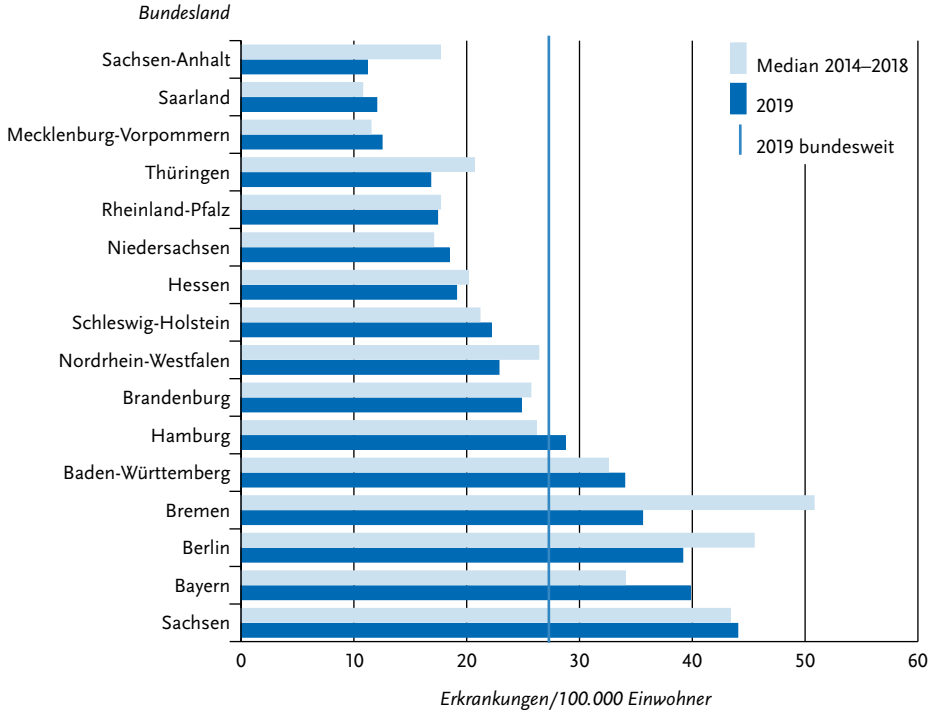


Abb. 6.61.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=22.671) im Vergleich zum Median der Vorjahre



Demografische Verteilung

Erstmals seit 2016 waren die altersspezifischen Inzidenzen in nahezu allen Altersgruppen <50 Jahre im Vergleich zum Vorjahr wieder angestiegen. Der größte Anstieg zeigte sich bei den <10-Jährigen und war hier in der Altersgruppe 5 bis 9 Jahre am stärksten ausgeprägt (Inzidenz 2019: 224 Erkr./100.000 Einw.; 2018: 201). In den Altersgruppen ab 20 Jahre waren die Inzidenzen im Vergleich zum Vorjahr nur wenig bis gar nicht verändert. Die Altersverteilung der Erkrankungen glich der aus dem Vorjahr: 70 % 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 182 Erkr./100.000 Einw. im 1. Lebensjahr auf einen Gipfel von 234 im Alter von 4 Jahren an. Ab einem Alter von 10 Jahren ging die Inzidenz deutlich auf 86 bei den 10- bis 14-Jährigen und 26 bei den 15- bis 19-Jährigen zurück. Bei den 20- bis 39-Jährigen lag die Inzidenz zwischen 6 und 9, bei den 40- bis 49-Jährigen unter 5 und ab einem Alter von 50 Jahren unter 2 Erkr./100.000 Einw. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern leicht über der bei Mädchen und Frauen lag (28 zu 26; Abb. 6.61.3).

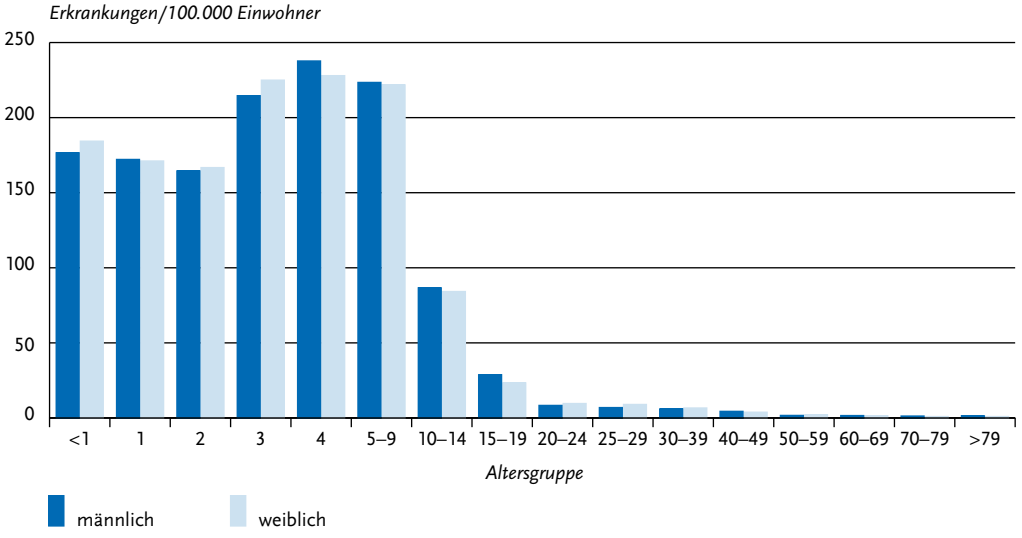
Klinische Aspekte

Im Jahr 2019 wurde kein Todesfall in Folge von Windpocken übermittelt.

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-assoziierte 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 Mindest-

Abb. 6.61.3:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=22.449)

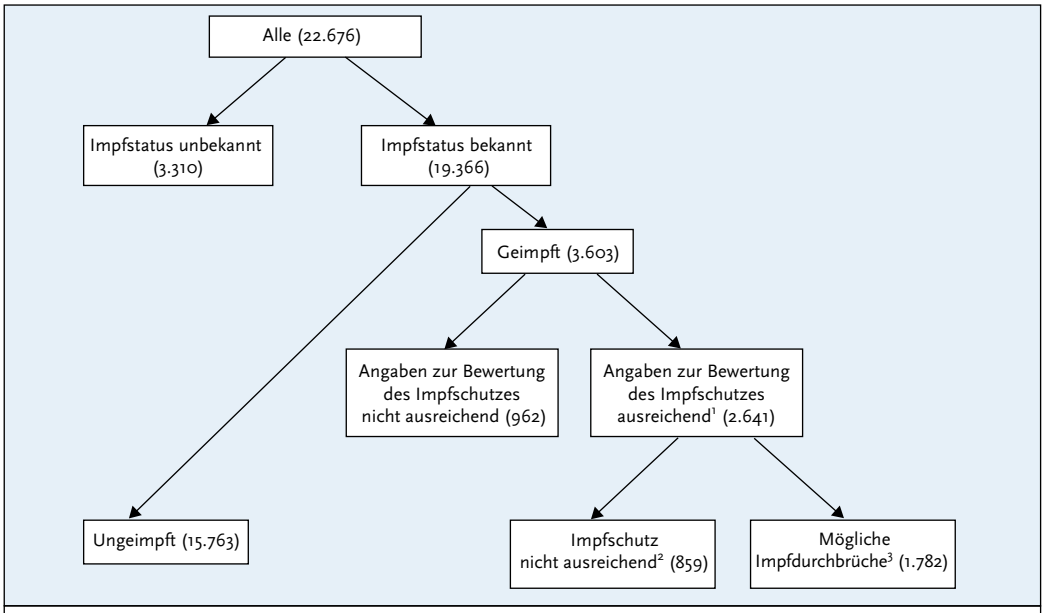


abstand von 4 Wochen zu dieser einzuhalten. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der Impfung hergestellt.

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.

Angaben zum Impfschutz lagen bei 19.366 (85 %) von 22.676 Erkrankungen vor; die meisten Erkrankten (n=15.763; 81 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 3.603 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 962 (27 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide, da keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Impfdatum oder zum Erkrankungsbeginn vorlagen, sodass für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfschutz zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden konnte. Von den 2.641 verbleibenden Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzs waren 859 nicht ausreichend geimpft. Als mögliche Impfdurchbrüche müssen 1.782 Erkrankungen (9 % der Fälle mit Angaben zum Impfstatus) nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.61.4).

Abb. 6.61.4:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2019 (n=22.676)



1 Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns, zum Datum der letzten Impfung sowie zum Abstand zwischen letzter Impfung und Erkrankungsbeginn.
2 Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist (für Windpockenimpfstoffe: mehr als eine Impfung) und nach der letzten Impfung > 42 Tage vergangen sind.
3 Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Windpocken-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

Ausbrüche

Etwa 25 % (n=5.625) der Erkrankungen waren insgesamt 1.404 Häufungen zugeordnet. Damit war die Zahl der übermittelten Häufungen und darin erfassten Erkrankungen höher als im Vorjahr (2018: 1.133 Häufungen mit 4.773 Erkrankungen). Im Jahr 2019 gab es 301 Häufungen mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen, die zusammen 2.901 Erkrankungen umfassten. In 23 Häufungen waren 20 oder mehr Erkrankungen registriert. Der größte registrierte Ausbruch mit 81 Erkrankungen ereignete sich von Januar bis Mai 2019 im Landkreis Wesel. Hier waren 80 Kinder und Jugendliche im Alter von 0 bis 16 Jahren und ein 18-Jähriger erkrankt.

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 Erkrankungszahlen. Der leichte Inzidenzanstieg kann sowohl auf Impflücken 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 2019 (Sachsen-Anhalt, das Saarland, Mecklenburg-Vorpommern) sind gleichzeitig die Bundesländer mit den höchsten Windpocken-Impfquoten zum Schuleingang 2018. 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 2019 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 10 Jahren eine Impfempfehlung besteht. Lediglich 8 % der übermittelten Windpocken-Erkrankungen war vollständig geimpft. Erkrankungen nach 2-maliger Impfung sind in der Regel mild verlaufend mit weniger Pusteln und geringerer Ansteckungsfähigkeit. In Laboruntersuchungen von Pustelabstrichen von Geimpften mit klinischem Bild für Windpocken waren die Proben von 2-mal Geimpften in der PCR häufiger negativ als die einmal Geimpfter. 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

Siedler A, Rieck T: *Varizellenimpfempfehlungen der Ständigen Impfkommission werden befolgt*. Monatsschr Kinderheilkd 2018. doi: 10.1007/s00112-018-0472-8

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, 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.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34: 1–65.

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2020; 32/33: 9–27.

STIKO: *Evaluation der Varizellen-Impfempfehlung durch die STIKO, 2019*. Epid Bull 2020; 3: 3–15.

Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020; 2: 3–22.
RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.62 Yersiniose

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **2.168**
- Seit 2012 zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen/Jahr; weiterer Rückgang der Fallzahlen 2018 und 2019 vor allem durch Änderung der Falldefinition
- Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- 13 Ausbrüche mit 31 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia,* insbesondere *Y. enterocolitica,* seltener durch *Y. pseudotuberculosis,* hervorgerufen. 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 (Ausgabe 2019) erfüllen (s. Tab. 6.62.1). 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. Gemäß der aktuellen Falldefinition erfüllt nur die Isolierung der darmpathogenen Erregerspezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

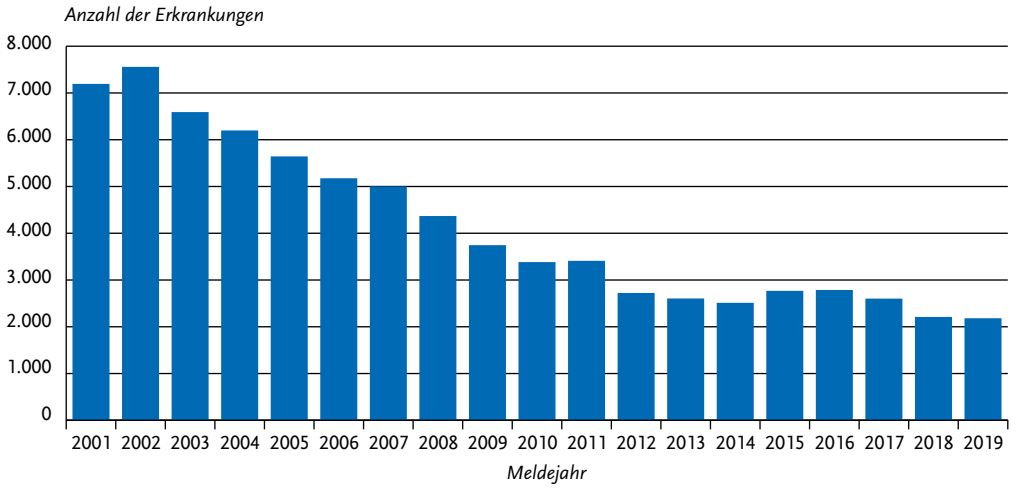
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2019 wurden 2.168 Erkrankungen übermittelt (2018: 2.196). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz hat sich gegenüber dem Vorjahr nicht verändert. Nach einem stetig fallenden Trend der Erkrankungszahlen seit 2002, mit Ausnahme von 2011, ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen von 2012 bis 2017 in etwa gleich geblieben (zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen). Für die Jahre 2018 und 2019 wurde ein Rückgang der übermittelten Erkrankungen auf etwa 2.200 verzeichnet, der vor allem auf die Falldefinitionsänderung zurückzuführen war (s. Abb. 6.62.1). Die höchsten Fallzahlen wurden

Tab. 6.62.1:
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2018 und 2019

Kategorie	2018		2019	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	0 %	13	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.386	88 %	2.477	88 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	54	2 %	60	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	254	9 %	259	9 %
alle	2.698	100 %	2.809	100 %
Referenzdefinition (B+C)	**2.196**	**81 %**	**2.168**	**77 %**

Abb. 6.62.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2019



in den Monaten Mai (222 Erkrankungen), Juli (209) und November (239) verzeichnet. Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war jedoch nicht erkennbar.

Geografische Verteilung

In Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Mecklenburg-Vorpommern lag die Inzidenz im Jahr 2019 über der bundesweiten Inzidenz (2,6 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (12), Sachsen (7) und Sachsen-Anhalt (7) registriert (Abb. 6.62.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 93; Sachsen: 47; Sachsen-Anhalt: 44). In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Thüringen (Zunahme um 10 %), war im Vergleich zum Median der Vorjahre ein Rückgang der Inzidenz zu verzeichnen. Die relative Abnahme der Inzidenz war im Saarland (53 %), in Hamburg (48 %) und Niedersachsen (43 %) am größten (s. Abb. 6.62.2).

Bei 1.129 Erkrankungen (52 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 92 % der Nennungen auf Deutschland und 5 % auf ein anderes europäisches Land entfielen (Mehrfachnennungen möglich). Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (19 Nennungen), Italien (9), die Niederlande, Griechenland und Bulgarien (jeweils 3). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden Kuba (6), Ägypten (5), die Türkei und Thailand (jeweils 4) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigte die höchsten Werte bei Kindern unter 5 Jahren mit einem Gipfel bei den Ein- und 2-Jährigen. Die Inzidenz ging mit zunehmendem Alter zurück und verblieb im Erwachsenenalter auf niedrigem Niveau (<1,5 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.62.3). Männliche Personen (56 %) waren häufiger betroffen als weibliche Personen (44 %) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (3,0 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,2).

Nachgewiesene Erreger

Für 2.155 Erkrankungen (99 %) wurden die *Yersinia*-Spezies übermittelt. Bei den Yersiniosen mit einer Angabe zur Spezies wurde am häufigsten *Y. enterocolitica* (99 %) genannt. Bei 1.070 (87 %) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (8,9 %, n=110) oder O:5,27 (2,3 %, n=29) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordameri-

Abb. 6.62.2:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2019 (n=2.167) im Vergleich mit den Vorjahren

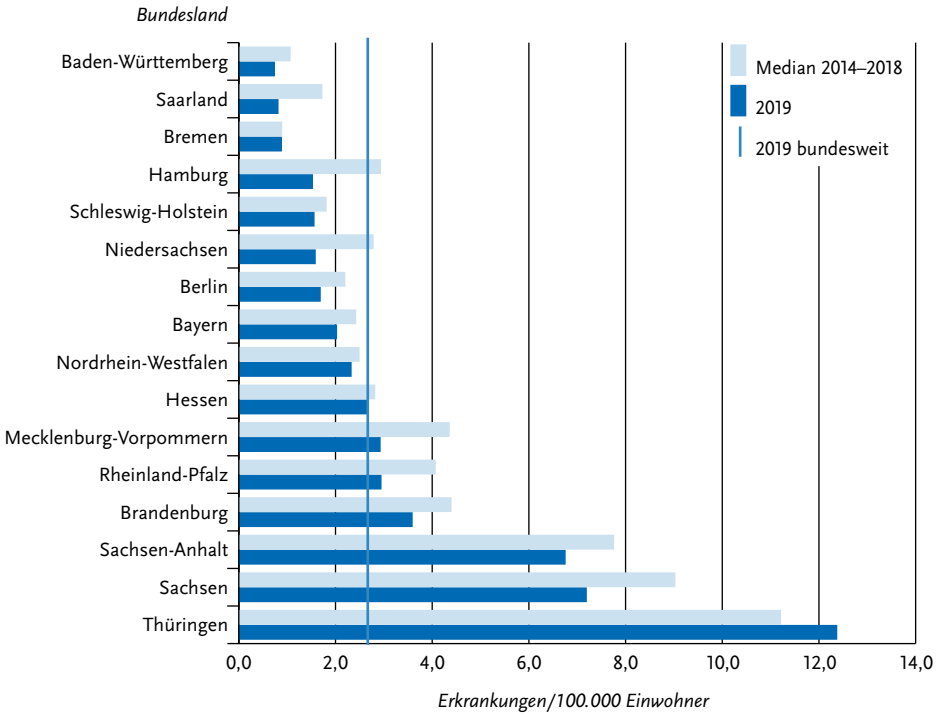
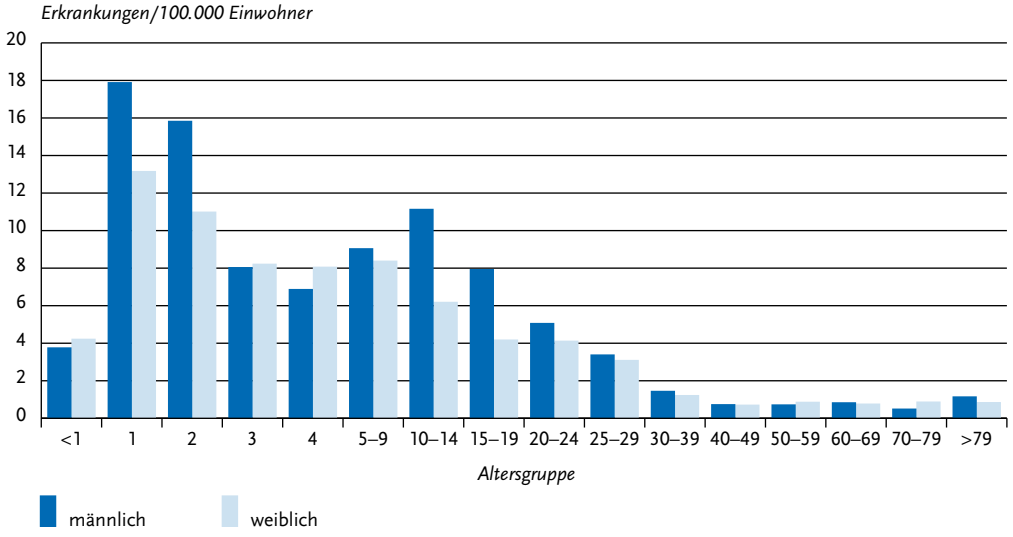


Abb. 6.62.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2019 (n=2.155)



ka endemischer Erregertyp, wurde bei 1,7 % der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt (n=21). Die Spezies *Y. pseudotuberculosis* wurde bei 15 Erkrankungen nachgewiesen (0,7 % der Yersiniosen mit Angabe zur Spezies).

Klinische Aspekte

Für alle 2.168 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (4.700 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (88 %), Bauchschmerzen (76 %) und Fieber (35 %). Im Jahr 2019 wurde ein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt. Es handelte sich um eine Person im Alter von über 80 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 13 Ausbrüche mit insgesamt 31 Erkrankungen übermittelt (2018: 8 Ausbrüche mit 17 Erkrankungen). In 2 Ausbrüchen waren 4 Personen betroffen, in einem Ausbruch 3 Personen und in den übrigen 10 Ausbrüchen jeweils nur 2 Personen. Alle Ausbrüche mit Angaben zum Infektionsumfeld (n=11) ereigneten sich in Privathaushalten. Vier dieser Ausbrüche wurden als lebensmittelbedingt übermittelt.

Fazit

Nach wie vor sind Kinder unter 5 Jahren am häufigsten von einer Yersiniose betroffen. Vor allem in dieser Altersgruppe gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern.

Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hatte in den Jahren von 2002 bis 2012, mit Ausnahme von 2011, kontinuierlich abgenommen. Von 2012 bis 2017 schwankte die jährliche Anzahl der Erkrankungen im Bereich zwischen etwa 2.500 und 2.800. In den Jahren 2018 und 2019 nahm die Anzahl der Erkrankungen auf jeweils etwa 2.200 ab. Gemäß der Falldefinition (Ausgabe 2019) erfüllt nur die Isolierung der darmpathogenen Spezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis. Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen, die die Referenzdefinition nicht erfüllten (2019: 641; 2018: 502), z. B. weil eine andere Erregerspezies angegeben wurde oder Angaben zur Spezies fehlten, hat dementsprechend zugenommen (Median 2012–2017: 265). Die aktuelle Falldefinition wurde nachträglich auch auf die in diesem Kapitel angegebenen Fallzahlen für das Jahr 2018 angewendet.

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. doi: 10.1186/1471-2334-13-236

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. doi: 10.1186/1471-2458-10-337

RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012; 6: 47–51.

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

6.63 Zikavirus-Erkrankung

- Fälle nach Referenzdefinition 2019: **11**
- Abnahme der übermittelten Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- Eine Erkrankung bei einem Laborunfall in Deutschland erworben
- Altersspanne der übermittelten Erkrankungen 15 bis 69 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 Fehlbil-

dungen 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. Seit 2018 konnten alle Gesundheitsämter Fälle in der neuen Zikavirus-Kategorie übermitteln. Für die Referenzdefinition werden alle Erkrankungen gewertet, die mit einem Labornachweis übermittelt wurden und die die klinische Falldefinition erfüllen. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle wurden ausgeschlossen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2019 wurden 11 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2018: 18, 2017: 68). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 0,02 auf 0,01 Erkrankungen/100.000 Einwohner gesunken.

Geografische Verteilung

Zikavirus-Erkrankungen wurden aus 9 Bundesländern übermittelt: 3 Fälle aus Hessen und jeweils ein Fall aus Bayern, Berlin, Hamburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Sachsen und Thüringen.

Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen 3-mal (27 %) in Thailand und je einmal in Kamerun, Kap Verde, Kenia, Malediven, Ozeanien und Deutschland. Der in Deutschland erworbene Fall wurde im Rahmen eines Unfalls in einem Forschungslabor für Zikaviren über eine Schnittverletzung übertragen.

Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 6 (55 %) Frauen und 5 (45 %) Männer. Die Altersspanne betrug 15 bis 69 Jahre. Sieben (64 %) Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen auf, davon waren 5 Frauen. In der Altersgruppe der 40 bis 69-Jährigen wurden 3 (27 %) Fälle diagnostiziert, dabei handelt es sich um 3 Männer.

Klinische Aspekte

Von 10 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 2 Erkrankungen (20 %) eine Hospitalisierung vermerkt. Ein Guillain-Barré-Syndrom wurde bei keinem Fall übermittelt.

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 2019 wurden nochmalig 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.

Die Anzahl der nach Deutschland importierten Zikavirus-Infektionen hängt stark von der Schwankungen unterworfenen epidemiologischen Situation in den Reiseländern sowie der Veränderung von Reiseströmen 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

Wilking H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Ärztebl 2016; 113: 547–549.

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50.

RKI: *Zikavirus-Infektion bei einer Reiserückkehrerin aus Vietnam*. Epid Bull 2016; 42: 467.

6.64 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Erkrankungen durch humanpathogene Bornaviren

Kurzbeschreibung

Zu den humanpathogenen Bornaviren zählen das Borna Disease Virus 1 (BoDV-1) sowie das Variegated Squirrel Borna Virus 1 (VSBV-1).

BoDV-1 ist schon seit Langem als Erreger der Borna'schen Krankheit bei v. a. Pferden und Schafen bekannt. Das Endemiegebiet dieser Tierseuche beschränkt sich dabei auf Teile Süd- und Ostdeutschlands sowie Teile Österreichs, Liechtensteins und der Schweiz. Im Jahr 2018 wurde im Rahmen eines Transplantationsgeschehens das Virus erstmalig als Auslöser von viralen Meningoenzephalitiden beim Menschen nachgewiesen. In der Folge kam es zu mehreren retro- bzw. prospektiven Nachweisen bei Patienten mit Meningoenzephalitiden in Deutschland. Aktuell sind 17 Fälle in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben oder dem RKI mitgeteilt worden, 16 davon verliefen tödlich. Bereits vor einiger Zeit konnte die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon)* als Virusreservoir identifiziert werden. Sie scheidet das Virus in Urin, Kot und Speichel aus. Wie sich der Mensch infiziert oder mit den Ausscheidungen der Feldspitzmaus in Kontakt kommt, ist unklar (weitere Übertragungen durch Organtransplantation sind nicht bekannt). Die Erkrankung verläuft, soweit dies bekannt ist, fulminant mit Fieber, Kopfschmerzen, neurologischen Symptomen und führt innerhalb weniger Tage oder Wochen zu Koma und Tod. Eine kausale Therapie ist nicht bekannt. Es wird davon ausgegangen, dass es jährlich 2 bis 6 akute BoDV-1-Infektionen mit dem klinischen Bild einer Meningoenzephalitis in Deutschland gibt. Das Gebiet, in dem BoDV-1 bei Menschen bisher aufgetreten ist, stimmt offenbar auf dem Endemiegebiet der Borna'schen Krankheit bei Tieren überein und beschränkt sich auf Teile Süd- bzw. Ostdeutschlands. Die Ärzteschaft ist aufgerufen, BoDV-1 differentialdiagnostisch bei unklarer viraler Meningoenzephalitis in Betracht zu ziehen. Bei den bekannten Fällen ist das Geschlechterverhältnis ausgeglichen und es sind alle Altersstufen ab dem 12. Lebensjahr betroffen. Eine ländliche Wohngegend scheint eine Infektion zu begünstigen.

VSBV-1 wurde 2015 erstmalig bei Bunt- und Schönhörnchen (*Sciurus variegatoides* und *Callosciurus prevostii* sowie vereinzelt andere exotische Hörnchenarten) in Deutschland entdeckt und als Erreger tödlich verlaufender Meningoenzephalitiden bei wenigen Hörnchenzüchtenden bzw. Tierpflegenden nachgewiesen. In wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben sind beim Menschen aktuell 4 bestätigte Fälle, ein wahrscheinlicher Fall und 2 mögliche Fälle. Alle Fälle traten in Deutschland auf und sind (außer dem wahrscheinlichen Fall) krankheitsbedingt verstorben. Es wird davon ausgegangen, dass das Virus durch Bisse oder Kratzer vom Hörnchen auf den Menschen übertragen wird. Hörnchen-Haltungen werden vermehrt auf VSBV-1 getestet und positiv getestete Tiere entnommen. Nachweise in Tieren werden seltener, so dass es unklar ist, ob es in den nächsten Jahren zu weiteren Übertragungen von VSBV-1 auf den Menschen kommen wird. Auch bleiben Fragen zum Virusreservoir offen: Es ist noch unklar, ob die ersten infizierten exotischen Hörnchen das Virus aus ihrer Heimat Mittelamerika bzw. Asien mitgebracht haben oder sich in Europa infiziert haben. Hinweise auf ein anderes Reservoir gibt es aktuell nicht.

Situation in Deutschland

Der direkte Virusnachweis von humanpathogenen Bornaviren ist seit dem 01.03.2020 gemäß § 7 IfSG meldepflichtig. Vereinzelt wurden auch schon vorher Fälle in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheit« an das RKI übermittelt. Deutlich mehr Fälle wurden in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben.

BoDV-1

Bisher wurden insgesamt 6 BoDV-1-Fälle an das RKI übermittelt, jeweils 3 in den Jahren 2018 und 2019. Alle Fälle wurden aus Bayern übermittelt.

VSBV-1

Nur der bestätigte Fall einer 2013 verstorbenen Tierpflegerin wurde bislang an das RKI übermittelt.

Literaturhinweise

Niller HH, Angstwurm K, Rubbenstroth D, et al.: *Zoonotic spillover infections with Borna disease virus 1 leading to fatal human encephalitis, 1999–2019: an epidemiological investigation*. Lancet Infect Dis 2020. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30546-8

Pörtner K, Frank C, Schmidt-Chanasit J, Beer M, Rubbenstroh D, Tappe D: *Bornavirus-Infektionen: Hohe Letalität durch fulminante Meningoenzephalitiden*. Dtsch Arztebl 2019; 116: A-2350/B-1930/C-1872.

Schlottau K, Forth L, Angstwurm K, et al.: *Fatal Encephalitic Borna Disease Virus 1 in Solid-Organ Transplant Recipients*. N Engl J Med. 2018; 379: 1377–1379.

Tappe D, Frank C, Offergeld R, et al.: *Low prevalence of Borna disease virus 1 (BoDV-1) IgG antibodies in humans from areas endemic for animal Borna disease of Southern Germany*. Sci Rep. 2019. https://doi.org/10.1038/s41598-019-56839-4

Tappe D, Frank C, Homeier-Bachmann T, et al.: *Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018*. Euro Surveill. 2019. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800483

RKI (2019): *Informationen zur Vermeidung von Infektionen mit dem Borna Disease Virus*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/B/Bornavirus/Merkblatt.pdf?__blob=publicationFile

Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)

Kurzbeschreibung

Am 31.12.2019 wurde das WHO-Landesbüro in China über eine Häufung von Lungenentzündungen mit unklarer Ursache in Wuhan, einer Metropole mit 11 Millionen Einwohnern in der Provinz Hubei informiert. Die chinesischen Behörden haben am 07.01.2020 ein neuartiges Coronavirus als Ursache der Erkrankungen identifiziert. Das Virus SARS-CoV-2 gehört wie das SARS-Virus zu den beta-Coronaviren und verursacht die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) führen. Die Erkrankung führt in einem weiten Spektrum von leichten und milden Krankheitsverläufen bis hin zu schweren Atemwegserkrankungen mit sauerstoff- und beatmungspflichtigen und tödlichen Verläufen. Untersuchungen des Virusgenoms legen nahe, dass der Ausbruch seinen Ursprung auf einen Tier- und Lebensmittelmarkt in Wuhan hatte, wo es zu einer Übertragung des Erregers vom Tier auf den Menschen gekommen sein könnte. Die genaue Quelle des Erregers ist weiter ungeklärt. Es wird vermutet, dass das Virus von Fledermäusen stammt, wobei unklar ist, ob es direkt oder über weitere Tierspezies als Zwischenwirte auf den Menschen übergesprungen ist. Von Wuhan ausgehend hat sich der Ausbruch im Januar 2020 zur Epidemie in weiten Teilen Chinas ausgebreitet.

Am 13. Januar 2020 wurde die erste laborbestätigte Infektion mit SARS-CoV-2 in Thailand – und damit erstmals außerhalb der Volksrepublik China – gemeldet. Der erste Fall außerhalb von Asien wurde am 23. Januar 2020 in den Vereinigten Staaten von Amerika verzeichnet. In Deutschland wurde die erste laborbestätigte Infektion am 27. Januar 2020 in Bayern bekannt. Dies war zudem der erste nachgewiesene Fall in Europa. Der Fall gehörte zu einem Ausbruchscluster, bei dem sich mehrere Mitarbeiter einer Firma bei einer infizierten Kollegin aus China angesteckt hatten.

Am 30. Januar 2020 rief die Weltgesundheitsorganisation (WHO) eine gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite aus (PHEIC) aus, am 11. März 2020 folgte die offizielle Erklärung zur Pandemie.

In vielen Ländern führt die Pandemie zu einer starken Belastung des Gesundheitswesens. Die Pandemie ist zwischenzeitlich durch massive Einschnitte in das öffentliche Leben der Gesellschaft und in das Privatleben ihrer Bürger sowie durch eine Wirtschaftskrise gekennzeichnet.

Situation in Deutschland

Aktuelle Informationen zur epidemiologischen Situation in Deutschland finden sich im Lagebericht des RKI: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html

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 31.01.2020 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 2.519 Fälle, davon starben 866 (34 %). Zwischen dem 20.02.2019 und 31.01.2020 wurden 161 Fälle, darunter 10 Todesfälle aus Saudi-Arabien, den Vereinigten Arabischen Emiraten und Oman gemeldet.

Ein Großteil der bekannten Fälle mit Information zu Alter und Geschlecht waren über 40 Jahre alte Männer. 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 27 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 2019 nicht geändert. Nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft sind Dromedare die wichtigste Wirtspezies für MERS-CoV und stellen die bisher einzige nachgewiesene Quelle für Infektionen beim Menschen dar. Infektionen 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 Ausbrüchen in Krankenhäusern 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 zwar kontinuierlich zurückgegangen, in 2019 war die Zahl von Krankenhaus-assoziierten Fällen im Vergleich zu außerhalb des medizinischen Bereichs erworbenen Infektionen wieder etwas höher als im Jahr 2018. 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 Infektionen 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. Seit 2015 wurde kein MERS-Fall mehr in Deutschland übermittelt. Seit dem 01.03.2020 ist der direkte oder indirekte Nachweis von MERS-CoV gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 31a IfSG meldepflichtig, soweit der Nachweis auf eine akute Infektion hinweist.

Literaturhinweise

WHO: *MERS situation update, January 2020*. http://www.emro.who.int/health-topics/mers-cov/mers-outbreaks.html

RKI: *Informationen zu MERS*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/M/MERS_Coronavirus/MERS_Coronavirus.html

Corman VM, Lienau J, Witzenrath M: *Coronaviren als Ursache respiratorischer Infektionen*. Internist 2019. https://doi.org/10.1007/s00108-019-00671-5

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.

Buchholz U, Müller MA, Nitsche A, et al.: *Contact investigation of a case of human novel coronavirus infection treated in a German hospital, October–November 2012*. Euro Surveill 2013. https://doi.org/10.2807/ese.18.08.20406-en

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019
Robert Koch-Institut, Berlin, 2020

Herausgeber
Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin
Internet: www.rki.de
E-Mail: zentrale@rki.de
Twitter: @rki_de

Redaktion
Mona Askar, Abteilung für Infektionsepidemiologie

Satz
fotosatz voigt, Berlin

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 2019, Berlin 2020

ISBN
ISBN: 978-3-89606-306-9
DOI: 10.25646/6948

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.