

**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2020**



**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2020**

Datenstand: 1. März 2021

Vorwort

Noch nie zuvor wurden die Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) mit so großer Aufmerksamkeit beobachtet wie während der COVID-19-Pandemie. Selbst nach 1,5 Jahren Pandemiedauer sind die Fallzahlen und 7-Tage-Inzidenzen fester Bestandteil der nationalen Medienberichterstattung. Die Meldedaten sind neben Daten aus anderen Surveillancesystemen eine essentielle Grundlage für die Lage- und Risikobewertung des RKI. Politische Entscheidungen und Maßnahmen leiten sich unmittelbar aus den wichtigsten Kennzahlen und Indikatoren ab.

Das Meldesystem gemäß IfSG hat während der COVID-19-Pandemie kontinuierlich und zuverlässig tagesaktuelle Daten zur Verfügung gestellt und konnte aufgrund stetig wachsender wissenschaftlicher Erkenntnisse und Informationsbedürfnisse kontinuierlich und flexibel angepasst werden. So werden z. B. seit dem Auftreten der ersten SARS-CoV2-Varianten zusätzliche Angaben für die integrierte molekulare Surveillance (IMS) im Meldesystem erfasst. Mit dem Beginn der Impfkampagne kann auf Basis der Meldedaten die Anzahl wahrscheinlicher Impfdurchbrüche und eine grobe Schätzung der Impfeffektivität vorgenommen werden. Ebenso wird das Auftreten von Reinfektionen eng beobachtet. So werden Erkenntnisse gewonnen, wie lange eine Immunität bei genesenen Personen besteht.

Das bedeutet jedoch auch, dass die Daten tagtäglich in den Gesundheitsämtern verarbeitet werden und zusätzliche Informationen ermittelt werden, auch an Feiertagen und am Wochenende. Im Vordergrund steht hierbei jedoch, dass auf Basis der ermittelten Informationen adäquate Maßnahmen für den Infektionsschutz vor Ort getroffen werden können. Dabei ist es erforderlich, dass die Daten mit größter Sorgfalt erhoben und qualitätsgesichert werden, da sie als Grundlage für weitreichende Maßnahmen dienen, die teilweise in die Grundrechte von uns allen eingreifen. Diese Maßnahmen, die fortlaufend an die nationale und internationale Lage und Evidenz adaptiert werden, waren der Schlüssel zum bisherigen Erfolg der Pandemiebewältigung in Deutschland.

Die COVID-19-Pandemie hat zu einer massiven Belastung des ÖGD geführt. Alle Beteiligten haben herausragende Arbeit geleistet und dabei häufig bis an die Belastungsgrenze und darüber hinaus gearbeitet. Hierbei sind auch die Herausforderungen in unserem Gesundheitssystem und im ÖGD deutlich geworden. Mangelnde Ressourcen, eine ausbaufähige Digitalisierung und zu geringe Vernetzung, waren in dieser Zeit zusätzliche Hürden. Mit dem Pakt für den ÖGD wird die positive Weiterentwicklung der genannten Themen von Bundesseite bis 2026 unterstützt.

Gerade im Bereich Digitalisierung des ÖGD haben wir im Jahr 2020 mit der erfolgreichen Umsetzung der ersten Ausbaustufe des Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystems für den Infektionsschutz (DEMIS) einen wichtigen Meilenstein erreicht. Die Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen an das Gesundheitsamt erfolgt nun ausschließlich elektronisch. Es sind bereits alle Gesundheitsämter sowie über 440 Labore an DEMIS angebunden. Die Nutzung von DEMIS für den Empfang von elektronischen Meldungen ist mittlerweile in den Gesundheitsämtern Routine geworden und hat einige Erleichterungen für Labore und den ÖGD mit sich gebracht. Schon zum 01.01.2022 sollen auch die Meldungen aller ande-

ren Erregernachweise über DEMIS erfolgen. Zum 01.01.2023 sollen alle Meldungen gemäß IfSG über DEMIS erfolgen und alle relevanten Akteure im Infektionsschutz an DEMIS angebunden sein.

Es ist wichtig zu verstehen, dass DEMIS nicht nur die Meldefunktionalität umsetzen wird, sondern auch zahlreiche weitere Funktionen für die Akteure des Infektionsschutzes und insbesondere für den ÖGD zur Verfügung stellt. Daher wird DEMIS sukzessive weiter als zentrale digitale Infrastruktur für den Infektionsschutz ausgebaut. So soll DEMIS den Datenaustausch innerhalb des ÖGD, horizontal zwischen Gesundheitsämtern, aber auch vertikal zwischen Gesundheitsämtern, Landesbehörden und RKI sowie zwischen weiteren Akteuren unterstützen. DEMIS wird zentral bundesweite gemeinsam abgestimmte Standards umsetzen und so die Interoperabilität zwischen verschiedenen Anwendungen sicherstellen. Dadurch sollen Daten und Informationen unter Berücksichtigung der aktuellen Anforderungen an Datenschutz und Datensicherheit zukünftig mit besserer Qualität und zeitnäher auf allen Ebenen zur Verfügung stehen. Mit der Bereitstellung von zentralen Diensten und Funktionen in DEMIS wird auch die Software, die für das Fall- und Kontaktpersonenmanagement eingesetzt wird, nutzerfreundlicher und grundlegend neu gestaltet. Wir freuen uns, gemeinsam mit Ihnen in den nächsten Jahren mit DEMIS das Melde- und Informationssystem der Zukunft zu entwickeln.

Sicher war COVID-19 die alles dominierende Infektionskrankheit im letzten Jahr, nichtsdestotrotz möchten wir Ihnen die Möglichkeit geben, alle Meldedaten des vergangenen Jahres in bewährter strukturierter Weise zu betrachten.

Allerdings erschwert die COVID-19-Pandemie den Vergleich der Meldedaten mit denen der Vorjahre. Die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie hatten und haben neben den Auswirkungen auf die Verbreitung von COVID-19 auch erhebliche Auswirkungen auf das Auftreten anderer meldepflichtiger Infektionskrankheiten. Dies zeigt, dass jeder einzelne durch das Einhalten von einfachen Hygieneregeln nicht nur einen Beitrag zur Eindämmung der Pandemie leistet, sondern auch die Ausbreitung von anderen Infektionskrankheiten beeinflussen kann.

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 Infektions-epidemiologischen Jahrbuchs möglich.

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

Inhalt

Vorwort	3
Beteiligte Personen	7
Abkürzungen	8
1 Zusammenfassung	9
Executive Summary	11
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen	13
2.2 Datengrundlage	18
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	22
3 Datenqualität	23
3.1 EDV-technische Unterstützung	23
3.2 Sicherung der Datenqualität	23
3.3 Vollständigkeit der Erfassung	24
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	25
3.5 Zeitnähe	26
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	29
4.1 Inzidenzen	29
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	29
4.3 Klinische Aspekte	32
4.4 Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten	34
5 Ausbrüche	37
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	38
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	39
6 Spezielle Krankheiten	43
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	43
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis	47
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige	50
6.4 Bornavirus-Erkrankung	50
6.5 Botulismus	51
6.6 Brucellose	53
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis	53
6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung	56
6.9 Cholera	58
6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	58
6.11 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	60
6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)	63
6.13 Denguefieber	66
6.14 Diphtherie	69
6.15 Echinokokkose	71
6.16 EHEC-Erkrankung	74
6.17 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	77
6.18 Fleckfieber	81
6.19 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)	81
6.20 Giardiasis	85
6.21 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	88
6.22 Hantavirus-Erkrankung	91
6.23 Hepatitis A	94
6.24 Hepatitis B	98
6.25 Hepatitis C	103
6.26 Hepatitis D	107
6.27 Hepatitis E	109
6.28 HIV-Infektion	111
6.29 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	116

6.30	Influenza	118
6.31	Keuchhusten	125
6.32	Kryptosporidiose	130
6.33	Läuserückfallfieber	132
6.34	Legionellose	133
6.35	Lepra	137
6.36	Leptospirose	138
6.37	Listeriose	139
6.38	Malaria	142
6.39	Masern	146
6.40	Meningokokken, invasive Infektion	151
6.41	Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	155
6.42	Milzbrand	156
6.43	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	156
6.44	Mumps	159
6.45	Norovirus-Gastroenteritis	163
6.46	Ornithose	167
6.47	Paratyphus	168
6.48	Pest	169
6.49	Poliomyelitis	169
6.50	Q-Fieber	169
6.51	Rotavirus-Gastroenteritis	171
6.52	Röteln	176
6.53	Salmonellose	179
6.54	Shigellose	182
6.55	Syphilis	185
6.56	Tollwut	188
6.57	Toxoplasmose, konnatale Infektion	189
6.58	Trichinellose	190
6.59	Tuberkulose	191
6.60	Tularämie	195
6.61	Typhus abdominalis	196
6.62	Virale Hämorrhagische Fieber	197
6.63	West-Nil-Virus-Erkrankung	199
6.64	Windpocken	200
6.65	Yersiniose	204
6.66	Zikavirus-Erkrankung	207
6.67	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	207
	Impressum	210

Autorinnen und Autoren

Mona Askar
Susanne Behnke
Sonia Boender
Johannes Boucsein
Michael Brandl
Viviane Bremer
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Sofia Burdi
Wei Cai
Michaela Diercke
Sandra Dudareva
Tim Eckmanns
Julia Enkelmann
Werner Espelage
Mirko Faber
Gerd Falkenhorst
Christina Frank
Sofie Gillesberg Raiser
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Barbara Hauer
Wiebke Hellenbrand
Alexandra Holzer
Klaus Jansen
Kerstin Kling
Anja Klingeberg
Judith Koch
Raskit Lachmann
Ulrich Marcus
Adine Marquis
Dorothea Matysiak-Klose
Emily Meyer
Kai Michaelis
Felix Moek
Inge Mücke
Teresa Nygren
Antonia Pilic
Annicka Reuß
Bettina Rosner
Katrin Rothe
Mirco Sandfort
Julia Schilling
Nicole Schmidt
Madlen Schranz
Viktoria Schönfeld
Anette Siedler
Claudia Siffczyk
Ida Sperle-Heupel
Doreen Staat
Klaus Stark
Gyde Steffen
Anja Takla
Alexander Ullrich
Sabine Vygen-Bonnet
Hendrik Wilking
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Mona Askar
Hermann Claus
Michaela Diercke
Adine Marquis
Inge Mücke
Claudia Siffczyk

Weitere beteiligte Personen

Theresa Brüll
Helena Heese
Alexandra Holzer
Sabine Ritter
Andrea Sailer
Juliane Seidel
Angelina Taylor

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 (Coronavirus disease 2019)
DEMIS	Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EHEC	Enterohämorrhagische <i>Escherichia coli</i>
Einw.	Einwohner
ELISA	Enzyme Linked Immunosorbent Assay
Erkr.	Erkrankungen
FD	Falldefinition
FSME	Frühsommer-Meningoenzephalitis
GA	Gesundheitsamt
HIV	Humanes Immundefizienz-Virus
HUS	Hämolytisch-urämisches Syndrom
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IGV	Internationale Gesundheitsvorschriften
IPV	inaktivierte Polio-Vakzine
ISO	International Organization for Standardization
i.m.	intramuskulär
i.v.	intravenös
LK	Landkreis
MALDI-TOF-MS	matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight Massenspektrometrie
MERS-CoV	Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus
MRSA	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
MSM	Männer, die Sex mit Männern haben
NAT	Nukleinsäure-Amplifikationstest
NRZ	Nationales Referenzzentrum
OPV	orale Polio-Lebendvakzine
PFGE	Pulsfeld-Gelelektrophorese
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
PLZ	Postleitzahl
RD	Referenzdefinition
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
RT-PCR	Real-time PCR
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) übermittelten bzw. gemeldeten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet.

Die alles dominierende meldepflichtige Infektionskrankheit im Jahr 2020 war die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19). Die COVID-19-Pandemie hat nicht nur zu einer enormen Belastung des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) geführt, sondern sich auch in verschiedenster Weise auf das Auftreten und die Erfassung von anderen meldepflichtigen Infektionskrankheiten ausgewirkt. Um diese Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten besser erfassen zu können, werden im Kapitel 4.4 weitergehende Analysen dargestellt, mit denen der Unterschied zwischen den für das Jahr 2020 erwarteten Fallzahlen und den tatsächlichen Fallzahlen quantifiziert wird.

Verglichen mit dem Zeitraum vor der COVID-19-Pandemie ist im Jahr 2020 die Anzahl der übermittelten Fälle für fast alle meldepflichtigen Infektionskrankheiten deutlich zurückgegangen. Der stärkste Rückgang wurde bei von Mensch zu Mensch übertragbaren Krankheiten beobachtet. Besonders starke Rückgänge der Fallzahlen konnten bei **Masern**, **Keuchhusten** und **invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektionen** festgestellt werden.

Auch gastrointestinale Krankheiten zeigten einen starken Rückgang. Besonders stark war dieser bei **Rotavirus-Gastroenteritis**, **Shigellose** und **Norovirus-Gastroenteritis** ausgeprägt.

Auch für nosokomiale Infektionen wurden signifikante Veränderungen beobachtet, besonders stark war der Rückgang für die Infektion/Kolonisation mit ***Acinetobacter* spp.** mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit. Für sexuell und durch Blut übertragbare Infektionen wie **HIV-Infektionen** konnte ebenfalls ein Rückgang beobachtet werden.

Klassische reiseassoziierte Krankheiten, wie z. B. **Denguefieber**, **Malaria**, **Typhus**, sowie Krankheiten wie die Legionellose bei der ein nicht unerheblicher Teil der Fälle auf Reisen erworben werden, wurden ebenfalls deutlich seltener übermittelt.

Einzig für die **Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)** war eine Zunahme der übermittelten Fälle zu verzeichnen.

Die Gründe für die zum Teil stark ausgeprägten Rückgänge sind vielschichtig, krankheits- bzw. erregerspezifisch und können basierend auf den Meldedaten allein nicht kausal geklärt werden. Neben einem tatsächlichen Rückgang von Infektionskrankheiten in der Bevölkerung können im Rahmen der COVID-19-Pandemie eine Reihe von Faktoren zu den veränderten Fallzahlen geführt haben. So können Veränderungen der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen eine Rolle spielen, aber insbesondere auch die im Zuge der COVID-19-Pandemie getroffenen Public-Health-Maßnahmen, z. B. Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln, aber auch Schul- und Kita-Schließungen und Reisebeschränkungen können zu einer echten Veränderung der Übertragungsdynamik verschiedener Infektionskrankheiten geführt haben.

Die Zunahme der FSME-Fallzahlen könnte durch ein verändertes Freizeitverhalten der Bevölkerung mit vermehrten Aufenthalten in der Natur erklärt werden. Weiterhin könnten höhere Zeckenzahlen und eine höhere Virusdurchseuchungsrate der Zecken als in Vorjahren mit dem Anstieg in Verbindung stehen.

Trotz des starken Rückgangs der Fallzahlen zählen wie in den Vorjahren **Influenza**, die **Windpocken**, die gastrointestinalen Krankheiten **Norovirus-Gastroenteritis**, ***Campylobacter*-Enteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis** zu den häufigsten meldepflichtigen Infektionskrankheiten.

Die Anzahl der übermittelten **Influenza**-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2019/20 spiegeln einen moderaten Verlauf der Grippewelle wider. Mit einer Dauer von insgesamt 11 Wochen verlief die Grippewelle im Jahr 2020 im Vergleich zu vorangegangenen Saisons kürzer.

Zudem verdeutlicht die **COVID-19**-Pandemie und das Auftreten von besorgniserregenden Virusvarianten Ende 2020 auch die zunehmende Bedeutung einer integrierten molekularen Surveillance, bei der die Ergebnisse aus der Typisierung gemeinsam mit den Daten aus dem Meldesystem gemäß IfSG bewertet werden. So ist die Genotypisierung von Masernviren Grundlage für die Einschätzung der Länge von Transmissionsketten und damit unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des Standes der Elimination der **Masern** in Deutschland. Im Rahmen der Untersuchung von lebensmittelbedingten Ausbrüchen konnte z. B. bei der **Listeriose** durch die Untersuchung der Genomsequenzen der Listerien-Isolate mehrere bundeslandübergreifende Listeriose-Ausbrüche identifiziert werden. Zudem kann über den Vergleich der Isolate von den betroffenen Personen und aus den kontaminierten Lebensmitteln das wahrscheinliche Ausbruchsvehikel identifiziert werden.

Nach einer ersten autochthonen **West-Nil-Virus (WNV)-Infektion** in Deutschland 2018 wurden 2019 schon 5 und 2020 insgesamt 20 Infektionen autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche. Das Virus ist in der Lage, in Deutschland zu überwintern und wird vor allem von in Deutschland weit verbreiteten Stechmücken der Gattung *Culex* übertragen. In den nächsten Jahren muss die epidemiologische Situation weiter aufmerksam beobachtet werden.

Das Infektionsschutzgesetz wird regelmäßig an die sich verändernde epidemiologische Situation in Deutschland und international angepasst. Meldepflichtig gemäß § 7 IfSG sind nun auch die Nachweise von **humanpathogenen Bornaviren** und **Middle-East-Respiratory-Syndrome-Coronavirus (MERS-CoV)**, für die es nun auch im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2020 eigene Kapitel gibt. Neu ist ebenfalls die Meldepflicht für den Nachweis von ***Neisseria gonorrhoeae*** mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon. Diese Daten werden erst seit März 2020 erfasst und liegen daher noch nicht für einen gesamten Jahreszeitraum vor. Daher werden sie noch nicht systematisch im Rahmen des Jahrbuchs ausgewiesen.

Executive Summary

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

The coronavirus disease (**COVID-19**) was the main notifiable infectious disease in 2020. The COVID-19 pandemic placed not only an enormous burden on the public health system in Germany, it has also affected the incidence and detection of other notifiable infectious diseases. In order to better understand the impact of the COVID-19 pandemic on other notifiable infectious diseases, chapter 4.4 presents further analyses of the difference between the expected number of cases and the actual number of cases for 2020.

Compared to the period before the COVID-19 pandemic, the number of cases of almost all notifiable infectious diseases reported in 2020 decreased substantially. The most notable reduction was observed for human to human communicable diseases. There were particularly large reductions in the number of cases for **measles**, **whooping cough** and **invasive *Haemophilus influenzae* infections**.

There was also a large reduction in gastrointestinal diseases. This was especially pronounced for **rotavirus gastroenteritis**, **shigellosis** and **norovirus gastroenteritis**.

Substantial changes were also observed for nosocomial infections, with particularly notable reductions for ***Acinetobacter* spp.** infection/colonisation with reduced carbapenem susceptibility. A reduction was also observed for sexually transmitted infections and blood-borne infections such as **HIV** infections.

Typical travel-related diseases such as **dengue fever**, **malaria**, **typhoid fever** as well as diseases such as **Legionnaire's disease**, of which a proportion of cases in Germany tend to be acquired during travel, were also reported much less frequently.

Tick-borne encephalitis (TBE) was the only infectious disease that showed an increase in the number of cases reported.

The reasons for the reductions are complex and different for each disease and pathogen. Causality cannot be established by the reported data alone. In addition to an actual reduction in infectious diseases in the population, a number of factors relating to the COVID-19 pandemic may have led to the changes in the number of cases. Changes in the use of or access to health-care services may play a role, but the public health measures taken to address the COVID-19 pandemic in particular, such as contact restrictions, distancing and hygiene rules as well as school and day-care centre closures and travel restrictions, may have led to a real change in the transmission dynamics of various infectious diseases.

The increase in TBE case numbers could be explained by changes in behaviours relating to leisure time, with many people tending to spend more time in nature. In addition, this increase could be linked to a larger tick population and a higher virus contamination rate of ticks than in previous years.

Despite the large decrease in the number of cases of **influenza**, **chickenpox**, the gastrointestinal diseases **norovirus gastroenteritis**, ***Campylobacter* enteritis** and **rotavirus gastroenteritis**, these infectious diseases continue to remain among the most frequently notified.

The reported **influenza** cases and data from the Working Group Influenza (AGI) sentinel for the 2019/20 season indicate a moderate influenza season. The influenza wave lasted a

total duration of 11 weeks in 2020, which is shorter compared to previous seasons.

In addition, the **COVID-19** pandemic and the emergence of variants of concern (VOC) at the end of 2020 also illustrate the increasing importance of integrated molecular surveillance. The results from sequencing are assessed together with the data from the mandatory notification system for infectious diseases. For example, genotyping of measles viruses is essential for estimating the length of transmission chains and is therefore a prerequisite for verifying the status of **measles** elimination in Germany. Sequencing also helped to identify several **listeriosis** outbreaks across federal states through foodborne outbreak investigations. By comparing the isolates from the affected individuals and from the contaminated food, the probable vehicle of the outbreak could be identified.

After the first mosquito-borne **West Nile virus (WNV) infection** in Germany in 2018, 5 infections were acquired in Germany in 2019 and a total of 20 in 2020 – presumably through mosquito bites. The virus is able to overwinter in Germany and is transmitted mainly by mosquitoes from the genus *Culex*, which are widespread in Germany. The epidemiological situation must continue to be closely monitored over the coming years.

The Infection Protection Act is regularly adapted to the changing epidemiological situation in Germany and internationally. According to § 7 IfSG, the detection of **human pathogenic Borna disease viruses** and **Middle East respiratory syndrome-related coronavirus (MERS-CoV)** have become notifiable pathogens and are now covered in new chapters in this Infectious Disease Epidemiology Annual Report 2020. ***Neisseria gonorrhoeae*** with reduced susceptibility to azithromycin, cefixime or ceftriaxone must now also be notified. These data have only been collected since March 2020 and are therefore not yet available for an entire annual period. They are therefore not yet reported in this annual report.

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 in Bezug auf die jeweilige 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-MeldAnpV) 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 Meldesystem 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 verbessert haben. 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 Änderung 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 Choleravibrien auf die Nicht-Choleravibrien. 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 2020 berücksichtigt.

Gesetzesänderungen im Rahmen der COVID-19-Pandemie

Zur besseren Bewältigung der COVID-19-Pandemie wurden zahlreiche Anpassungen des Infektionsschutzgesetzes vorgenommen. Insbesondere wurde seit 01.02.2020 zunächst mit der Verordnung über die Ausdehnung der Meldepflicht nach § 6 Absatz 1 Satz 1 Nummer 1 und § 7 Absatz 1 Satz 1 des Infektionsschutzgesetzes auf Infektionen mit dem erstmals im Dezember 2019 in Wuhan/Volksrepublik China aufgetretenen neuartigen Coronavirus (»2019-nCoV«) die Meldepflicht für den Verdacht die Erkrankung und den Tod in Bezug auf COVID-19 und den Nachweis von SARS-CoV-2 eingeführt, die seit 23.05.2021 mit dem Zweiten Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite langfristig in das Infektionsschutzgesetz integriert wurde. Zudem gab es zahlreiche weitere Änderungen, die unter anderem die Melde- und Übermittlungsinhalte, die Meldewege und die zur Meldung verpflichteten Personen betreffen.

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.

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

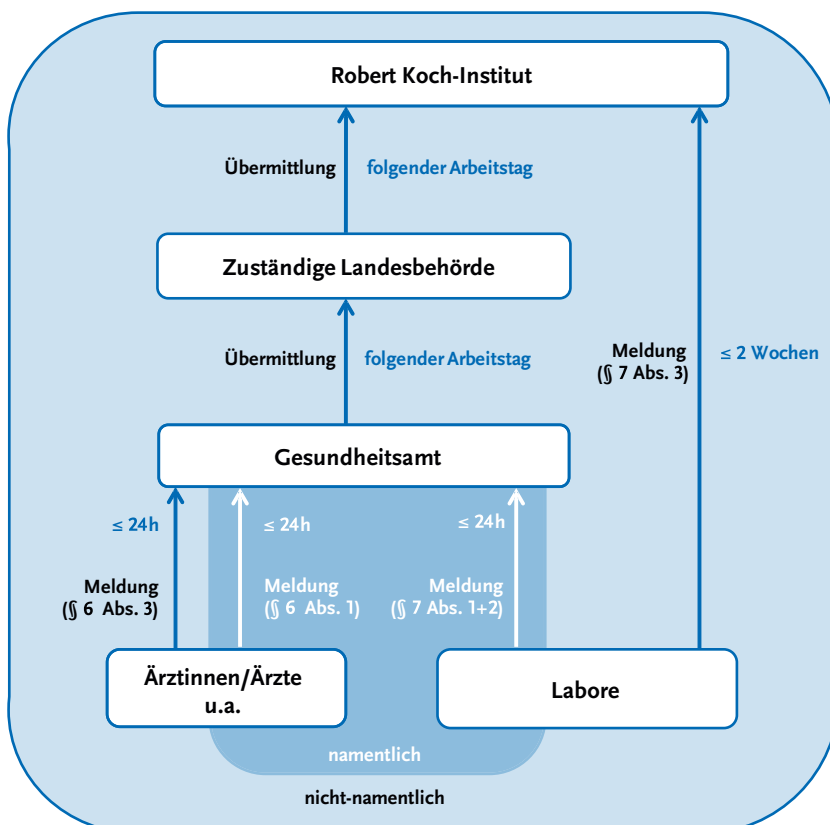
Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen (zwei oder mehr nosokomiale Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird) ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Gemäß § 10 Abs. 1 IfSG muss die Meldung einfallbasierte 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.

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	Einzelfallkontrolle am RKI ¹
		Arztmeldung ²	Labormeldung ³	Labormeldung ³	
6.1	<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ⁴		■		
6.2	Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.3	Arbovirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.4	Bornavirus-Erkrankung ⁵		■		■
6.5	Botulismus	■	■		■
6.6	Brucellose		■		■
6.7	<i>Campylobacter</i> -Enteritis		■		
6.8	Chikungunyavirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.9	Cholera	■	■		■
6.10	CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/vCJK (variante CJK)	■			■
6.11	<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	■ ⁶			■
6.12	Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) ⁷	■	■		
6.13	Denguefieber	■ ⁸	■		■
6.14	Diphtherie	■	■		■
6.15	Echinokokkose			■	
6.16	EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.17	Enterobacterales-Infektion oder –Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ⁴		■		
6.18	Fleckfieber		■		■
6.19	FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.20	Giardiasis		■		
6.21	<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion		■		■
6.22	Hantavirus-Erkrankung	■ ⁸	■		
6.23	Hepatitis A	■	■		
6.24	Hepatitis B	■	■		
6.25	Hepatitis C	■	■		
6.26	Hepatitis D	■	■		■
6.27	Hepatitis E	■	■		
6.28	HIV-Infektion			■	
6.29	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ ⁹		■
6.30	Influenza	■ ¹⁰	■		■ ¹⁰
6.31	Keuchhusten ¹¹	■	■		■ ¹²
6.32	Kryptosporidiose		■		
6.33	Läuserückfallfieber		■		■
6.34	Legionellose		■		
6.35	Lepra		■		■
6.36	Leptospirose		■		■
6.37	Listeriose		■		
6.38	Malaria			■	
6.39	Masern	■	■		
6.40	Meningokokken, invasive Infektion	■	■		
6.41	Middle East Respiratory Syndrome (MERS) ⁵		■		■

		Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfallkontrolle am RKI ¹
		Arztmeldung ²	Labormeldung ³	Labormeldung ³	
6.42	Milzbrand	■	■		■
6.43	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion ¹³		■		
6.44	Mumps ¹¹	■	■		
6.45	Norovirus-Gastroenteritis		■		
6.46	Ornithose		■		■
6.47	Paratyphus	■	■		■
6.48	Pest	■	■		■
6.49	Poliomyelitis	■	■		■
6.50	Q-Fieber		■		■
6.51	Rotavirus-Gastroenteritis		■		
6.52	Röteln, konnatale Infektion ¹⁴ Röteln, postnatale Infektion ¹¹	■ ■	■ ■		■
6.53	Salmonellose		■		
6.54	Shigellose		■		
6.55	Syphilis			■	
6.56	Tollwut	■	■		■
6.57	Toxoplasmose, konnatale Infektion			■	
6.58	Trichinellose		■		■
6.59	Tuberkulose	■ ⁶	■		
6.50	Tularämie		■		■
6.61	Typhus abdominalis	■	■		■
6.62	Virale hämorrhagische Fieber, sonstige ¹⁵	■	■		■
6.63	West-Nil-Virus-Erkrankung ⁴		■		■
6.64	Windpocken ¹¹	■	■		
6.65	Yersiniose		■		
6.66	Zikavirus-Erkrankung ⁴		■		■

¹ Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

² Meldung des Verdachts, der Erkrankung und des Todes gemäß § 6 IfSG (in der Regel durch Ärztinnen/Ärzte)

³ Labordiagnostischer Nachweis meldepflichtig gemäß § 7 IfSG (in der Regel durch das Labor)

⁴ Meldepflicht seit 01.05.2016

⁵ Meldepflicht seit 01.03.2020

⁶ Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

⁷ Meldepflicht seit 01.02.2020

⁸ nur bei hämorrhagischem Verlauf

⁹ Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

¹⁰ Nur bei zoonotischer Influenza

¹¹ Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

¹² Bei unter 1-jährigen

¹³ Meldepflicht seit 01.07.2009

¹⁴ Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

¹⁵ Gilt auch für Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

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 gehäuftes 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.

Tab. 2.2.1:
Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitions-kategorien

Übermittlungskategorie	Falldefinitions-kategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-Erkrankung		■	■		
Arbovirus-Erkrankung, Chikungunyavirus-Erkrankung, <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebolafeber, Gelbfieber, Lassafeber, Marburgfieber), West-Nil-Virus-Erkrankung			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (koninatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19), 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			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Influenza, Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

Evidenztypen

Es werden drei Evidenztypen unterschieden:

Klinisches Bild

Hier werden die Kriterien (Symptome, klinische Zeichen und anamnestische Angaben) genannt, die bei der betroffenen Person 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.

Falldefinitions-kategorien

Aus der Kombination dieser drei Evidenztypen ergeben sich die folgenden fünf Falldefinitions-kategorien, 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 Falldefinitions-kategorien 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 Falldefinitions-kategorie 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 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19), 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 Falldefinitions-kategorie 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 Falldefinitions-kategorien.

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

Literaturhinweise

- Diercke M, Claus H, Rexroth U, Hamouda O: *Anpassung des Meldesystems gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2020 aufgrund von COVID-19*. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03298-w>
- 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 I; 23:1018–1036
- Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2011; Teil I, Nr. 41:1622–1630.
- Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2013, Teil I, Nr. 15:566–584.
- 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, 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
- Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV). 2016. https://dejure.org/BGBl/2016/BGBl_I_S_515
- Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017; 31:309–310. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-041>

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 2020 fallen 53 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 30.12.2019 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 53 mit dem 03.01.2021 (einem Sonntag) endet. Die ersten drei Tage des Kalenderjahres 2021 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 vorkommen, dass das Gesundheitsamt nicht durch Meldung, sondern durch eigene Ermittlungen Kenntnis von einem Fall erlangt.

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

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

Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Dies ist in der Regel das Gesundheitsamt, in dessen Bezirk die betroffene Person ihre Hauptwohnung hat oder zuletzt hatte. Falls ein Hauptwohnsitz nicht feststellbar ist oder die betroffene Person sich dort gewöhnlich nicht aufhält, so ist das Gesundheitsamt zuständig, in dessen Bezirk sich die betroffene Person gewöhnlich aufhält. Falls ein solcher Aufenthaltsort nicht feststellbar ist oder in den Fällen der Meldung nach § 6 Abs. 3 Satz 1 IfSG ist das Gesundheitsamt zuständig, welches die Daten erstmals verarbeitet hat. Das zuständige Gesundheitsamt kann diese Zuständigkeit an ein anderes Gesundheitsamt mit dessen Zustimmung abgeben, insbesondere wenn schwerpunktmäßig im Zuständigkeitsbereich des anderen Gesundheitsamtes weitere Ermittlungen nach § 25 Abs. 1 IfSG angestellt werden müssen. Dabei kann es vorkommen, dass die Infektion an einem anderen Ort innerhalb Deutschlands oder im Ausland erworben wurde, wie dies beispielsweise oft bei nosokomialen Infektionen oder 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 Echinokokkose waren bei 92 % der Fälle Angaben zur PLZ der betroffenen Personen vorhanden, bei Syphilis 94 %, bei Malaria 85 % und bei HIV-Infektionen 76 %. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2020 nur für sehr wenige der gemeldeten Erregernachweise.

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

Infektionsort

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

Tab. 2.2.2:

Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2020

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Wohnortes	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	7.339	94 %	5 %	0 %
HIV-Infektion	2.454	76 %	21 %	3 %
Malaria	366	85 %	13 %	2 %
Echinokokkose	152	92 %	8 %	0 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	12	92 %	0 %	8 %

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 2020 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2019 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 2020 Fallzahlen für das Jahr 2019 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2021 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 2019 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2019 – mit Datenstand 01.03.2020 – abweichen.

Ausnahmen hinsichtlich des Datenstandes bestehen im vorliegenden Jahrbuch für HIV (Datenstand 01.06.2021), konnatale Toxoplasmose (01.04.2021) sowie für die Auswertung nosokomialer Ausbrüche (01.04.2021).

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 erfolgen bisher noch über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax) an das Gesundheitsamt. Seit Juni 2020 können Meldungen von SARS-CoV-2-Erregernachweisen elektronisch über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; www.rki.de/demis) erfolgen. Dies ist seit 01.01.2021 verpflichtend. Zum 01.01.2022 müssen auch die Meldungen von anderen Erregernachweisen elektronisch erfolgen, ab 01.01.2023 müssen alle Meldungen elektronisch erfolgen. Die Meldungen, die elektronisch oder auf anderem Weg am Gesundheitsamt eintreffen, werden elektronisch verarbeitet und an die zuständige Landesbehörde und das RKI elektronisch übermittelt.

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 Stellen in den Gesundheitsämtern in Deutschland nutzen 233 (62 %) SurvNet@RKI bzw. eine Software, die SurvNet@RKI integriert. 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.

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 Impfvorsagen
- 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 Vollständigkeit der Erfassung

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

Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

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

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

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

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

- ▶ Die Schwere der Erkrankung und eventuell auch das Alter der Erkrankten wirken sich auf die Wahrscheinlichkeit aus, mit der eine 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 Salmonellen dazu führen, dass mehr Erkrankte als sonst wegen gastrointestinaler Symptome ärztliche Praxen aufsuchen. Es würden aufgrund der vorhandenen Kenntnisse über den Ausbruch eher Laboruntersuchungen veranlasst werden und es würden im Anschluss mehr positive Salmonellen-Befunde, aber möglicherweise auch andere Erreger gastrointestinaler Symptome gemeldet werden. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellen, aber möglicherweise auch von anderen gastrointestinalen Krankheiten durch das Gesundheitssystem wäre somit vorübergehend erhöht. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben. Ebenso hatte die COVID-19-Pandemie Auswirkungen darauf, wie der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen (s. Kap. 4.4)

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Es ist davon auszugehen, dass nicht alle Meldepflichtigen der Meldepflicht nachkommen, so dass ein Teil der ärztlich oder labordiagnostisch erfassten meldepflichtigen Krankheiten oder Erregernachweise nicht Eingang in das Meldesystem findet. Folgende Faktoren beeinflussen unter anderem die Vollständigkeit der Meldungen:

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

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

Die Meldecompliance, aber auch die Zeitnähe und Datenqualität der Meldungen wird durch die Einführung mit DEMIS und die damit einhergehende digitale Unterstützung des Meldeprozesses sowie die Standardisierung von Meldeinhalten und -formaten verbessert.

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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-039>
- 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 Germany: first results of the burden of communicable diseases in Europe study*. Epidemiol Infect 2014; 142:2024–2035.
- Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J: *Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016–2017*. BMC Public Health 2018. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2471/BLT.13.135145>
- Willing H, Spitznagel H, Werber D, Lange C, Jansen A, Stark K: *Acute gastrointestinal illness in adults in Germany: a population-based telephone survey*. Epidemiol Infect 2013; 141:2365–2375.

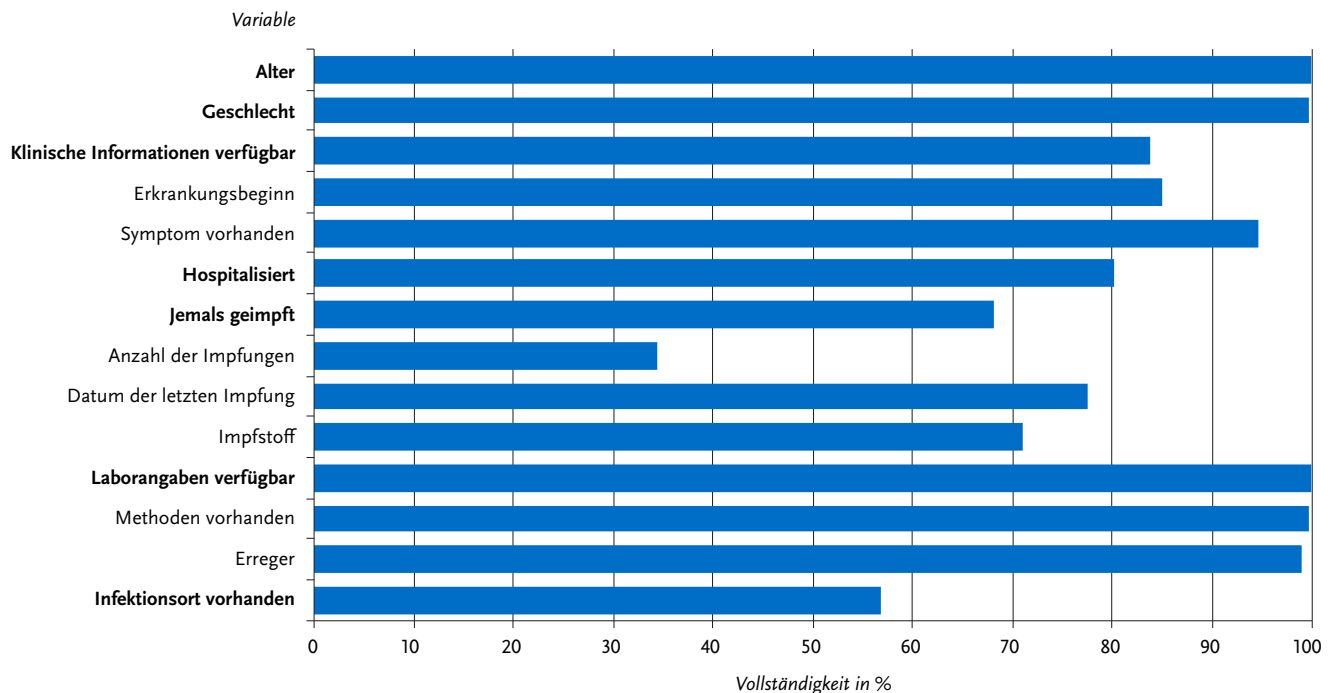
3.4 Vollständigkeit der Datensätze

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

Viele Informationen werden in standardisierter Form erfasst. Dabei werden einige Informationen für alle Einzelfälle erhoben, wie z. B. Alter, Geschlecht, Hospitalisierung, Tod oder Zugehörigkeit der einzelnen Fälle zu Ausbrüchen. Andere Informationen, wie Symptome, Impfstatus, Labormaterial und -methode, werden entsprechend den Erregerereigenschaften und Falldefinitions-kategorien 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 (84%) und Laborangaben (100%), sind in hohem Maße vorhanden. 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 68% bzw. 57% der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2020



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 2020 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 kompa-

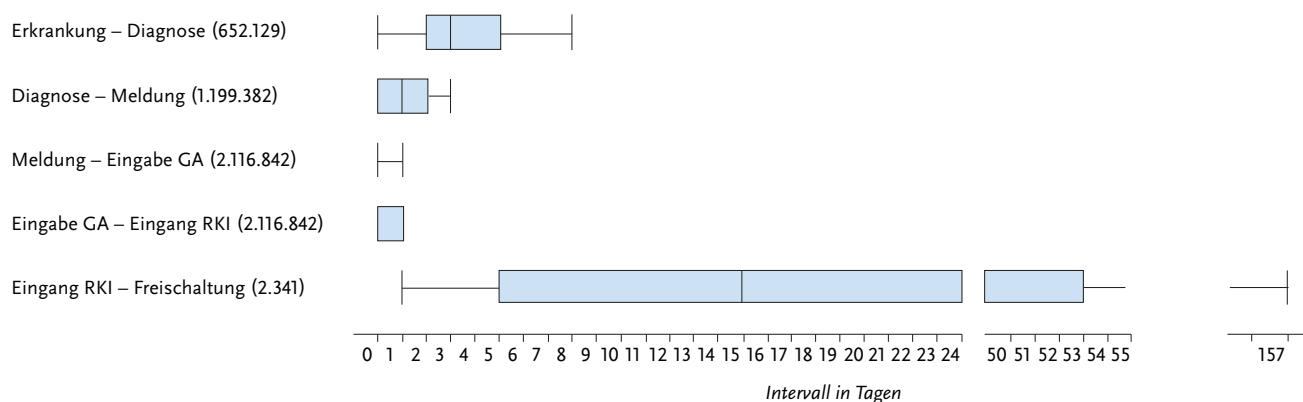
tibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im aktuellen Berichtsjahr 2.116.842 Fälle mit hinreichenden Angaben, das sind fast 100 % aller übermittelten Fälle. Fälle, die nicht mit SurvNet@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Meldewoche anstelle von datums-genauen 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 Einzel-fallkontrolle 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 andere Meldefristen gelten und der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsgenau angegeben werden darf und die Berechnung deshalb zu ungenau wäre.

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise,
Deutschland, 2020 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



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 652.129 Fällen (31%) berechnet werden. Im Jahr 2020 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 5 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 57% der im Jahr 2020 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag wie auch im Vorjahr bei 1 Tag.

Der Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt beträgt im Median 0 Tage und verursacht somit kaum Verzögerungen.

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 0 Tage.

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 2.341 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 15 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. Im Jahr 2020 hat sicherlich auch die hohe Arbeitsbelastung durch COVID-19 dazu geführt, dass die Einzelfallkontrollen für andere Krankheiten mit Verzögerung erfolgt sind (s. Abb. 3.5.1).

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. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187037>

4 Krankheitsübergreifende Auswertung

Im Folgenden werden die Krankheiten unter epidemiologischen Aspekten, wie Angaben zur Person und zum Ort sowie zu klinischen Aspekten miteinander verglichen. Detaillierte Angaben zu den einzelnen Krankheiten können im Kapitel 6 »Spezielle Krankheiten« nachgelesen werden. Beim krankheitsübergreifenden Vergleich ist zu beachten, dass für die verschiedenen Krankheiten unterschiedliche Falldefinitions-kategorien die Referenzdefinitionen erfüllen (s. Kap. 2.2). So werden z. B. für Norovirus-Gastroenteritis nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitions-kategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen (Falldefinitions-kategorie C) auch klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen (Falldefinitions-kategorie 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 2020 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die mit Abstand höchste Inzidenz wies im Jahr 2020 die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) mit bundesweit 2.147 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf. Die zweithöchste Inzidenz entfiel mit 234 übermittelten Fällen pro 100.000 Einwohnern auf die Influenza, und war damit etwa so hoch wie im Vorjahr (233). Zu den häufigsten Krankheiten gehören des Weiteren hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie *Campylobacter*-Enteritis (56 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), Norovirus-Gastroenteritis (34) und Salmonellose (11), aber auch impfpräventable Krankheiten wie Windpocken (14).

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 Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2020 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 der EHEC-Erkrankung, der Kryptosporidiose und der Salmonellose lag zwischen 21 und 31 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie HIV-Infektion, Hepatitis B und C sowie Syphilis betrafen v. a. Personen mit einem Altersmedian zwischen 39 und 45 Jahren. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian bei 73 bzw. 79 Jahren.

Fälle nach Geschlecht

In Abb. 4.2.2 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, *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation, Malaria und invasive MRSA-Infektionen. Dagegen waren die Inzidenzen von schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, Keuchhusten Norovirus-Gastroenteritis, EHEC-Erkrankung und COVID-19 bei Frauen höher als bei Männern.

Fälle nach Region

In Abb. 4.2.3 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 Inzidenzen u. a. überwiegend für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Shigellose, Denguefieber und Giardiasis, und

Abb. 4.1.1:
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten
mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2020

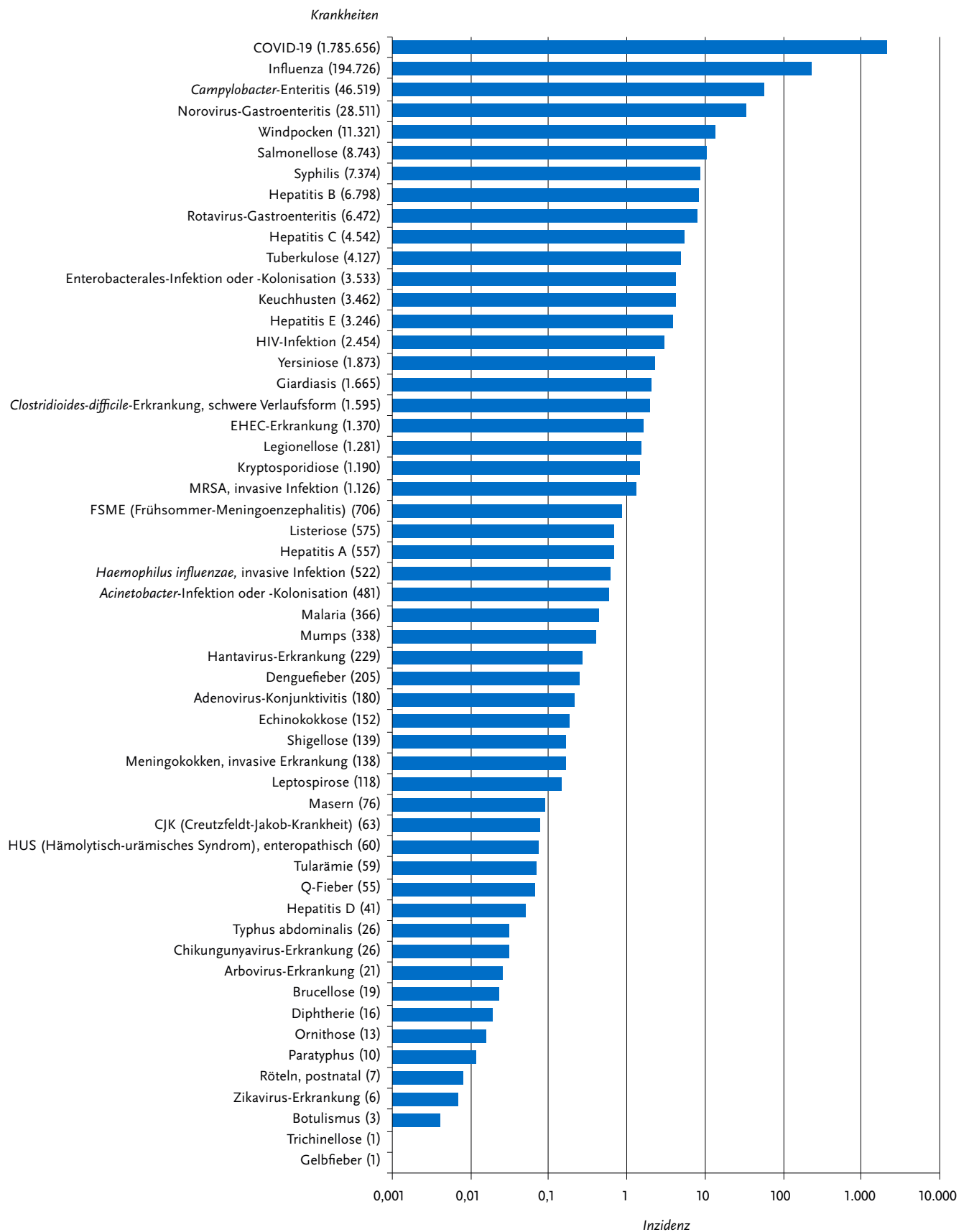


Abb. 4.2.1:

Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2020

Alter

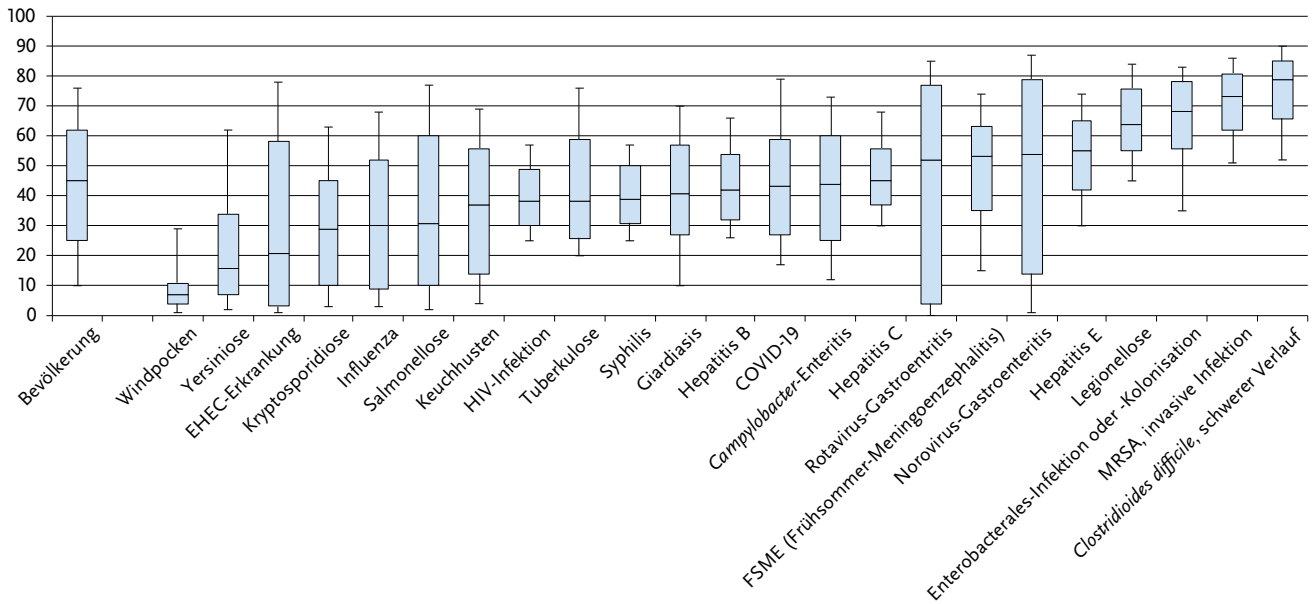


Abb. 4.2.2:

Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2020

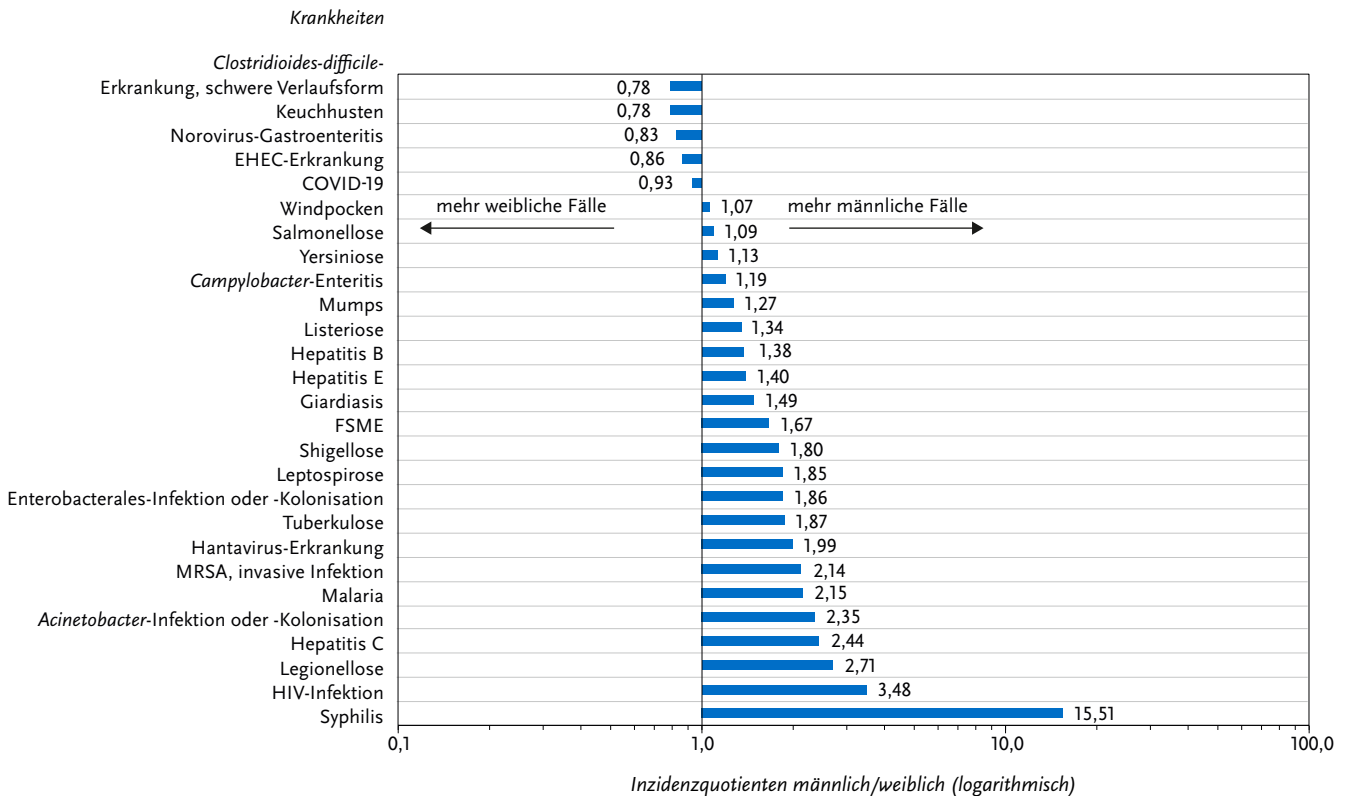
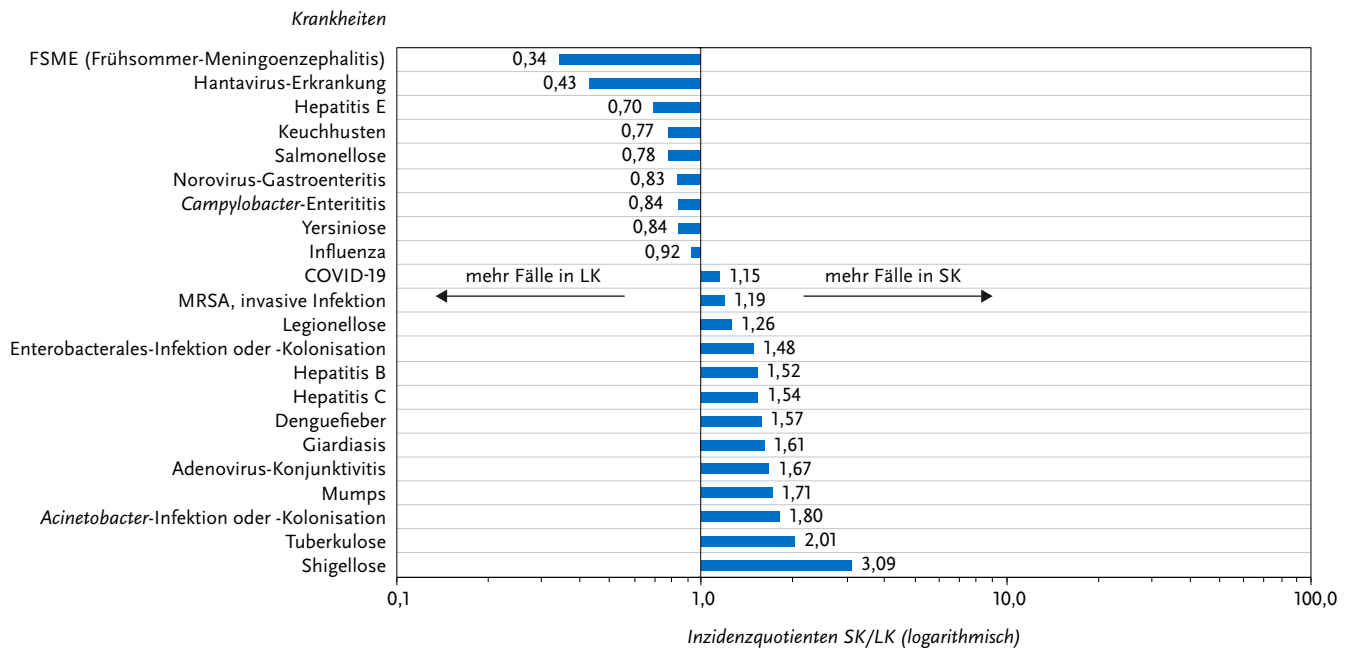


Abb. 4.2.3:

Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2020



für vorwiegend im Krankenhaus erworbene Infektionen oder Kolonisationen wie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation und invasive MRSA-Infektion, beobachtet wurden. Auch für Tuberkulose, die Adenovirus-Konjunktivitis sowie Hepatitis B und Hepatitis C und COVID-19 lagen die Inzidenzen in den Stadtkreisen höher als auf dem Land.

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

Anzahl von Hospitalisierungen wurden bei den Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen, also bei COVID-19 (133.320), gefolgt von Influenza (29.705) und Norovirus-Gastroenteritis (13.922) beobachtet. Bei der Interpretation der des Anteils der Hospitalisierten 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 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.

4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 76 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 13 % 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 2020 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.

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95 % wurden für die invasive invasive Meningokokken-Infektion, invasive MRSA-Infektion, Legionellose, Listeriose und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung ermittelt. Die größte

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, 2020

Krankheit	Fälle gesamt	Fälle mit Angabe zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	481	437	374	86	472	5	1
Adenovirus-Konjunktivitis	180	156	20	13	176	0	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	46.519	41.575	9.456	23	45.950	5	0
<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	1.595	1.557	1.502	96	1.543	296	19
COVID-19	1.785.656	1.340.307	133.320	10	1.774.476	42.182	2
Denguefieber	205	187	54	29	202	0	0
EHEC-Erkrankung	1.370	1.248	352	28	1.352	2	0
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	3.533	3.234	2.931	91	3.466	15	0
FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	706	704	603	86	706	1	0
Giardiasis	1.665	1.495	211	14	1.652	0	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	522	496	467	94	506	20	4
Hantavirus-Erkrankung	229	220	161	73	228	0	0
Hepatitis A	557	531	311	59	548	2	0
Hepatitis B	6.798	4.986	842	17	6.661	3	0
Hepatitis C	4.542	3.137	806	26	4.431	2	0
Hepatitis E	3.246	3.050	1.532	50	3.203	4	0
Influenza	194.726	139.341	29.705	21	189.883	370	0
Keuchhusten	3.462	3.057	173	6	3.421	0	0
Kryptosporidiose	1.190	1.062	136	13	1.174	0	0
Legionellose	1.281	1.265	1.222	97	1.271	61	5
Leptospirose	118	115	102	89	118	1	1
Listeriose	575	541	522	96	557	31	6
Meningokokken, invasive Erkrankung	138	136	133	98	137	11	8
MRSA	1.126	1.079	1.047	97	1.106	59	5
Mumps	338	294	41	14	338	0	0
Norovirus-Gastroenteritis	28.511	25.788	13.922	54	28.097	17	0
Rotavirus-Gastroenteritis	6.472	5.754	3.207	56	6.381	5	0
Salmonellose	8.743	7.940	3.029	38	8.633	13	0
Shigellose	139	131	40	31	139	0	0
Tuberkulose	4.127	3.813	3.317	87	4.038	108	3
Windpocken	11.321	9.366	371	4	11.223	2	0
Yersiniose	1.873	1.677	509	30	1.851	0	0

Angaben zum Tod lagen für über 99 % der übermittelten Fälle vor, von denen insgesamt 2 % 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 2020 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 (19 %), invasive Meningokokken-Infektionen (8 %), Listeriose (6 %), invasive MRSA-Infektionen (5 %), Legionellose (5 %) und invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen (4 %) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei COVID-19 (42.182), Influenza (370), schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (296) und Tuberkulose (108) beobachtet.

4.4 Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten

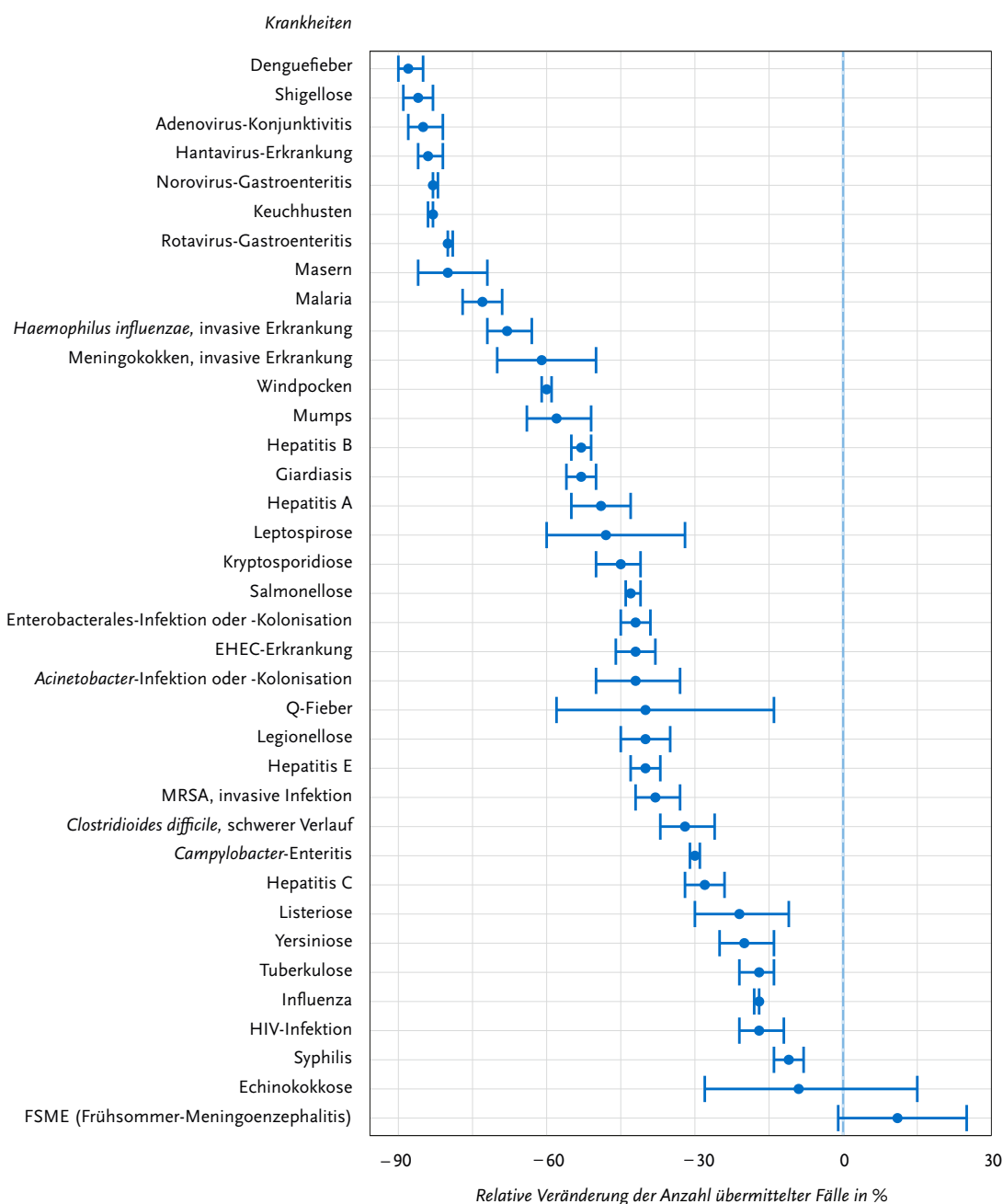
Die COVID-19-Pandemie und die damit verbundenen Public-Health-Maßnahmen haben sich auch auf das Auftreten und die Erfassung anderer Infektionskrankheiten ausgewirkt. Um diesen Einfluss besser abschätzen zu können, wurden die im Jahr 2020 an das RKI übermittelten Fälle mit den Meldedaten der Vorjahre sowie modellbasierten erwarteten Fallzahlen verglichen und ins Verhältnis gesetzt. In Abb. 4.4.1 wurden die wöchent-

lichen Fallzahlen der Meldewochen (MW) 10/2020 bis 53/2020 mit Meldedaten aus den 5 Vorjahren (MW 01/2016 bis 09/2020) verglichen und eine relative Veränderung berechnet. Dabei wurden die tatsächlich übermittelten Fallzahlen mit den auf Basis des Modells erwarteten Fallzahlen verglichen. Trend und Saisonalität wurden im Modell berücksichtigt.

Während der COVID-19-Pandemie sind auch die Fallzahlen der meisten anderen meldepflichtigen Infektionskrankheiten in Deutschland stark zurückgegangen. Im Vergleich zu den Vorjahren wurden im Jahr 2020 im Zeitraum ab der 10. MW 39% (95%-Konfidenzintervall [KI]: 18% – 55%) weniger Fälle meldepflichtiger Infektionskrankheiten an das Robert Koch-Institut

Abb. 4.4.1:

Relative Veränderungen der Anzahl übermittelter meldepflichtiger Krankheiten, Deutschland 2020, im Vergleich zur erwarteten Anzahl (Modellierung) basierend auf den Meldedaten der 5 Vorjahre, mit 95%-Konfidenzintervall



Tab 4.4.1:

Anzahl übermittelter meldepflichtiger Krankheiten, Deutschland 2020, im Vergleich zu den Meldedaten der 5 Vorjahre, 5-Jahres-Median, prozentualer Differenz und modellbasierter Differenz

Krankheit	2020	5-Jahres-Median (Minimum und Maximum)	% Differenz (Median)	% Differenz Modell (95 %-Konfidenzintervall)
Denguefieber	205	725 (613 – 1.176)	-72	-88 (-90; -85)
Shigellose	139	571 (427 – 678)	-76	-86 (-89; -83)
Adenovirus-Konjunktivitis	180	676 (568 – 721)	-73	-85 (-88; -81)
Hantavirus-Erkrankung	229	829 (235 – 1.731)	-72	-84 (-86; -81)
Keuchhusten	3.462	12.917 (9.083 – 16.839)	-73	-83 (-84; -83)
Norovirus-Gastroenteritis	28.511	78.708 (73.338 – 89.131)	-64	-83 (-83; -82)
Masern	76	545 (327 – 2.465)	-86	-80 (-86; -72)
Rotavirus-Gastroenteritis	6.472	33.225 (22.718 – 38.274)	-81	-80 (-80; -79)
Malaria	366	962 (899 – 1.061)	-62	-73 (-77; -69)
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	522	811 (546 – 955)	-36	-68 (-72; -63)
Meningokokken, invasive Infektion	138	287 (257 – 339)	-52	-61 (-70; -50)
Windpocken	11.321	22.681 (20.457 – 25.031)	-50	-60 (-61; -59)
Mumps	338	653 (535 – 741)	-48	-58 (-64; -51)
Giardiasis	1.665	3.418 (3.298 – 3.601)	-51	-53 (-56; -50)
Hepatitis B	6.798	3.920 (3.490 – 8.946)	73	-53 (-55; -51)
Hepatitis A	557	873 (736 – 1.234)	-36	-49 (-55; -43)
Leptospirose	118	117 (87 – 160)	1	-48 (-60; -32)
Kryptosporidiose	1.190	1.809 (1.707 – 1.977)	-34	-45 (-50; -41)
Salmonellose	8.743	13.696 (1.707 – 1.977)	-36	-43 (-44; -41)
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	481	780 (711 – 788)	-38	-42 (-50; -33)
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	3.533	3.938 (3.441 – 4.683)	-10	-42 (-45; -39)
EHEC-Erkrankung	1.370	1.877 (1.639 – 2.227)	-27	-42 (-46; -38)
Q-Fieber	55	150 (94 – 323)	-63	-40 (-58; -14)
Hepatitis E	3.246	2.951 (1.266 – 3.728)	10	-40 (-43; -37)
Legionellose	1.281	1.282 (881 – 1.548)	0	-40 (-45; -35)
MRSA, invasive Infektion	1.126	2.832 (1.810 – 3.600)	-60	-38 (-42; -33)
<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	1.595	2.329 (2.152 – 2.827)	-32	-32 (-37; -26)
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	46.519	69.481 (61.543 – 74.054)	-33	-30 (-31; -29)
Hepatitis C	4.542	4.994 (4.445 – 5.953)	-9	-28 (-32; -24)
Listeriose	575	697 (592 – 769)	-18	-21 (-30; -11)
Yersiniose	1.873	2.588 (2.171 – 2.771)	-28	-20 (-25; -14)
Influenza, saisonal	194.726	95.975 (65.778 – 274.298)	103	-17 (-18; -17)
Tuberkulose	4.127	5.518 (4.812 – 5.947)	-25	-17 (-21; -14)
Syphilis	7.374	7.371 (6.721 – 7.928)	0	-11 (-14; -8)
Echinokokkose	152	157 (141 – 181)	-3	-9 (-28; 15)
FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	706	443 (221 – 583)	59	11 (-1; 25)

übermittelt, als zu erwarten gewesen wäre. Mit einem Rückgang von etwa zwei Dritteln (59 %; 95 %-KI: 52 % – 64 %) ist die größte Veränderung in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen zu sehen, gefolgt von den über 80-Jährigen mit einem Rückgang von 49 % (95 %-KI: 25 % – 65 %). Der stärkste Rückgang konnte bei importierten vektorübertragbaren Krankheiten (von -88 % für Denguefieber bis -73 % für Malaria), bei respiratorisch übertragbaren Krankheiten (z. B. -83 % für Keuchhusten, -80 % für Masern, -68 % für invasive Infektion mit *Haemophilus*

influenzae) und bei gastrointestinalen Krankheiten (z. B. -86 % für Shigellose, -83 % für Norovirus-Gastroenteritis, -80 % Rotavirus-Gastroenteritis) beobachtet werden. Weniger betroffen waren nosokomiale Infektionen (-42 % für die Infektion/Kolonisation mit *Acinetobacter* und Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit, -38 % für invasive Infektionen mit Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*) sowie sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten (Hepatitis B -53 %, Hepatitis C -28 % und -11 % für Syphilis).

Einzig für die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) wurde eine Zunahme der übermittelten Fälle (+11 %) verglichen mit den Vorjahren beobachtet (s. Abb. 4.4.1).

Die Gründe für diese Veränderungen sind multifaktoriell und unterscheiden sich für die jeweiligen Krankheiten. Neben Veränderungen der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen können die im Zuge der COVID-19-Pandemie getroffenen Public-Health-Maßnahmen, z. B. Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygiene-Regeln, aber auch Schul- und Kita-Schließungen sowie Reisebeschränkungen zu einer echten Veränderung der Übertragungsdynamik der anderen Infektionskrankheiten geführt haben. Die Veränderung kann durch die Analyse der Melde-daten allein nicht kausal erklärt werden. Eine erweiterte Betrachtung und Diskussion der Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland ist in den zugehörigen Originalpublikationen sowie in den krankheitsspezifischen Kapiteln dieses Jahrbuchs (s. Kapitel 6) zu finden.

Literaturhinweise

- Ullrich A, Schranz M, Rexroth U, et al.: *Impact of the COVID-19 pandemic and associated non-pharmaceutical interventions on other notifiable infectious diseases in Germany: An analysis of national surveillance data during week 1-2016 – week 32-2020*. The Lancet Regional Health – Europe (2021). <https://doi.org/10.1016/j.lanep.2021.100103>
- Kuhlen R, Winklmaier C, Schmuthausen D, Schick J, Scriba P.: *The effects of the COVID-19 pandemic and lockdown on routine hospital care for other illnesses*. Dtsch Arztebl Int 2020; 117:488–489.
- Schranz M, Ullrich A, Rexroth U, et al.: *Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020)*. Epid Bull 2021; 7:3–7. <https://doi.org/10.25646/8011>
- Reuss A, Klingenberg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: *Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und C.-difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8–11. <https://doi.org/10.25646/8026>
- Boender TS, Greiner F, Kocher T, et al.: *Inanspruchnahme deutscher Notaufnahmen während der COVID-19-Pandemie – der Notaufnahme-Situationsreport (SitRep)*. Epid Bull 2020; 27/28:3–5. <https://doi.org/10.25646/6959>

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 auch in der Übermittlungssoftware 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 mit dem frühesten Meldedatum, 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. 6.45) 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 6.45 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. 6.45). Für das Meldejahr 2020 wurden insgesamt 61.482 Ausbrüche übermittelt, darunter hatten mit 92 % COVID-19-Ausbrüche den größten Anteil (56.774 Ausbrüche mit 385.730 darin enthaltenen Fällen). Darauf folgten mit im Vergleich zum Vorjahr deutlichen Rückgängen in der Anzahl Ausbrüche von Influenza (Rückgang um –20 %; 3.458 Ausbrüche mit 16.252 darin enthaltenen Fällen), Windpocken (–61 %; 542 Ausbrüche mit 1.885 Fällen), Rotavirus-Gastroenteritis (–93 %; 101 Ausbrüche mit 655 Fällen) und Keuchhusten (–79 %; 105 Ausbrüche mit 297 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche von *Campylobacter*-Enteritis (–42 %; 225 Ausbrüche mit 515 Fällen) und Salmonellose (–61 %; 109 Ausbrüche mit 592 Fällen) (s. Tab. 5.1.1).

Die höchsten einem Ausbruch zugeordneten Fallzahlen wurden im Rahmen von COVID-19 (2.140 Fälle) und Influenza mit 574 Fällen übermittelt (s. Tab. 5.1.1). Dies kann mit Erfas-

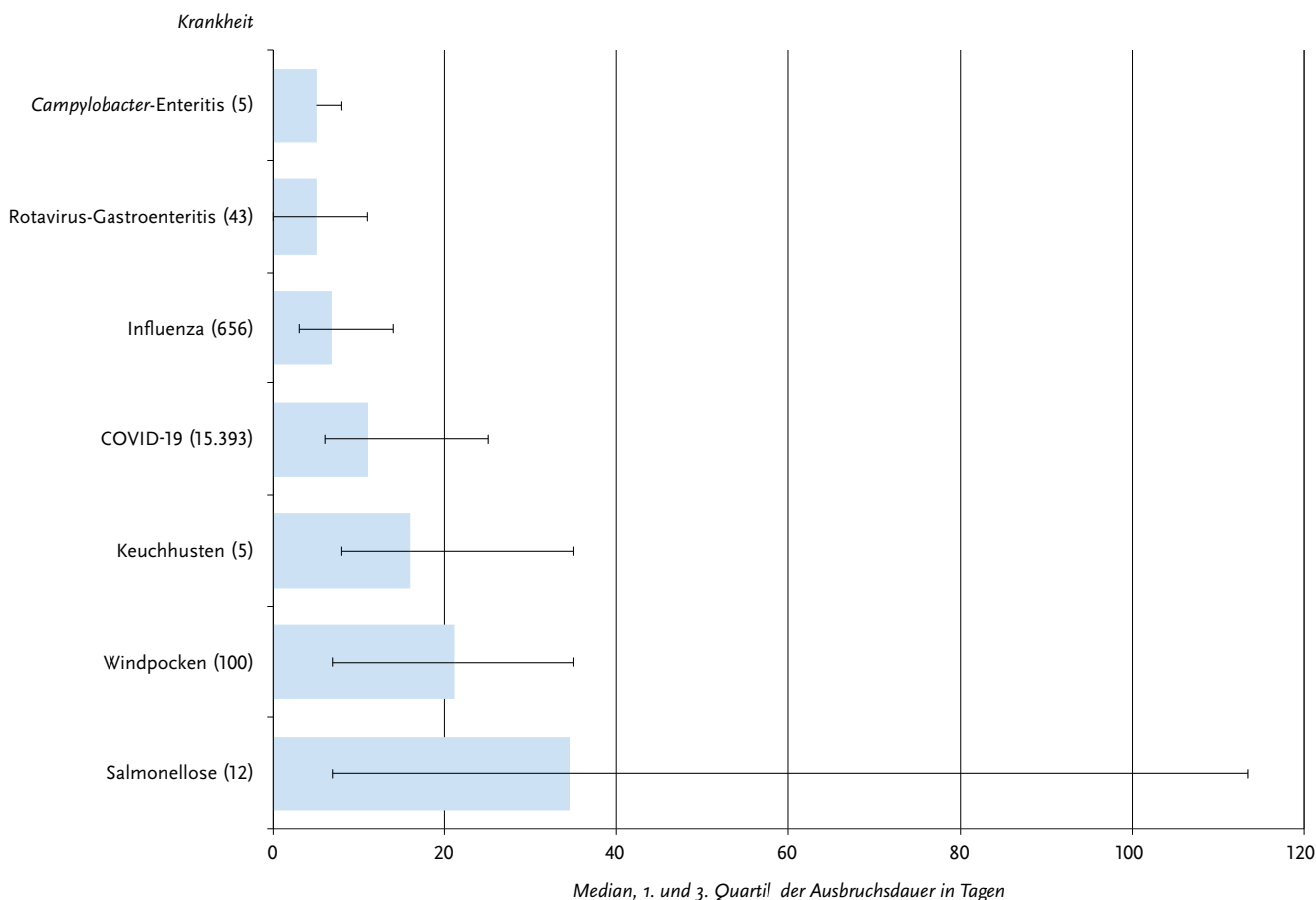
sungsartefakten zusammenhängen. Aus epidemiologischer Sicht bemerkenswert ist ein überregionaler Salmonellose-Ausbruch von ungewöhnlicher Größe mit 161 Fällen. Auch die mittlere Anzahl der Fälle pro Ausbruch war bei COVID-19-Ausbrüchen mit 7 Fällen im Vergleich zu den anderen Übermittlungskategorien hoch. Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (bzw. wenn beides nicht vorlag, dem Meldedatum) des frühesten und des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert.

Die Ausbruchsdauer (Median, 25. und 75. Perzentil) der 8 Infektionskrankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen ist in Abb. 5.1.1 dargestellt. Die längste (mediane) Dauer war bei Salmonellose-Ausbrüchen zu beobachten (Median 35 Tage), und lag damit über dem Vorjahreswert (17 Tage). Bei der Bewertung muss jedoch die geringere Anzahl der Ausbrüche berücksichtigt werden. So wurden im Vergleich zum Vorjahr deutlich weniger Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen durch Salmonellose verzeichnet (2019: 36) und diese zeigten in ihrer Dauer eine größere Schwankungsbreite. Durch die molekulare Surveillance können zudem auch Fälle, die sich über einen längeren Zeitraum auftreten, leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden.

Abb. 5.1.1:

Ausbruchsdauer der Krankheiten mit mindestens 5 Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen, Deutschland, 2020 (dargestellt sind Median, 25. und 75. Perzentil sowie in Klammern die 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, 2020

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
COVID-19	56.774	385.730	7	2.140
Influenza	3.458	16.252	5	574
Windpocken	542	1.885	3	35
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	225	515	2	9
Salmonellose	109	592	5	161
Keuchhusten	105	297	3	13
Rotavirus-Gastroenteritis	101	655	6	44
Tuberkulose	44	111	3	6
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	19	78	4	31
Hepatitis A	16	79	5	41
Kryptosporidiose	13	32	2	4
Giardiasis	13	33	3	5
Listeriose	11	56	5	35
Mumps	11	38	3	15
Yersiniose	10	20	2	2
Masern	8	48	6	16
Adenovirus-Konjunktivitis	7	22	3	9
Hepatitis E	4	8	2	2
Hepatitis B	3	7	2	3
Legionellose	3	10	3	6
Typhus abdominalis	2	4	2	2
Q-Fieber	1	2	2	2
Hepatitis C	1	2	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	1	2	2	2
Shigellose	1	2	2	2
Summe	61.482	406.480		

5.2 Gruppen von Ausbrüchen

In diesem Kapitel werden Ausbrüche nach Übertragungsweg zusammengefasst. Dabei ist zu beachten, dass die einzelnen Ausbruchgruppen 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 Ausbruchsdocumentation 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

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2020

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien					
<i>Campylobacter</i> spp.	225	515	97	236	
<i>Salmonella</i> spp.	109	592	47	404	
EHEC*	19	78	3	36	
<i>Listeria monocytogenes</i>	11	56	3	39	1
<i>Yersinia</i> spp. (darmpathogen)	10	20	5	10	
<i>Typhus abdominalis</i> <i>Salmonella</i> Typhi	2	4			
<i>Shigella</i> spp.	1	2			
Viren					
Hepatitis-A-Virus	16	79	1	41	
Hepatitis-E-Virus	4	8	3	6	
Parasiten					
<i>Giardia lamblia</i>	13	33	1	2	
<i>Cryptosporidium parvum</i> spp.	13	32			
Gesamt	423	1.419	160	774	1

* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2020

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	YEN	EHC	LIS	HEV	HAV	GIL
Fleisch, Fleischprodukte	41	29	9	3					
Milch, Milchprodukte	16	13	2		1				
Ei, Eiprodukte	15	3	12						
Suppen, Saucen	6	3	2	1					
Gemüse, Gemüseprodukte	5	3	2						
Fisch, Meeresfrüchte	3	2				1			
Obst, Obstprodukte	2	1	1						
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	3	1	2						
Gesamt (Nennungen)*	91	55	30	4	1	1	0	0	0
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	76	49	21	4	1	1	0	0	0
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	84	48	26	1	2	2	3	1	1
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	160	97	47	5	3	3	3	1	1

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.

YEN: *Yersinia* spp. (darmpathogen)

LIS: *Listeria monocytogenes*

HAV: Hepatitis-A-Virus

SAL: *Salmonella* spp.

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

HEV: Hepatitis-E-Virus

GIL: *Giardia lamblia*

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 2020 wurden 423 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren 53 % weniger Ausbrüche als im Vorjahr ($n=902$). Insgesamt traten im Jahr 2020 im Rahmen dieser Ausbrüche 1.419 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 225 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 42 % abgenommen (2019: 387). Bei 109 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Damit sank die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr (2019: 277) um 61 %.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 423 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 160 (38 %; 2019: 37 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 774 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Von den 160 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen waren 97 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (61 %) mit 236 Fällen und 47 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (29 %) mit 404 Fällen. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde 1 Todesfall übermittelt, der durch Listeriose verursacht worden war (s. Tab. 5.2.1).

Bei 76 Ausbrüchen (48 %) wurden Angaben zum verdächtigen Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 91 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich) waren am häufigsten die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (41 Nennungen; 45 %), Milch oder Milchprodukte (16; 18 %), Ei oder Eiprodukte (15; 16 %), Suppen oder Saucen (6; 7 %) und Gemüse oder Gemüseprodukte (5; 5 %). Bei den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch 3-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 verdächtigen Lebensmittel (55 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (53 %) und Milch oder Milchprodukte (24 %) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (30 Nennungen) wurden vor allem Ei oder Eiprodukte (40 %) und Fleisch oder Fleischprodukte (30 %) 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 2020 wurden 5 der insgesamt 1.288 Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (0,4 %) als lebensmittelbedingt übermittelt. Wie oben beschrieben, ist davon auszugehen, dass die tatsächliche Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie die im Rahmen dieser Ausbrüche übermittelten

Fallzahlen unterschätzt werden. Den 5 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 11 Fälle zugeordnet. Für 2 Ausbrüche lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 4 Nennungen entfielen 2 auf Fleisch oder Fleischprodukte. Milch oder Milchprodukte und Suppen oder Saucen wurden jeweils einmal genannt.

Nosokomiale Ausbrüche

Das Auftreten von 2 oder mehr nosokomialen Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird, ist dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG nichtnamentlich zu melden und gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut zu übermitteln. 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 Übermittlungskategorien zugeordnet werden.

Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der in SurvNet@RKI elektronisch übermittelten Daten zu nosokomialen Ausbrüchen.

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 2020 erfüllten insgesamt 2.249 nosokomiale Ausbrüche mit 29.997 Fällen die oben genannte Definition. Bei 80 Ausbrüchen (722 Fälle) wurden keine Informationen zum Erreger übermittelt.

COVID-19-Ausbrüche

Für das Jahr 2020 wurden von den 2.169 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe 1.532 (71 %) durch SARS-CoV-2 verursacht. Diesen Ausbrüchen wurden insgesamt 23.562 Fälle zugeordnet, darunter 2.771 Todesfälle.

Ausbrüche verursacht durch andere Erreger als SARS-CoV-2

637 (29 %) nosokomiale Ausbrüche wurden durch andere Erreger als SARS-CoV-2 verursacht. Bei 33 Ausbrüchen (5,2 %) wurden bakterielle Erreger, bei 594 (93,2 %) virale Erreger und bei 10 Ausbrüchen (1,6 %) Parasiten nachgewiesen. Es wurden keine durch Pilze verursachten Ausbrüche übermittelt.

Diesen Ausbrüchen wurden 5.713 Fälle zugeordnet, davon 5.497 Fälle zu Ausbrüchen, die durch virale Erreger hervorgerufen wurden und 165 Fälle zu bakteriell verursachten Ausbrüchen. Es wurden insgesamt 49 Todesfälle übermittelt, davon 27 (55 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger und 22 (45 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Insgesamt kam es im Jahr 2020 zu einem Anstieg an Übermittlungen nosokomialer Ausbrüche (Anzahl 2.072 in 2019). Dieser Anstieg ist vollständig auf nosokomiale COVID-19-Ausbrüche zurückzuführen, während die Anzahl an Nicht-COVID-19-Ausbrüchen deutlich zurückging (Anzahl 1.945 in 2019).

Tab. 5.2.3:
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2020 (n=2.249)

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					
SARS-CoV-2	1.532	23.562	2	171	2.771
Norovirus	419	4.067	2	85	8
Influenza virus	156	1.191	2	58	16
Rotavirus	6	26	3	8	0
Varicella-Zoster-Virus	5	14	3	4	1
mehrere/sonstige	4	159	59	76	2
Enteroviren	2	22	9	13	0
Masernvirus	1	16	16	16	0
Respiratorisches Synzytial-Virus	1	2	2	2	0
Gesamt Viren	2.126	29.059	2	171	2.798
Bakterien					
<i>Clostridioides difficile</i>	9	37	2	9	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	5	21	2	7	2
<i>Acinetobacter baumannii</i>	4	35	2	14	15
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	3	16	3	10	1
<i>Serratia marcescens</i>	3	14	3	6	0
<i>Escherichia coli</i>	2	19	2	17	0
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	2	5	2	3	0
<i>Streptococcus pyogenes</i>	2	7	2	5	1
<i>Campylobacter</i> spp.	1	2	2	2	0
<i>Legionella</i> spp.	1	7	2	7	2
<i>Listeria</i> spp.	1	2	2	2	0
Gesamt Bakterien	33	165	2	17	22
Parasiten					
<i>Sarcoptes scabiei</i>	10	51	2	10	0
unbekannt Gesamt	80	722	2	35	0
Gesamt	2.249	29.997	2	171	49
Gesamt mit Erregerangabe	2.169	29.275			
Ausbrüche gesamt mit Erregerangabe ohne SARS-CoV-2	637	5.713			

Literaturhinweise

- Kramer, R; Klingenberg, A; Diercke, M et al.: COVID-19 – Meldedatenanalyse zu Infektionen im Gesundheitswesen. Dtsch Arztebl Int 2020; 117:809–10; <https://doi.org/10.3238/arztebl.2020.0809>
- 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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.25.2000923>
- 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. <https://doi.org/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.
- 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, 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. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0098100>
- RKI: Nosokomiale Ausbrüche. www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale_Ausbrueche_node.html

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.

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



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 481
- Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 60 Jahren
- Männer mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- Meldepflicht besteht sowohl für Infektionen als auch für Kolonisationen

Kurzbeschreibung

Acinetobacter Spezies (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. dijksboorniae*) 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 2020 die Software für die Übermittlung aktualisiert. Daher wurden die Fälle (n=481) entweder in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=477) oder bei nicht aktualisierter Software als »Weitere bedrohliche Krankheit« (WBK) (n= 4) 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 2020 wurden 481 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,6 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

Tab. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	173	24 %	109	23 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	366	51 %	222	46 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	172	24 %	150	31 %
alle	711	100 %	481	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	711	100 %	481	100 %

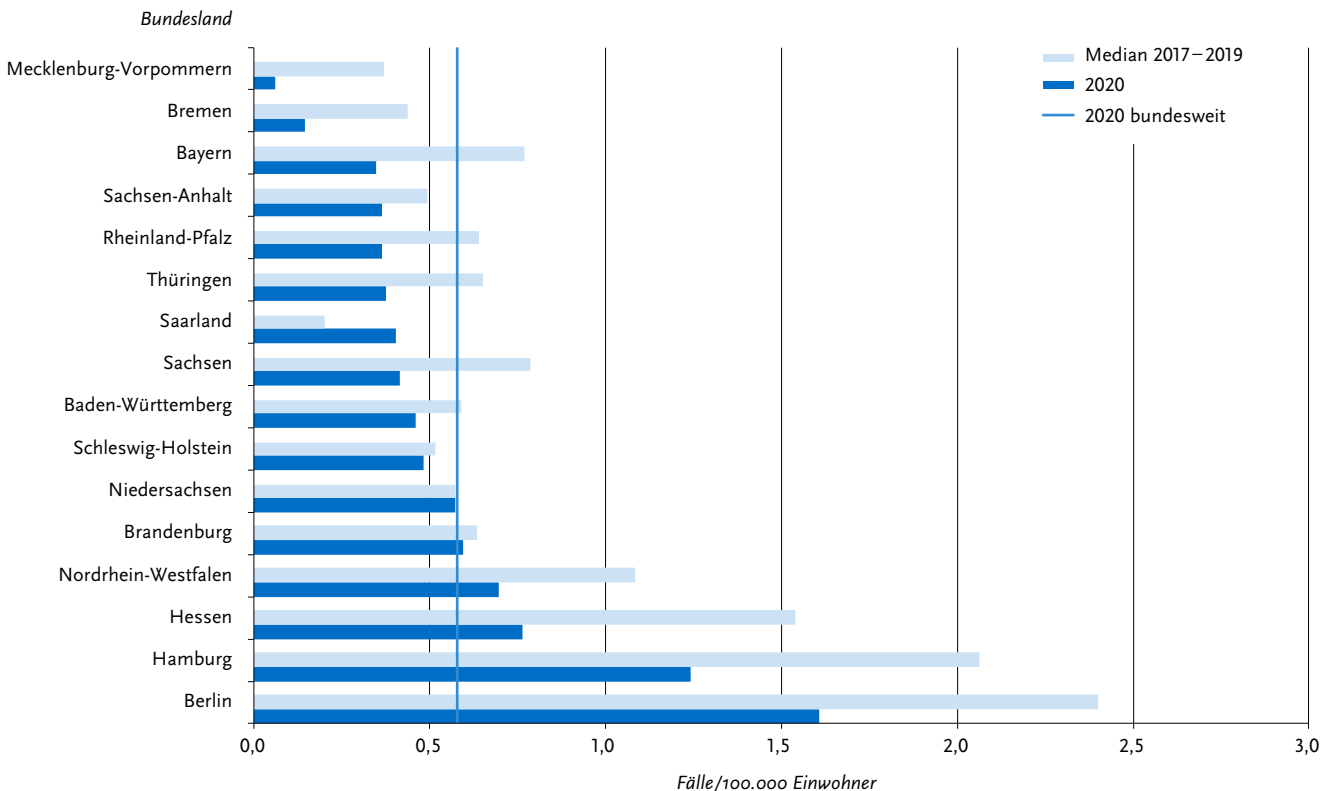
Geografische Verteilung

Die Anzahl der Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurde, bezogen auf die Einwohnerzahl variierte sehr stark (s. Abb. 6.1.1). Die höchste Inzidenz wurde in Berlin (1,6 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Auch in Hamburg (1,2),

Hessen (0,8), Nordrhein-Westfalen (0,7) und Brandenburg (0,6) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde für Mecklenburg-Vorpommern übermittelt (0,1 Fälle/100.000 Einw.).

Abb. 6.1.1:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=481) im Vergleich mit dem Vorjahr

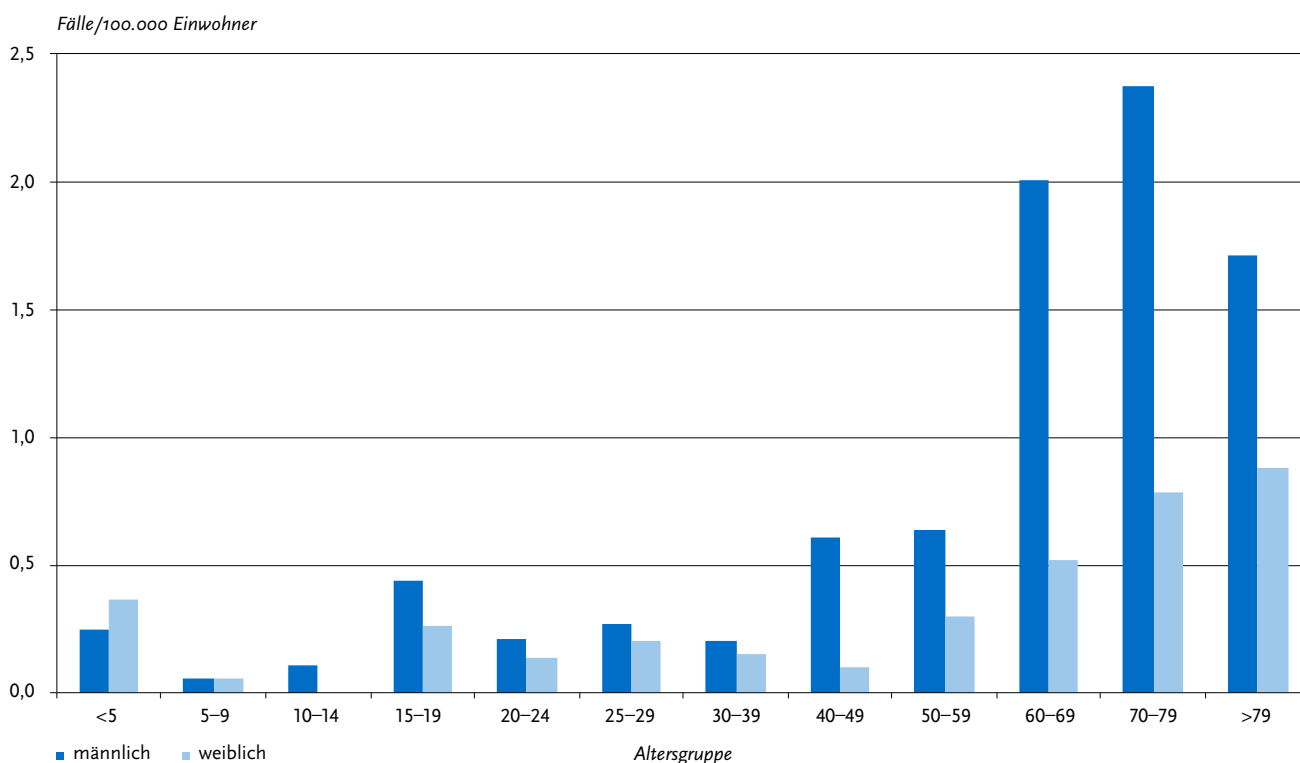


Tab. 6.1.2:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2020 (n=481)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	243	50,5 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	131	27,2 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	34	7,1 %
<i>Acinetobacter</i> spp.	27	5,6 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	15	3,1 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	9	1,9 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	7	1,5 %
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	6	1,2 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	4	0,8 %
<i>Acinetobacter dijkshoorniae</i>	4	0,8 %
<i>Acinetobacter guillouiae</i>	1	0,2 %
Summe	481	100,0 %

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, 2020 (n=480)



Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen ist in den Altersgruppen ab 60 Jahren stark erhöht (s. Abb. 6.1.2). Die in absoluten Zahlen am stärksten betroffenen Altersgruppen waren Erwachsene ab 60 Jahre (65% aller Fälle). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (1,5 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Bei den 60- bis 69-Jährigen und bei den über 79-Jährigen liegt sie bei 1,2 Fällen/100.000 Einwohner. Männer (0,8 Fälle/100.000 Einw.) sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,3).

Klinische Aspekte

Für 313 der übermittelten Fälle (65%) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 114 Fälle (36%) wurden als Infektion und 199 Fälle (64%) als Kolonisation übermittelt.

Für 478 Fälle (99%) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 521 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Screening-Abstrichen (229-mal, 44% der Nennungen), in Tracheal-Abstrichen und der bronchoalveolären Lavage (103-mal, 20%) sowie in Wundabstrichen (96-mal, 18%) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 437 Fälle (91%) vorhanden. 374 Fälle (86%) waren hospitalisiert. Unter 475 Fällen (99%) mit entsprechender Angabe wurden 28 Todes-

fälle registriert (6%). Von diesen wurden 5 Fälle (18%) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für alle 481 übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n=243; 51%) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter baumannii*-Komplex (n=131; 27%), *Acinetobacter pittii* (n=34; 7%) und *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=27; 6%).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 425 der 477 Fälle (89%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur verminderter Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 400 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 368 Fälle (92%) gegen Imipenem und 387 Fälle (97%) gegen Meropenem vermindert empfindlich. 359 Fälle (90%) waren gegen beide Carbapeneme vermindert empfindlich. Für die 4 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 264 von 477 Fällen (55%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 224 Fällen (85%) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen

(Carbapenemase) durchgeführt. Mindestens ein Resistenzgen wurde bei 167 Fällen (75 % der getesteten Fälle) nachgewiesen. Für 157 Fälle wurden ein oder mehrere Resistenzgene genannt, am häufigsten die Resistenzgene für OXA-23 (bei 92 Fällen, 59 %), OXA-72 (29 Fälle, 18 %) und OXA-51 (23 Fälle, 15 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 6 Ausbrüche mit insgesamt 43 Fällen übermittelt, davon hatte ein Ausbruch 14 Fälle.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2020 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag bei 65 %. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 61 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

Aufgrund der Falldefinitionsänderung im Jahr 2019 wurden im vorliegenden Kapitel im zweiten Jahr in Folge und im Gegensatz zu den Jahren 2017 bis 2018 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 2020 zum vierten 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. Aufgrund der COVID-19-Pandemie nahmen die Patientenzahlen in den Krankenhäusern ab, u. a. weil empfohlen wurde, elektive Eingriffe zu verschieben, und zudem bei einigen Krankenhäusern ein Aufnahmestopp bestand. Dies kann ein Grund sein, weshalb im Jahr 2020 im Vergleich zu den Vorjahren eine geringere Anzahl an Fällen übermittelt wurde.

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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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 (2021): *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2021*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240027336>
- WHO (2017): *Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics*. https://www.who.int/medicines/publications/WHO-PPL-Short-Summary_25Feb-ET_NM_WHO.pdf
- WHO (2017): *Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities*. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/259462?locale-attribute=de&>
- 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; 29:3–10. <https://doi.org/10.25646/6920>
- Reuss A, Klingenberg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: *Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8–11. <https://doi.org/10.25646/8026>
- 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. <https://doi.org/10.25646/5916>
- RKI: *EUCAST-Neudefinition der Kategorie »I« – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht*. Epid Bull 2019; 9:84. <https://doi.org/10.25646/5917>
- RKI: *Acinetobacter baumannii – ein Krankenhauskeim mit beunruhigendem Entwicklungspotenzial*. Epid Bull 2013; 32:295–299.

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition: 180
- ▶ Anzahl der Erkrankungen auf einem deutlich niedrigeren Niveau als in den Vorjahren
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei 30- bis 39-Jährigen
- ▶ Geschlechter ähnlich stark betroffen, bei Kindern unter 5 Jahren jedoch mehr Jungen

Kurzbeschreibung

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

Mit 180 Erkrankungen ist die Anzahl der Adenovirus-Konjunktividen im Jahr 2020 auf ein deutlich niedrigeres Niveau im Vergleich zum Vorjahr gesunken und war damit so niedrig wie zuletzt in den Jahren 2008 und 2009 (s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen und dem Saarland übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Hamburg (1,1 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt, Sachsen und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils 0,6) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2). Bei 90 der insgesamt 180 Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich), 87 der 91 Nennungen (96 %) entfielen hierbei auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (0,6 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen (0,7) etwas häufiger betroffen waren als Mädchen (0,5). Ein weiterer Altersgipfel trat mit einer Inzidenz von 0,5 in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (s. Abb. 6.2.3).

Ausbrüche

Es wurden 6 kleinere Ausbrüche mit insgesamt 13 Fällen und ein Ausbruch in einem Kindergarten mit 9 Erkrankungen erfasst (s. Tab. 6.2.2).

Tab. 6.2.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	77	10 %	11	5 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	571	78 %	169	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	1 %	9	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	78	11 %	37	16 %
alle	735	100 %	226	100 %
Referenzdefinition (B+C)	648	88 %	180	80 %

Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2019 und 2020

	2019		2020	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	13	30	6	13
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	6	98	1	9
Alle Ausbrüche	19	128	7	22

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

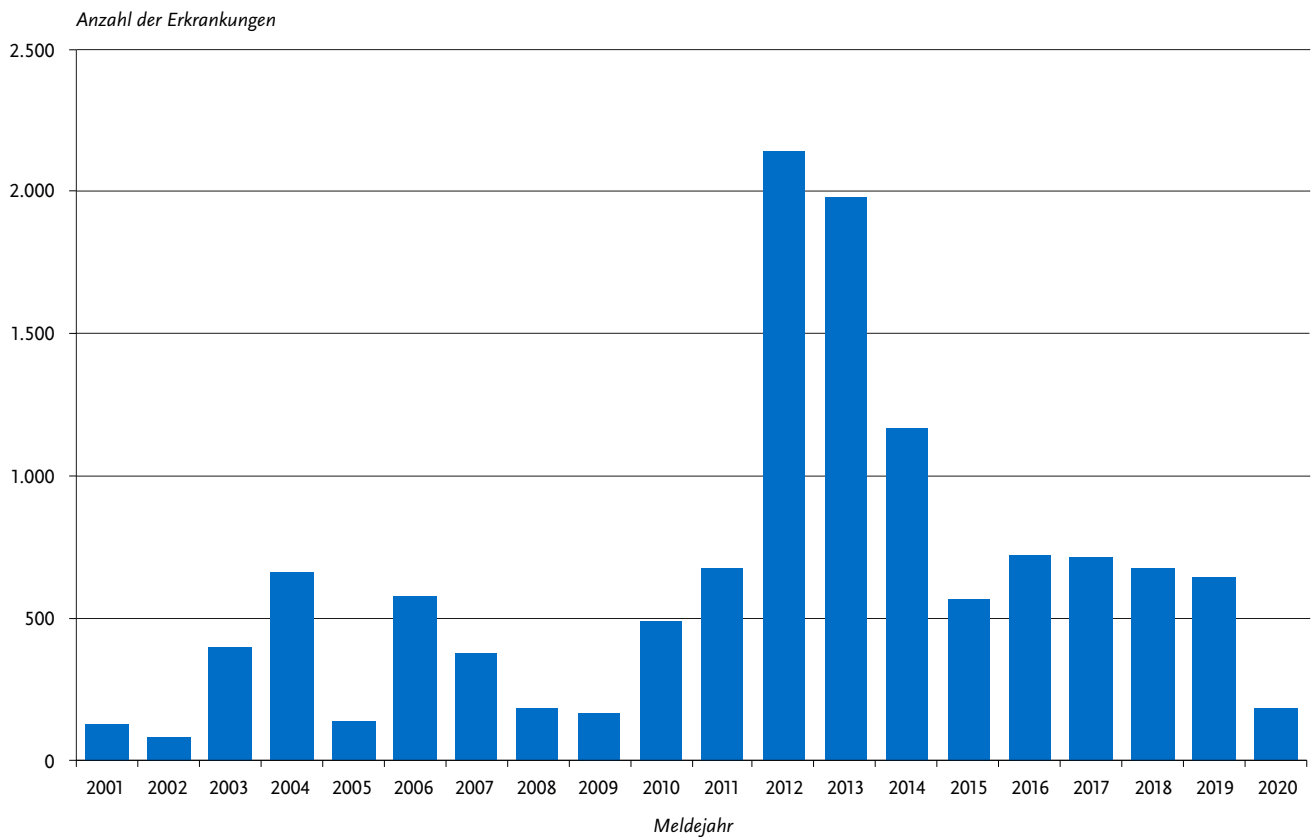


Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=180) im Vergleich mit den Vorjahren

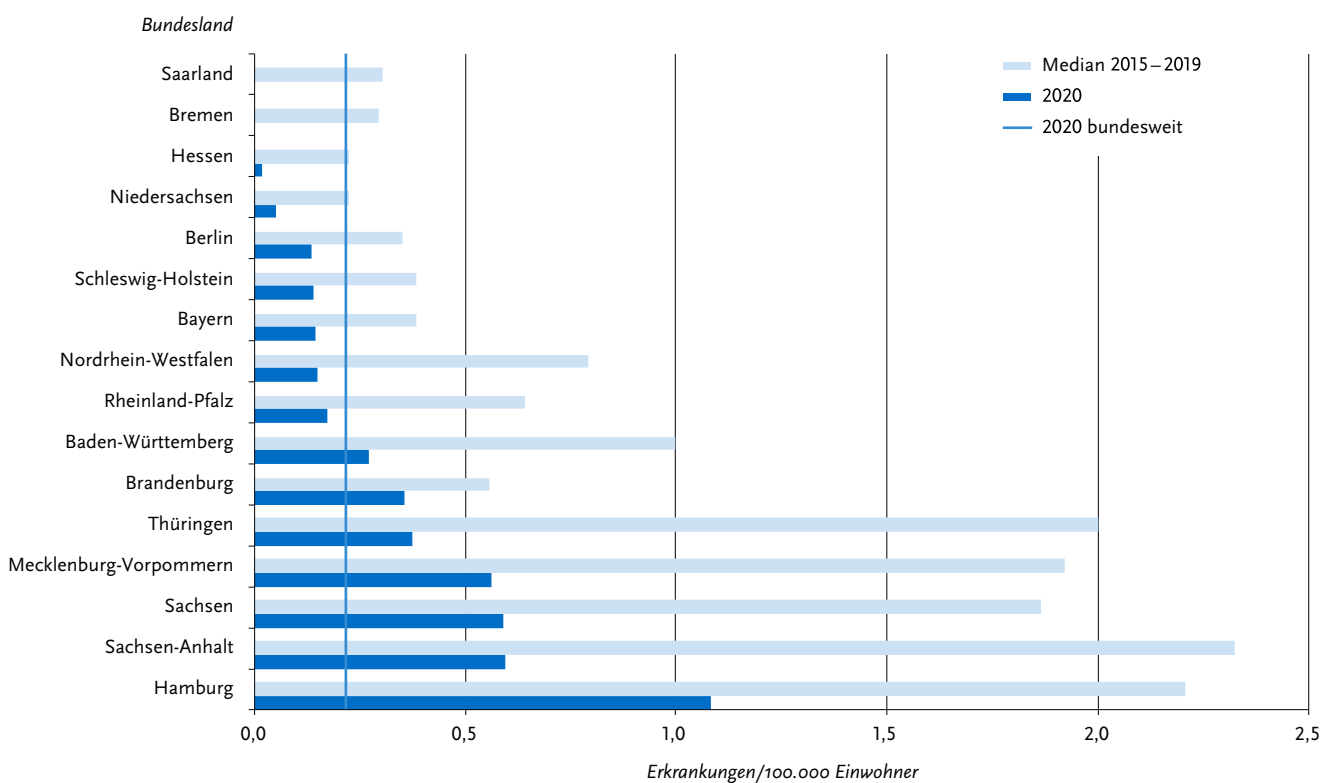
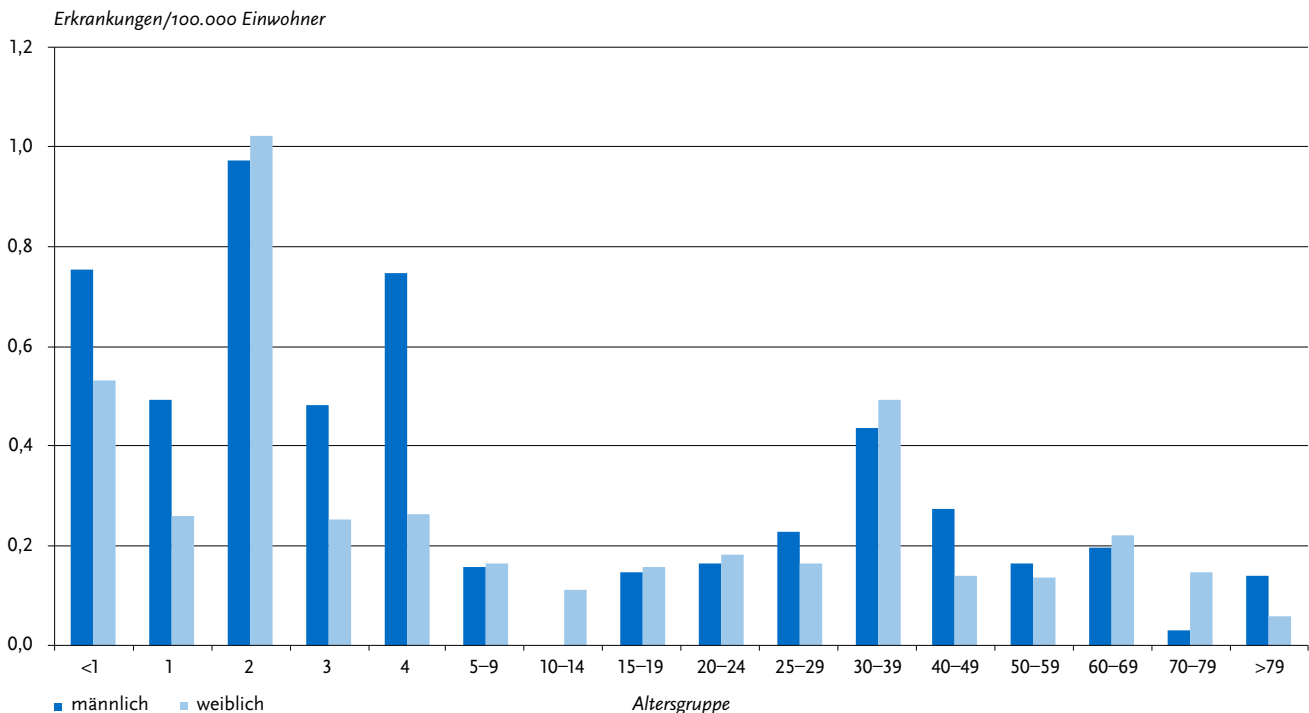


Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2020 (n=180)



Datenqualität

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

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen liegt im Jahr 2020 mit 180 Erkrankungen auf einem so niedrigen Niveau wie zuletzt in den Jahren 2008 und 2009. Eine Ursache für den deutlichen Rückgang ist sehr wahrscheinlich in der COVID-19-Pandemie zu sehen. Neben den bei den meisten Infektionskrankheiten sichtbaren Effekten durch Veränderung des Konsultations- und Diagnoseverhaltens ist bei den Adenovirus-Konjunktividen möglicherweise auch ein wirk-

licher Rückgang der Infektionen durch Veränderung der Kontaktmuster in der Bevölkerung (z. B. Schließung von Gemeinschaftseinrichtungen, Kontaktvermeidung, vermehrte Arbeit im Homeoffice etc.) und durch Umsetzung der Hygienemaßnahmen anzunehmen.

Literaturhinweise

- Gonzalez G, Yawata N, Aoki K, Kitaichi N: *Challenges in management of epidemic keratoconjunctivitis with emerging recombinant human adenoviruses*. J Clin Virol 2019. <https://doi.org/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; 46:581–583.
- Hage E, Espelage W, Eckmanns T, et al.: *Molecular phylogeny of a novel human adenovirus type 8 strain causing a prolonged, multi-state keratoconjunctivitis epidemic in Germany*. Sci Rep 2017. <https://doi.org/10.1038/srep40680>
- 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. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2011.0475>
- 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. 6.8, 6.13, 6.19, 6.63, 6.66). 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 anderen Pazifikinseln übertragen. Es verursacht Fieber, arthritische Beschwerden und Hautausschläge.

Sandfliegenfiebertivirus: 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 West-Nil-Virus verwandt, so dass es in Labortests zu Kreuzreaktionen kommen kann und daher z. B. bei Untersuchungen asymptomatischer Blutspender auf West-Nil-Virus auch Usutuvirus-Infektionen entdeckt werden können.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurden in Deutschland keine Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten.

Nicht die Referenzdefinition erfüllte, wie schon im Vorjahr, eine Usutuvirus-Infektion bei einem asymptomatischen Blutspender.

Das Ausbleiben von Meldungen reiseassoziiierter Arbovirus-Infektionen im Jahr 2020 ist sicherlich dem starken Rückgang von (Fern-)Reisen im Rahmen der SARS-CoV-2-Pandemie geschuldet.

Literaturhinweise

- Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018. <https://doi.org/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. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2304.160466>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten* 2019. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.4 Bornavirus-Erkrankung

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 von Enzephalitiden vor allem bei Pferden und Schafen bekannt. Im Jahr 2018 wurde 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. 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 mit dem Endemiegebiet der BoDV-1-Enzephalitiden 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 Altersgruppen 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 Hörnchenzüchtern 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 von einem Rückgang des Risikos durch VSBV-1 ausgegangen werden kann.

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 von BoDV-1 wurden in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben. Aufgrund aktiver Fallsuche in Gewebebänken etc. werden neben aktuellen Fällen auch solche der jüngeren Vergangenheit diagnostiziert. Nicht alle retrospektiv diagnostizierten Fälle wurden den zuständigen Gesundheitsämtern gemeldet.

BoDV-1

Bisher wurden insgesamt 14 BoDV-1-Fälle an das RKI übermittelt, jeweils 3 in den Jahren 2018 und 2019 und 8 im Jahr 2020. Bei diesen 8 Fällen handelte es sich um 5 Männer und 3 Frauen im Alter von 45 bis 78 Jahren (Median: 67 Jahre). Nach Kenntnis des RKI sind alle verstorben. Die Erkrankungsbeginne bzw. Sterbedaten der Fälle liegen 3-mal im Jahr 2020, ansonsten in den Vorjahren 2008 bis 2017. Bis auf einen Fall mit Wohnort in Brandenburg wurden alle Fälle aus Bayern übermittelt.

VSBV-1

Im Jahr 2020 wurden keine Fälle von VSBV-1 gemeldet. Bislang wurde nur ein Fall einer 2013 verstorbenen Tierpflegerin in 2016 gemeldet.

Literaturhinweise

- Eisermann P, Rubbenstroth D, Cadar D, et al.: *Active Case Finding of Current Bornavirus Infections in Human Encephalitis Cases of Unknown Etiology, Germany, 2018–2020*. Emerg Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.3201/eid2705.204490>
- Cadar D, Allendorf V, Schulze V, et al. Introduction and spread of variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) between exotic squirrels and spill-over infections to humans in Germany. Emerg Microbes Infect 2021. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1902752>
- 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](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30546-8)
- Pörtner K, Frank C, Schmidt-Chanasit J, Beer M, Rubbenstroth 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*. www.rki.de/bornavirus

6.5 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 2020 wurden 3 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2019: 8 Erkrankungen) (s. Abb. 6.5.1). Alle Intoxikationen waren lebensmittelbedingt und wurden in Deutschland erworben. Die Erkrankungen traten bei 2 Frauen in ihren 50ern und einem Mann in den 60ern auf.

Zwei Fälle erkrankten unabhängig voneinander nach Verzehr von Fisch (einmal gekaufter aber überlagerter Räucherfisch, einmal Konserve aus eigener Herstellung); bei den Patienten und in den Lebensmitteln wurde jeweils Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp E nachgewiesen. Bei dem dritten Fall wurde im Stuhl das Gen für Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen; als Quelle der Intoxikation wird selbst eingelegtes Gemüse vermutet, ein Labornachweis war nicht möglich.

Kein Fall wurde als verstorben übermittelt.

Literaturhinweise

- Campbell AJ, 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; 53:416–418.
- ECDC/EFSA (2016): *Type E botulism associated with fish product consumption – Germany and Spain, 21 December 2016*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december
- RKI-Ratgeber (2021). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

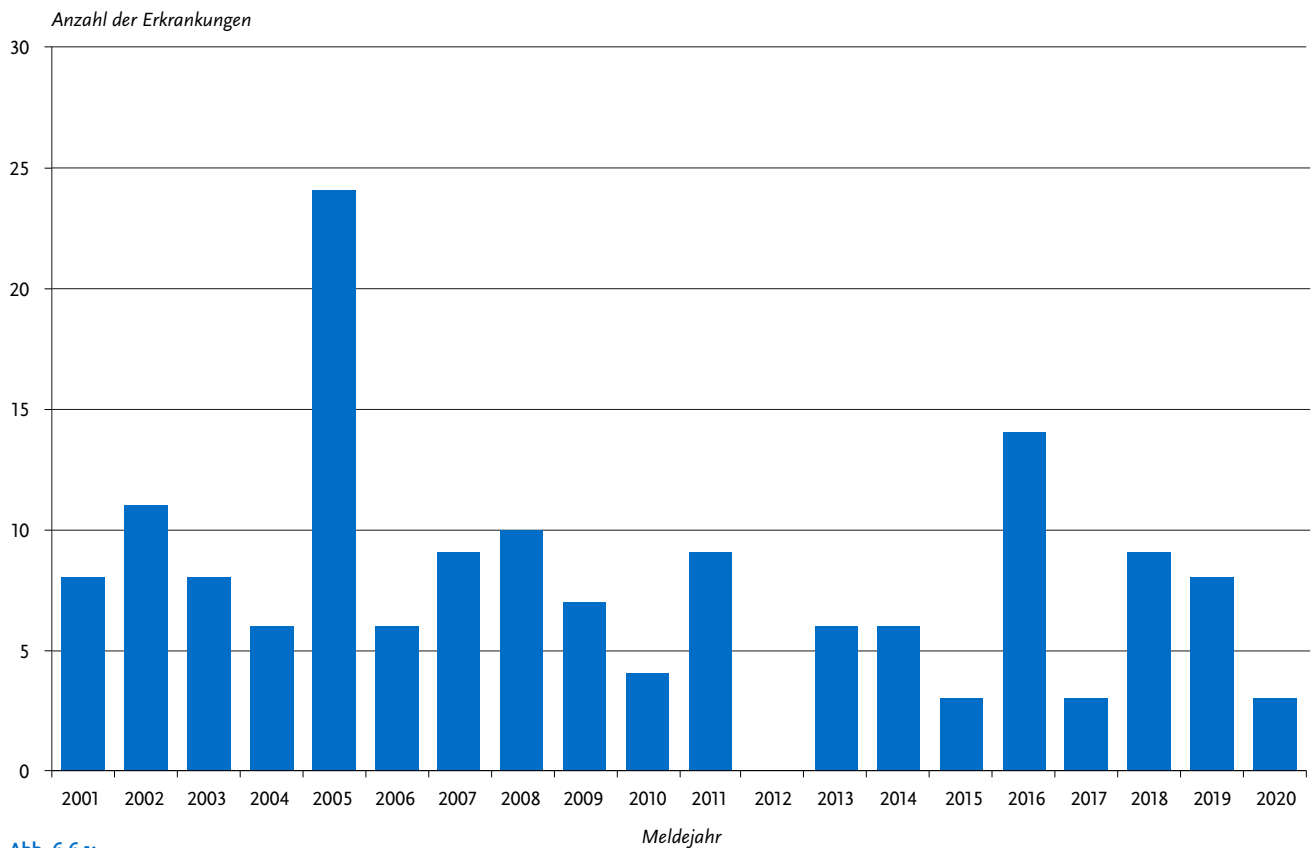
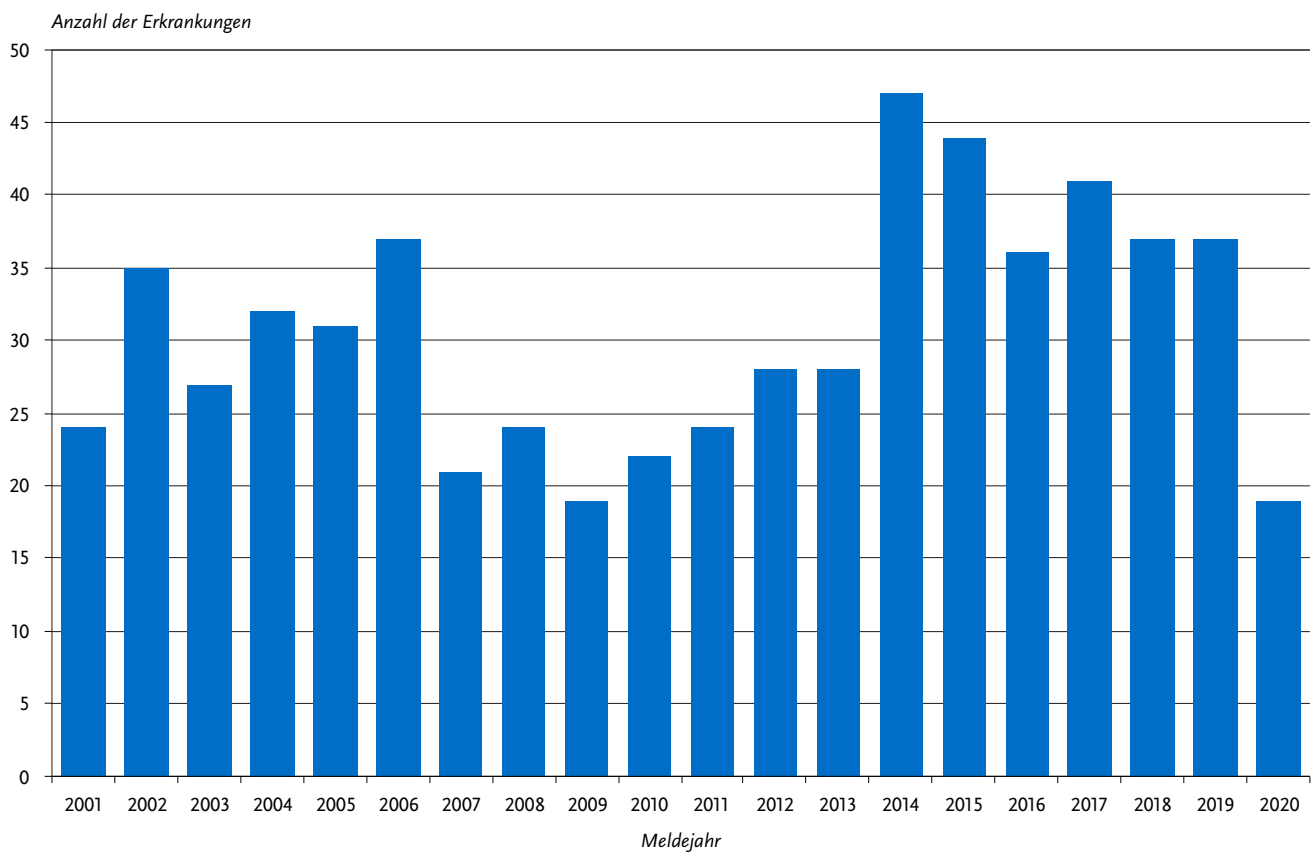


Abb. 6.6.1:
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



6.6 Brucellose

Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die ihren Namen von der Bakteriengattung *Brucella* hat. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutztier (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 2020 wurden 19 Brucellose-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.6.1), 18 weniger als im Vorjahr. Es erkrankten 9 Männer und 10 Frauen. Aus 7 Bundesländern wurden zwischen ein und 6 Erkrankungen übermittelt.

Für 16 Erkrankungen wurde jeweils ein wahrscheinliches Infektionsland genannt; für 9 Erkrankungen (56 %) lag dieses im Ausland. Am häufigsten wurden hier der Irak, Bosnien und Herzegowina und die Türkei (je 2 Nennungen) genannt. Äthiopien, Jordanien und Spanien wurden jeweils einmal genannt. Bei 9 von 9 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.7 Campylobacter-Enteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 46.519
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- ▶ Inzidenz um 33 % 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. 6.7.1).

Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 46.519 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 56 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2020 um 24 % niedriger als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war die häufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2020.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang (2. bis 4. Meldewoche), der 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. 6.7.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Mecklenburg-Vorpommern (109 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (102) und Thüringen (87) registriert. In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2015 bis 2019 (s. Abb. 6.7.2). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der Vorjahre war in Nordrhein-Westfalen (–45 %), Baden-Württemberg (–42 %), Hamburg (–40 %), Bremen (–39 %), Hessen (–38 %) und Berlin (–38 %) am stärksten.

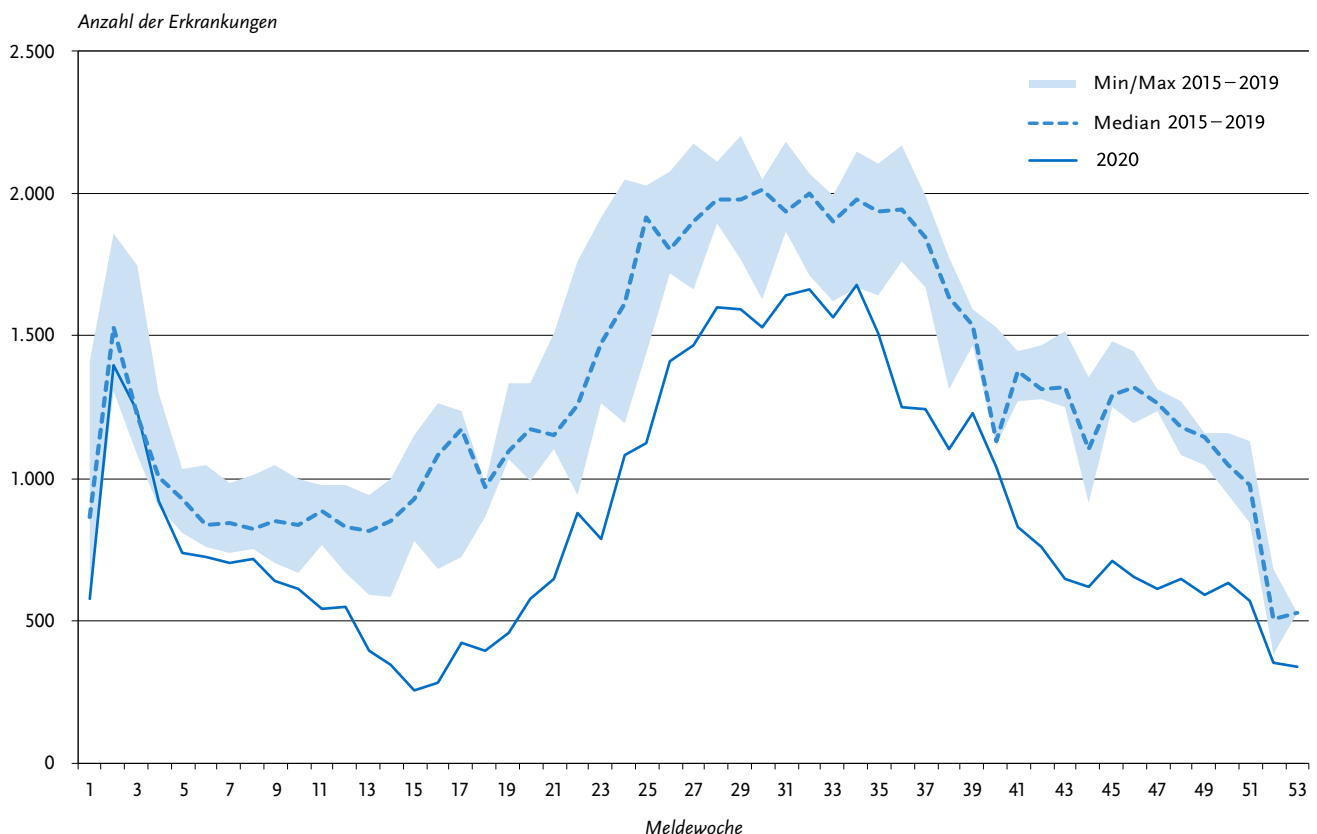
Für 26.766 (58 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (26.847 Nennungen; Mehrfachnennung möglich). Dabei entfielen 96 % der Nennungen (25.679) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren in Europa Österreich (107 Nennungen), Kroatien (74), Spanien (70), Italien (65), Frankreich (56) und Polen (50) sowie außerhalb von Europa Marokko (67), Thailand (66) und Indien (47).

Tab. 6.7.1:

Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	272	0 %	141	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	61.271	87 %	46.378	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	639	1 %	571	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7.859	11 %	8.871	16 %
alle	70.041	100 %	55.961	100 %
Referenzdefinition (B+C)	61.543	88 %	46.519	83 %

Abb. 6.7.1:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2020 (n=46.519) im Vergleich mit den Vorjahren**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 97 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (77) und den 15- bis 19-Jährigen (68) am höchsten. Jungen und Männer (61 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (51). Lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher als bei den Männern (s. Abb. 6.7.3).

Nachgewiesene Erreger

Zu 32.448 (70 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 74 % auf *C. jejuni*, 10 % auf *C. coli* und 14 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. lari*, *C. fetus* und *C. upsaliensis*, entfielen jeweils etwa 0,1 % der Angaben oder weniger.

Klinische Aspekte

Für 46.504 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (95.555 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98 % der Erkrankungen mit den entsprechenden Angaben), gefolgt von Bauchschmerzen (65 %), Fieber (30 %) und

Abb. 6.7.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland,
Deutschland, 2020 (n=46.519) im Vergleich mit den Vorjahren

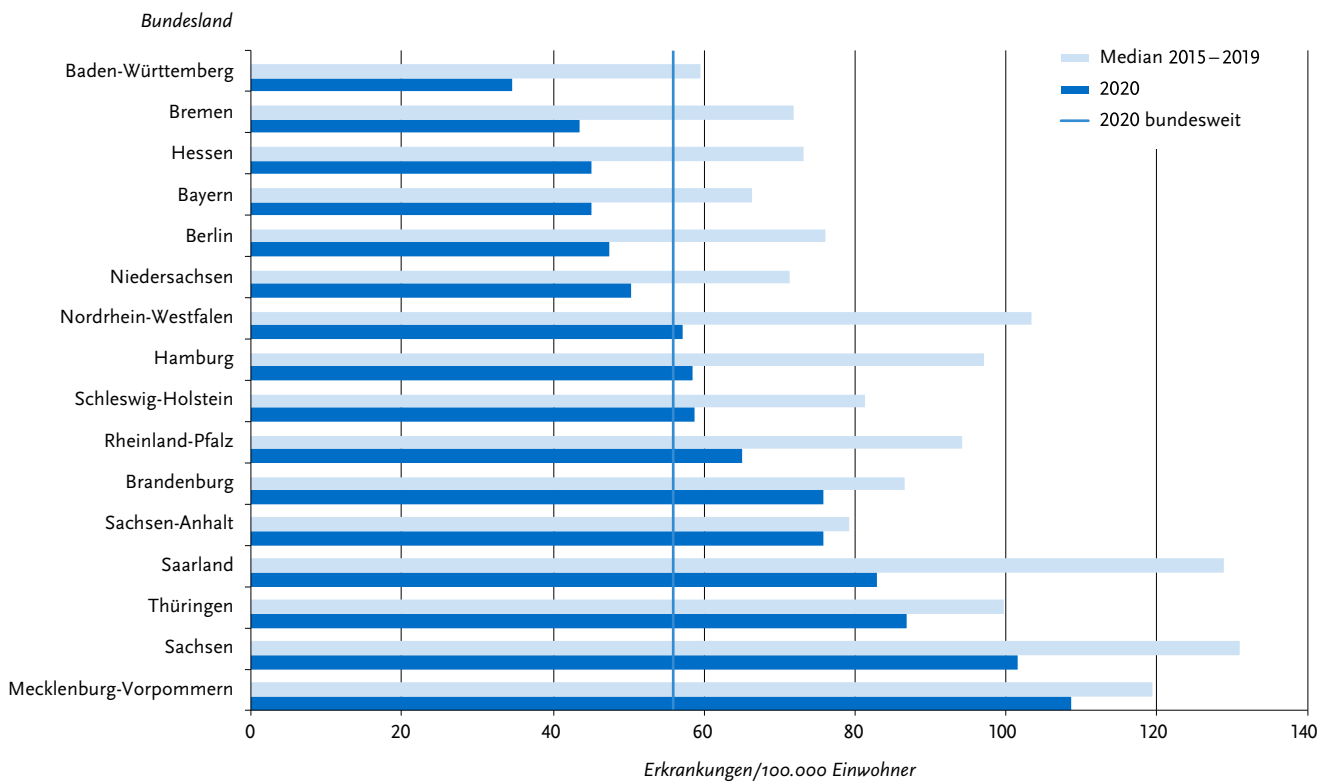
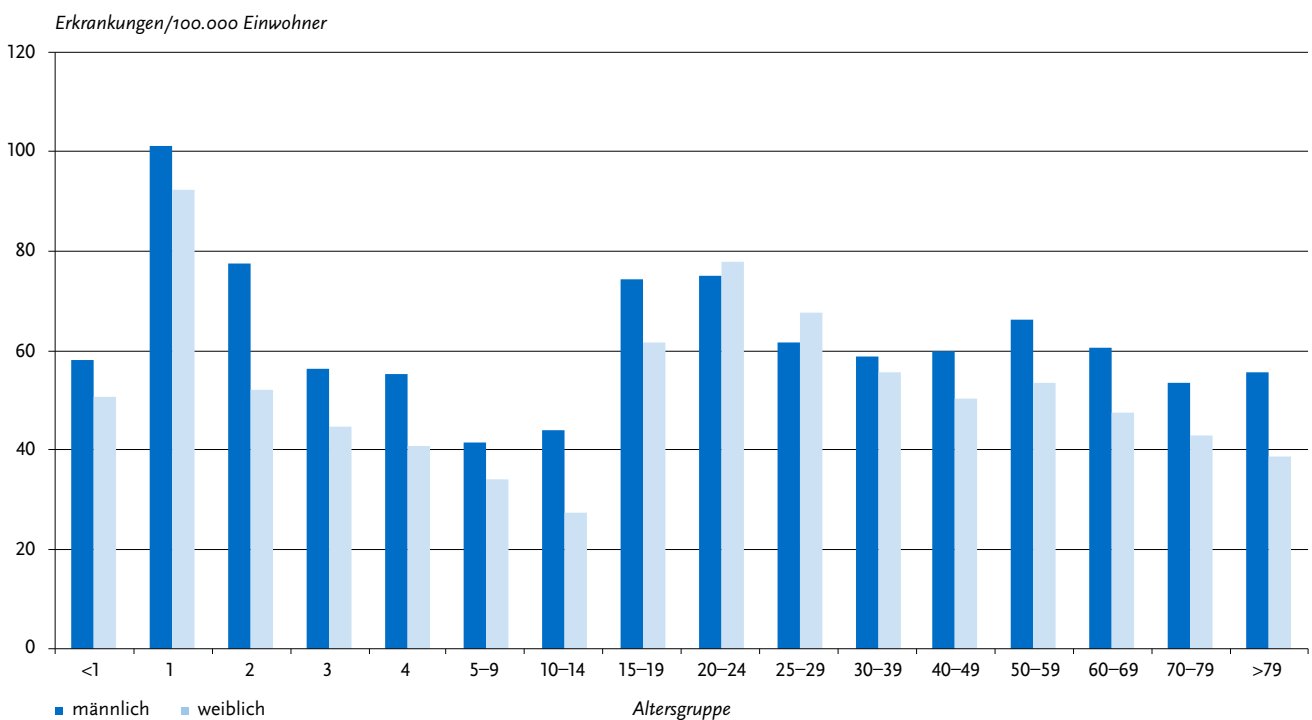


Abb. 6.7.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner
nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=46.393)



Erbrechen (12%). Im Jahr 2020 wurden 5 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 3 Männer und 2 Frauen im Alter zwischen 78 und 87 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 225 Ausbrüche mit 515 Erkrankungen übermittelt; das entsprach einer Abnahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 42 %. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 1 %. Es wurden 220 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 483 Erkrankungen) und 5 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 32 Erkrankungen) übermittelt. Der größte Ausbruch (9 Erkrankungen) war lebensmittelbedingt und wurde aus Niedersachsen übermittelt. Als verdächtige Lebensmittelkategorie wurde »Milch« angegeben.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2020 mit 46.519 deutlich unter dem Niveau der 5 Vorjahre (2015 bis 2019: zwischen 61.543 und 74.054) und unter dem Median der Jahre 2001 bis 2018 (63.612). Ein Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Vorjahr konnte in allen Bundesländern, mit Ausnahme von Mecklenburg-Vorpommern, beobachtet werden. Im Jahr 2020 war die Inzidenz in allen Altersgruppen, mit Ausnahme der 3- und 4-Jährigen, niedriger als im Vorjahr. Ein Rückgang der übermittelten Fallzahlen wurde im Jahr 2020 auch bei den meisten anderen meldepflichtigen Erkrankungen beobachtet und steht mit der COVID-19-Pandemie in Zusammenhang.

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. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05227-x>
- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: *Relevance of Campylobacter to public health – the need for a One Health approach*. Int J Med Microbiol 2014; 304:817–823.
- Schielke A, Rosner B, Stark K: *Epidemiology of campylobacteriosis in Germany – insights from 10 years of surveillance*. BMC Infect Dis 2014. <https://doi.org/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

6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

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

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurden in Deutschland 26 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten (2019: 88 Fälle, 2018: 26 Fälle). Die vergleichsweise hohe Fallzahl 2019 ging maßgeblich auf einen größeren Ausbruch im beliebten Reiseland Thailand zurück (s. Abb. 6.8.1).

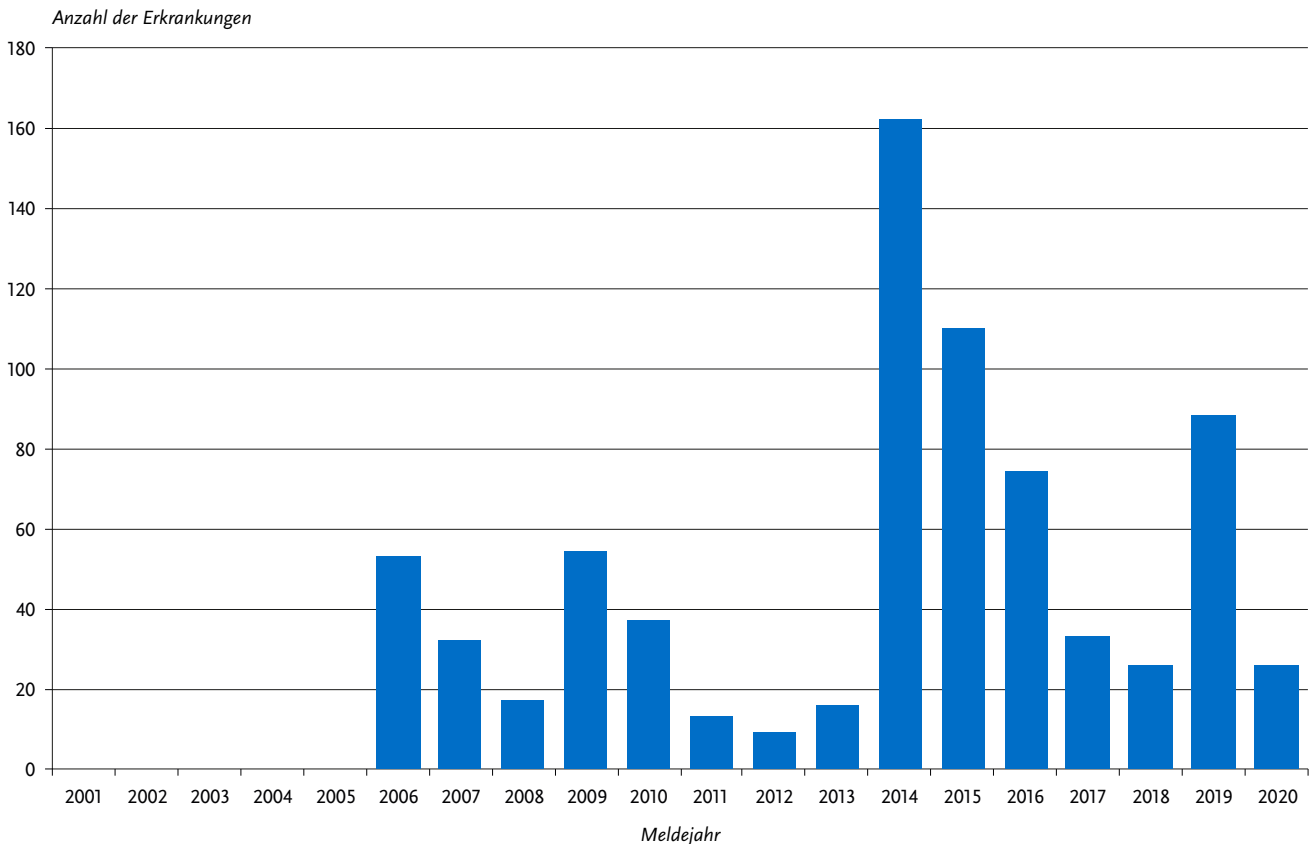
Es erkrankten 14 Frauen und 12 Männer; 81 % aller Erkrankungen traten in den Altersgruppen der 25- bis 69-Jährigen auf. Todesfälle wurden nicht übermittelt. 81 % der Erkrankungen wurden im I. Quartal übermittelt und betrafen häufig noch Reisen vor Ausbreitung der SARS-CoV-2-Pandemie.

Für 26 Erkrankungen lagen 26 Nennungen zu wahrscheinlichen Infektionsländern bzw. Regionen vor (s. Tab. 6.8.1). Alle Fälle mit Angabe zum Infektionsland hatten eine mögliche Exposition außerhalb Europas bzw. in einem französischen Überseegebiet. Hinweise auf autochthone Infektionen gab es nicht. Mit Abstand die meisten Chikungunyavirus-Infektionen wurden auch noch 2020 in Thailand (9 Nennungen) erworben, gefolgt von Brasilien (5 Nennungen). Im Jahr 2020 lag der Anteil der Erkrankungen mit wahrscheinlichem Infektionsland in Asien bei 65 %.

Tab. 6.8.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2020

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	9	35 %
Brasilien	5	19 %
Indien	3	12 %
Dschibuti	2	8 %
Myanmar	2	8 %
Andere	5	19 %
Summe	26	100 %

Abb. 6.8.1:
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Fazit

Die Anzahl der Chikungunyavirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern, die großen Schwankungen unterliegt, sowie von Veränderungen in den Reiseströmen abhängig. Für den starken Rückgang der Fallzahlen, insbesondere nach dem I. Quartal 2020, ist sicherlich der beträchtliche Einbruch bei den Fernreisen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie verantwortlich. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Fournet N, Dias J, et al. Gossner CM, Fournet N, Dias J, et al.: *Risks related to Chikungunya infections among European Union travelers, 2012 – 2018*. Emerg Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.3201/eid2606.190490>
- 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.1.1900721>
- Javelle E, Florescu SA, Asgeirsson H, et al.: *Increased risk of chikungunya infection in travellers to Thailand during ongoing outbreak in tourist areas: cases imported to Europe and the Middle East, early 2019*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.10.1900146>
- 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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.

6.9 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 2020 wurden keine Cholera-Erkrankungen übermittelt. Die seit 2001 übermittelten Cholera-Erkrankungen sind in Abb. 6.9.1 dargestellt. Ausgehend von reiseassoziierten Erkrankungen sind dem RKI seit 2001 keine Übertragungen innerhalb Deutschlands bekannt.

Literaturhinweise

STIKO: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen. Epid Bull 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>

Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 63
- Fallzahl im Jahr 2020 etwas unter Vorjahresniveau
- Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 59-Jährigen
- Ausschließlich sporadische CJK-Fälle übermittelt

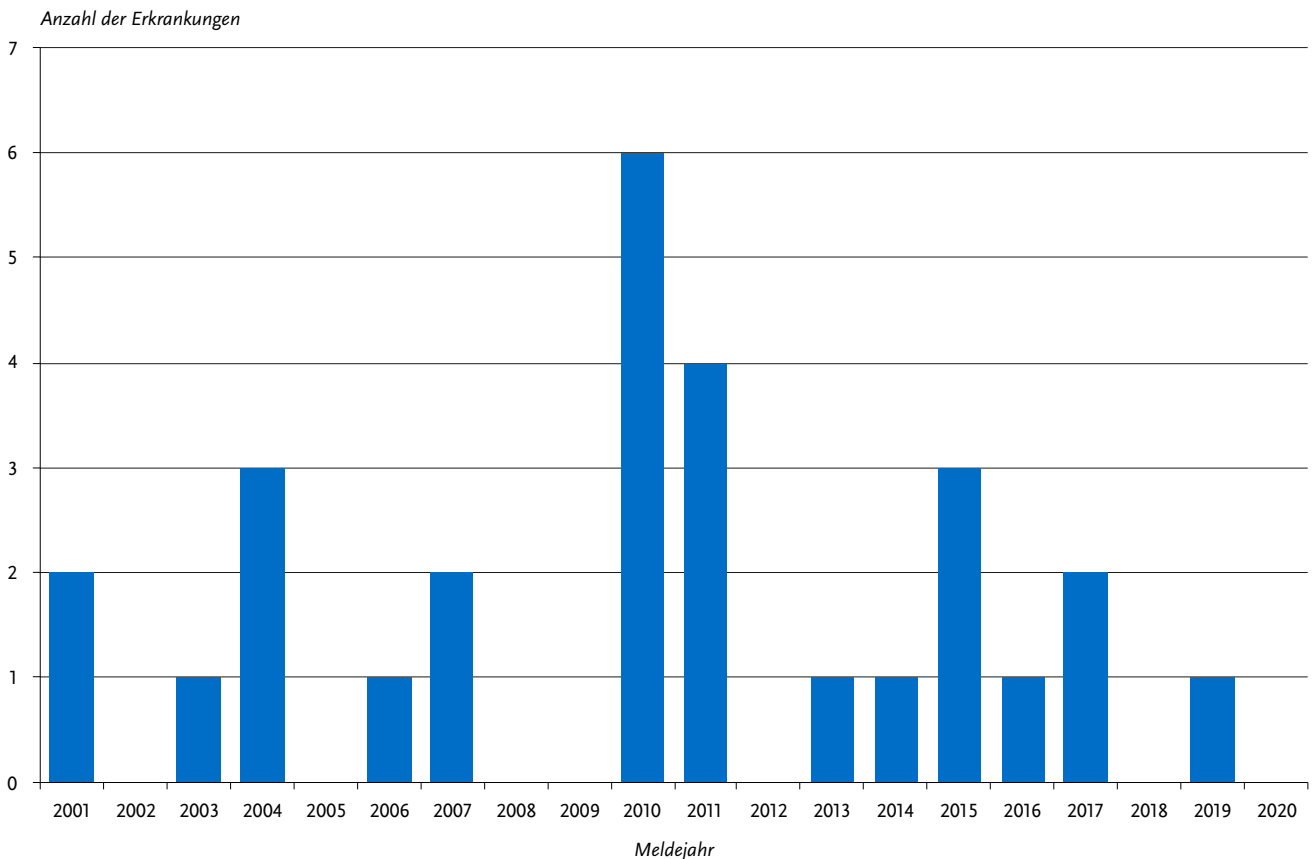
Kurzbeschreibung

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 Über-

Abb. 6.9.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



tragungen 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«

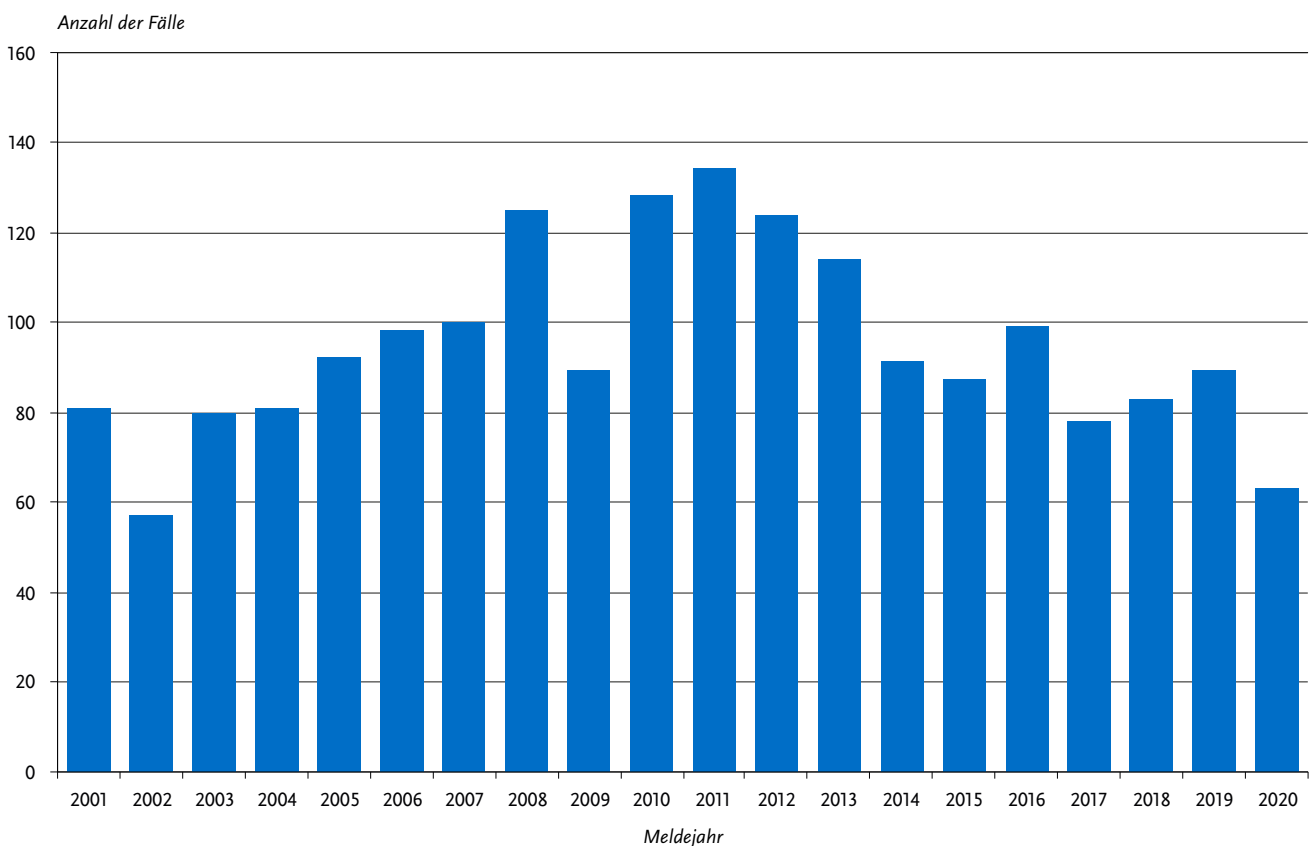
(BSE), zurückzuführen. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass vCJK auch durch Bluttransfusionen übertragen werden kann.

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

Abb. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Tab. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	41	46 %	26	41 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	43	48 %	29	46 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	6 %	8	13 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	89	100 %	63	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	89	100 %	63	100 %

der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden dem RKI 63 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.10.1). Damit liegt die Anzahl der übermittelten Fälle etwas niedriger als im Jahr 2019 (s. Abb. 6.10.1). Ein Rückgang der Datenvollständigkeit könnte mit der pandemiebedingten starken Belastung bei gleichzeitig knappen Ressourcen in den Gesundheitsämtern begründet sein.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Die meisten Fälle wurden aus Bayern, Baden-Württemberg und Niedersachsen übermittelt (jeweils 12, 8 und 8 Fälle). Außer dem Saarland haben alle Bundesländer im Jahr 2020 Fälle übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

Die übermittelten CJK-Fälle traten bei Personen ab 50 Jahre und älter auf. Die Inzidenz war mit 0,4 Fällen pro 100.000 Einwohner in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Männer am höchsten. Bei Frauen dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz 0,2.

Männer waren mit 38 Fällen häufiger betroffen als Frauen mit 25 Fällen.

Klinische Aspekte

Bei 37 der 63 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 33 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 4 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 2020 wurde der größere Anteil der Fälle als klinisch-laboridiagnostisch bestätigt übermittelt (29; 46%). Dies erfolgte entsprechend der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien in Göttingen. Der Anteil der klinisch bestätigten Fälle liegt im Jahr 2020 bei 41% (26 Fälle). 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; PrP^{sc}-Aggregationsassay) erlaubt den direkten Nachweis von PrP^{sc} (pathologische Isoform des Prion-Proteins) 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 2020 lag die CJK-Fallzahl etwas niedriger als im Jahr 2019. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch 2020 mit 0,1 Fällen/100.000 Einwohner wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- Llorens F, Villar-Piqué A, Hermann P, et al.: Cerebrospinal fluid non-phosphorylated tau in the differential diagnosis of Creutzfeldt-Jakob disease: a comparative prospective study with 14-3-3. J Neurol 2020; 267:543–550.
- Blennow K, Diaz-Lucena D, Zetterberg H, et al.: CSF neurogranin as a neuronal damage marker in CJD: a comparative study with AD. J Neurol Neurosurg Psychiatry 2019; 90:846–853.
- Kanata E, Golanska E, Villar-Piqué A, et al.: Cerebrospinal fluid neurofilament light in suspected sporadic Creutzfeldt-Jakob disease. J Clin Neurosci 2019; 60:124–127.
- 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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.

6.11 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.595
- Inzidenz von 1,9 Erkr./100.000 Einw. (Abnahme im Vergleich zu den beiden Vorjahren)
- Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-Jährigen

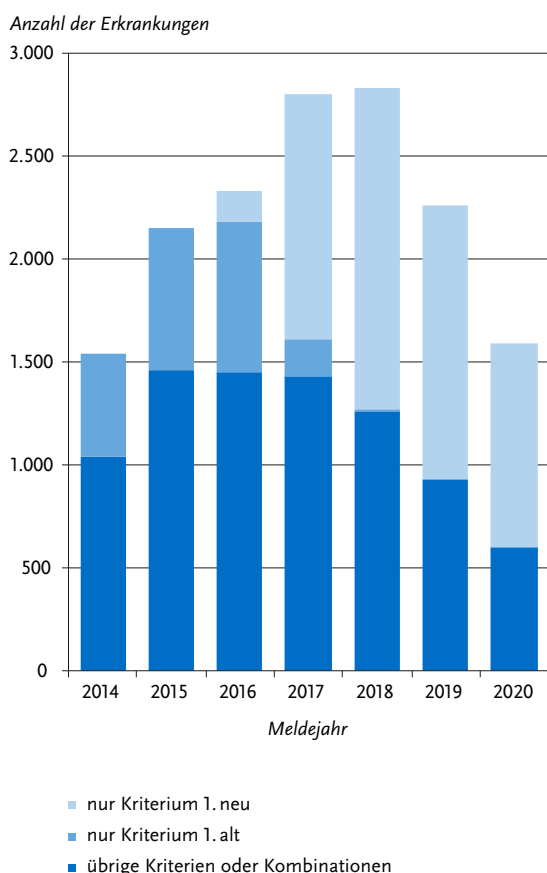
Kurzbeschreibung

Clostridioides difficile (früher *Clostridium difficile*) ist ein anaerobes sporenbildendes grampositives Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommen kann. *C.-difficile*-Bakterien besitzen teilweise die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B und binäres Toxin) zu produzieren, die wiederum zu einer Darmentzündung führen können. Die von *C. difficile* verursachten Krankheitsbilder reichen von asymptomatischer Besiedlung oder einer milden Durchfallerkrankung bis hin zu schweren lebensbedrohlichen Verläufen (z.B. pseudomembranöse Kolitis, toxisches Megakolon). Typische Risikofaktoren für die Erkrankung sind fortgeschrittenes Alter, eingeschränkte Immunkompetenz, Komorbiditäten, Krankenhausaufenthalte sowie Faktoren, die das Gleichgewicht der mikrobiellen Darmflora stören, insbesondere eine Antibiotikatherapie. Eine Übertragung von *C. difficile* ist vor allem durch direkten Patientenkontakt, über die kontaminierten Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt möglich.

Falldefinition

Im Jahr 2016 wurden die Meldekriterien, welche das klinische Bild einer schweren Verlaufsform einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung definieren, und in der Folge die Falldefinition für

Abb. 6.11.1:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2020



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. Die weiteren Kriterien umfassen: Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung oder ihrer Komplikationen; Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis; Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und Wertung der *Clostridioides-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung.

Zeitlicher Verlauf

Insgesamt wurden 1.595 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten. Die bundesweite Inzidenz lag damit im Jahr 2020 bei 1,9 Erkr./100.000 Einw. und nahm im Vergleich zu den Jahren 2018 (3,4) und 2019 (2,7) weiter ab.

Es wurden im Jahr 2020 keine Erkrankungen mehr nach dem alten Kriterium (1.alt) »Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten Infektion« übermittelt. Insgesamt wurden 992 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 und 2019 nahm die Anzahl der allein auf Kriterium 1.neu zurückzuführenden Übermittlungen ab. Insgesamt erfüllten 603 Erkrankungen Kriterien, die durch die Änderung der Falldefinition nicht beeinflusst wurden (s. o.). Hier zeigt sich im Vergleich zu den 3 Vorjahren ebenso ein Rückgang der übermittelten Erkrankungen (s. Abb. 6.11.1).

Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Saarland und 6,7 in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 1,9 Erkr./100.000 Einw. In fast allen Bundesländern nahm die Inzidenz im Vergleich zum Median der 3 Vorjahre deutlich ab. Nur in Mecklenburg-Vorpommern war ein leichter Anstieg von 4,2 auf 4,4 Erkr. /100.000 Einw. zu beobachten (s. Abb. 6.11.2).

Demografische Verteilung

C.-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 1.113 Erkrankte (70 %) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,5 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 0,9, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,1 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 4,7. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 13,3 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.11.3) beobachtet. In den Altersgruppen bis 80 Jahre waren beide Geschlechter etwa gleich stark betroffen. Ab dem Alter von 80 Jahren war die Inzidenz bei Männern höher. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 1,7 und bei Frauen bei 2,1 Erkr./100.000 Einw.

Klinische Aspekte

Das Kriterium (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« war 1.164-mal (73 %) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« wurde bei 240 (15 %) Erkrankungen angegeben. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde bei 56 (4 %) der Erkrankungen genannt.

Bei 418 (26 %) Erkrankungen wurde »Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *C.-difficile*-Erkrankung und Wertung der *C.-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung« angegeben.

Fazit

Die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C.-difficile*-Erkrankungen ist mit 1,9 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2019 um 30 % gesunken. Auf regionaler Ebene ist der Rückgang der Inzidenz auf einen Rückgang der Übermittlungen in allen Bundesländern außer Mecklenburg-Vorpommern zurückzuführen. Eine Ursache für den Rückgang ist anhand der übermittelten Daten nicht ableitbar. Aufgrund der COVID-19-Pandemie nahmen die Patientenzahlen in den Krankenhäusern ab, u. a. weil empfohlen wurde, elektive Eingriffe zu verschieben, und zudem bei einigen Krankenhäusern ein Aufnahmestopp bestand. Für *C. difficile*-Erkrankungen könnte auch die mit der geringeren Anzahl von Operationen einhergehenden selteneren perioperativen Prophylaxen die Häufigkeit des Auftretens gesenkt haben.

Abb. 6.11.2:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner
nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.595)

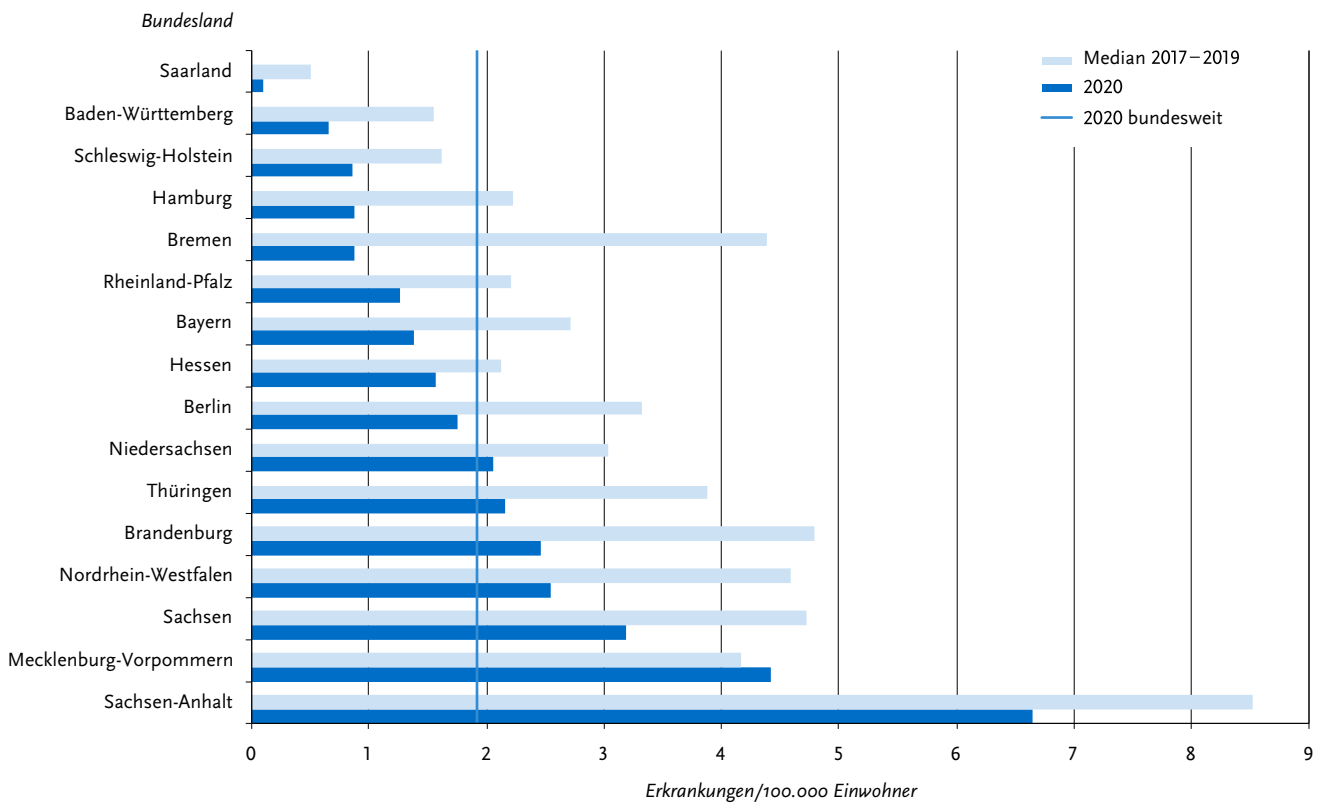
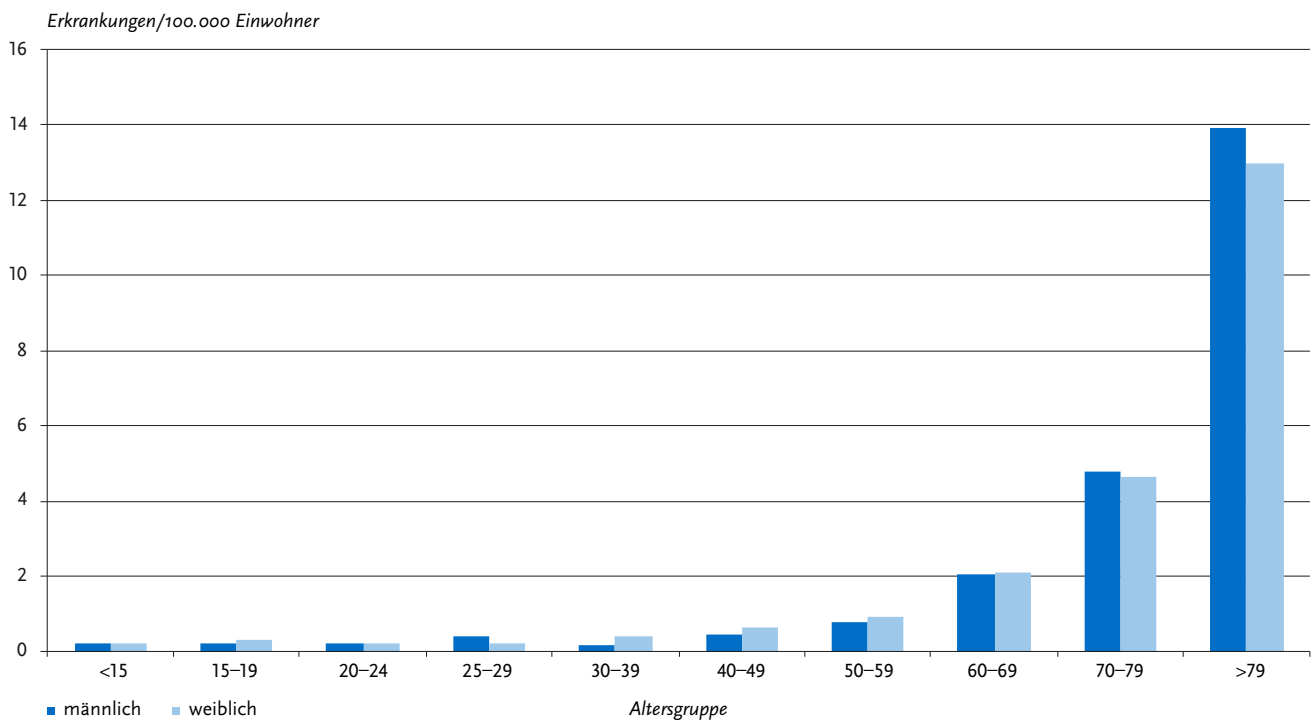


Abb. 6.11.3:
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner
nach Alter und Geschlecht, 2020 (n=1.594)



Literaturhinweise

- Johnson S, Laverigne V, Skinner AM, et al.: *Clinical Practice Guideline by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and Society for Healthcare Epidemiology of America (SHEA): 2021 Focused update guidelines on management of Clostridioides difficile Infection in adults*. Clin Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.1093/cid/ciab718>
- Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Bischoff M, Gärtner BC, German speaking C. difficile laboratory study group: *Quality assurance for genotyping and resistance testing of Clostridium (Clostridioides) difficile isolates - Experiences from the first inter-laboratory ring trial in four German speaking countries*. Anaerobe 2020; 61:102093.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): *Hygienemaßnahmen bei Clostridioides difficile-Infektion (CDI)*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:906–923.
- Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: *CDAD-KISS Referenzdaten 2020*. https://www.nrz-hygiene.de/fileadmin/nrz/module/cdad/202001_202012CDAD_Ref.pdf
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2018.02.020>
- 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.
- 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. <https://doi.org/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*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-017>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.785.656
- ▶ Der Verlauf im Jahr 2020 erfolgte in zwei Wellen im Frühjahr und Herbst
- ▶ Die meisten Infektionen wurden in Deutschland erworben (94 %)
- ▶ Höchste Inzidenz bei jungen Erwachsenen im Alter von 20 bis 24 Jahren (3.131/100.000)
- ▶ 56.774 Ausbrüche mit 385.730 Fällen

Kurzbeschreibung

Die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) wird durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2) ausgelöst. SARS-CoV-2 ist ein Beta-Coronavirus, das Ende 2019 in China erstmals gehäuft auftrat und Anfang 2020 als Auslöser von COVID-19 identifiziert wurde. Am 11. März 2020 wurde das weltweite COVID-19-Infektionsgeschehen von der WHO zu einer Pandemie erklärt.

Coronaviren sind unter Säugetieren und Vögeln weit verbreitet. Sie verursachen beim Menschen vorwiegend milde Erkältungskrankheiten, können aber mitunter schwere Lungentzündungen hervorrufen. SARS-CoV-2 verwendet das Enzym ACE-2 als Rezeptor, um in die Wirtszellen zu gelangen. Es wird vermutet, dass das Virus von Fledermäusen über einen Zwischenwirt auf den Menschen übertragen wurde. Die genaue Quelle ist aber weiterhin ungeklärt. Die Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt hauptsächlich über die respiratorische Aufnahme virushaltiger Partikel (Tröpfchen, Aerosole), die beim Atmen, Sprechen, Husten, Niesen und Singen entstehen können. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. COVID-19 kann sich in vielfältiger Weise und nicht nur in der Lunge, sondern auch in anderen Organsystemen manifestieren. Die Manifestationsorte sind u. a. von der Dichte der ACE-2 Rezeptoren in den Geweben abhängig, die dem Virus den Eintritt in die Zelle ermöglichen. In der Regel treten Atemwegsinfektionen auf, die in der Mehrzahl der Fälle mild verlaufen. Ebenfalls häufig berichtet wurden aber auch Fälle mit schweren Pneumonien bis hin zu Lungenversagen und Tod. Zu beachten ist, dass es zum Teil auch zu symptomlosen Infektionen oder anderen Symptomen außerhalb der Atemwege kommen kann, wie beispielsweise Herz-Kreislauf-Störungen, Magen-Darm-Beschwerden, neurologische Symptome (z.B. Störung des Geruchs- oder Geschmackssinns) oder Nierenerkrankungen.

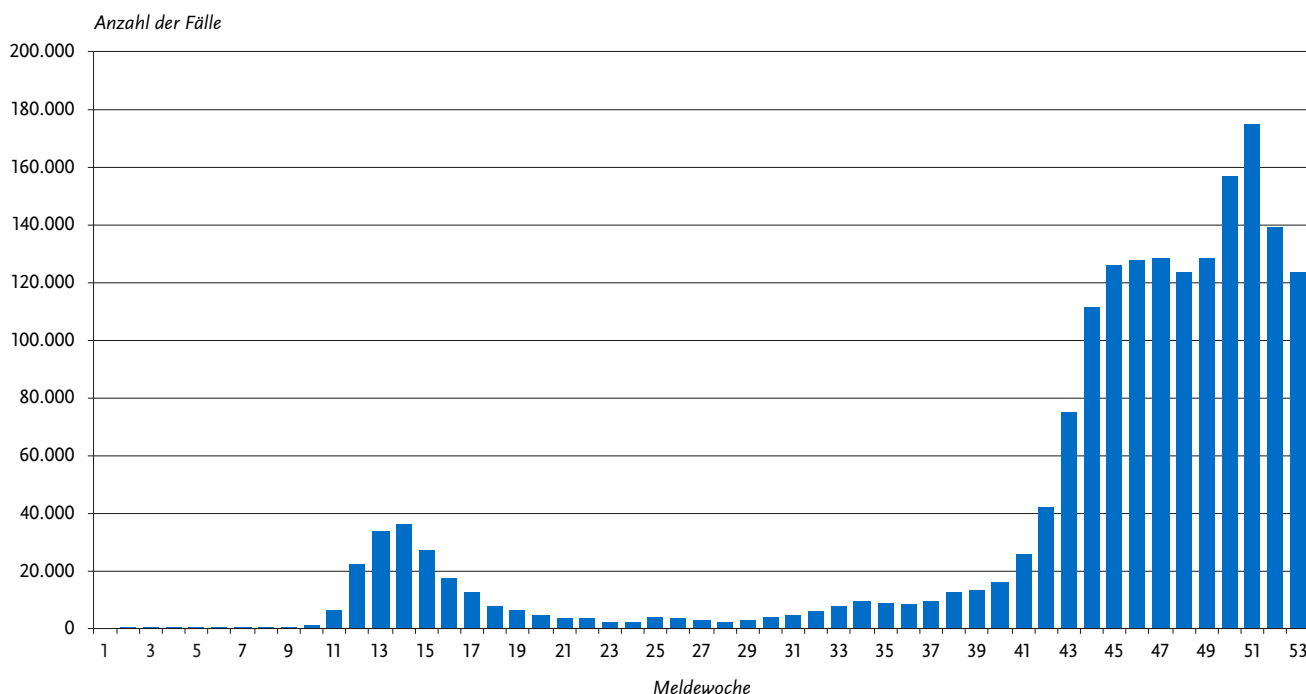
Falldefinition

Im Jahr 2020 wurden 1.788.651 Fälle übermittelt. Davon entsprachen 1.785.656 der Referenzdefinition. Der Krankheitsverdacht, die Erkrankung und der Tod auf eine Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) gemäß § 6 sowie der direkte oder indirekte Nachweis von SARS-CoV-2 sind meldepflichtig. Von diesen Meldungen übermittelt das Gesundheitsamt gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde nur Erkrankungs- oder Todesfälle und Erregernachweise, die der Falldefinition gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechen. Dies sind alle laborbestätigten Fälle unabhängig von klinischen Symptomen sowie

Tab. 6.39.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020

Kategorie	2020	
	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2.995	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	772.903	43 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	477.819	27 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	534.934	30 %
alle	1.788.651	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.785.656	100 %

Abb. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2020



klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle (Falldefinitions-kategorien B, C, D, E). Im Folgenden berichtet werden Fälle, die der Referenzdefinition (nur mittels PCR oder Erregerisolierung labordiagnostisch bestätigte Fälle) entsprechen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 kam es zu zwei COVID-19-Wellen in Deutschland. Die erste Welle verlief von der 10. bis zur 20. Meldewoche (MW). In diesem Zeitraum wurden 175.216 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.12.1). Bundesweit erreichten die übermittelten Fälle ihren Höhepunkt in der ersten Welle in der 14. MW mit 36.086 Fällen. Die zweite COVID-19-Welle begann ab der 40. MW und war bis zum Ende des Jahres 2020 noch nicht abgeschlossen. Für den Zeitraum von MW 40 bis MW 53 wurden insgesamt 1.498.289 Fälle übermittelt, mit

einem Höhepunkt in der 51. MW mit 174.971 Fällen. Die bundesweite Inzidenz übermittelter Fälle für das gesamte Jahr 2020 betrug 2.147 pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2020 lag bei 2.147 Fällen pro 100.000 Einwohner. Dabei lag die Inzidenz in den Bundesländern Sachsen (3.481), Berlin (2.705), Bayern (2.554), Nordrhein-Westfalen (2.245), Hessen (2.235), Baden-Württemberg (2.213) und Thüringen (2.102) darüber.

Unter allen Fällen gemäß Referenzdefinition war für 1.045.273 Fälle (59 %) ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für 94 % der Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt. Mit einem Anteil von 12 % wurde in MW 12 der höchste Anteil an Fällen mit einer Exposition im

Ausland berichtet, gefolgt von MW 34 (8%). Als häufigste wahrscheinliche Expositionsorte im Ausland wurden insgesamt Österreich (1%) und Kosovo (1%) berichtet.

Demografische Verteilung

Unter allen Fällen gemäß Referenzdefinition lag für 1.772.644 Fälle (99%) eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Die höchste altersspezifische Inzidenz im Jahr 2020 lag bei Personen im Alter von 20 bis 24 Jahren (3.131/100.000), gefolgt von Personen ab 80 Jahren (2.925/100.000) und den 25- bis 29-Jährigen (2.833/100.000). Bei Betrachtung nach Geschlecht waren männliche Fälle im Alter von 20 bis 24 Jahren (2.916/100.000) und 25 bis 29 Jahren (2.717/100.000) am stärksten betroffen (s. Abb. 6.12.2). Unter den weiblichen Fällen waren es Personen im Alter von 20 bis 24 Jahren (3.321/100.000) und Personen ab 80 Jahre (3.147/100.000). Insgesamt war die Inzidenz aller COVID-19-Fälle im Jahr 2020 bei Frauen (2.216/100.000) höher als bei Männern (2.049/100.000). Der Altersmedian für alle COVID-19-Fälle lag bei 43 Jahren.

Klinische Aspekte

Für 69% aller Fälle (n=1.238.679) waren klinische Informationen verfügbar. Allgemeine Krankheitszeichen traten bei nahezu der Hälfte dieser Fälle auf, gefolgt von Husten (40%), Schnupfen (28%), Fieber (28%) und Halsschmerzen (21%). Von Geruchs- und Geschmacksverlust waren 20 bzw. 18% der Fälle betroffen (Mehrfachnennungen möglich).

Unter allen Fällen lagen für 1.340.307 eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Davon wurden im Jahr 2020 133.320 COVID-19-Fälle (10%) stationär aufgenommen. Mit ca. einem Drittel (36%) wurde der höchste Anteil an hospitalisierten Fällen bei Personen ab 70 Jahren beobachtet. Der niedrigste Anteil (1%)

lag bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 5 bis 14 Jahren. Geschlechtsspezifisch wurden Männer (11%) etwas häufiger als Frauen (9%) stationär aufgenommen.

Für das Jahr 2020 wurden 50.621 COVID-19-Todesfälle übermittelt. Dies entspricht einem Fall-Verstorbenen-Anteil von ca. 3%. Für 42.182 Fälle (83%) wurde angegeben, dass COVID-19 ursächlich zum Tod beigetragen habe. Mit 69% nehmen Personen ab 80 Jahren den größten Anteil unter den Verstorbenen ein, gefolgt von den 70- bis 79-Jährigen (20%). Die Mehrzahl der Todesfälle (52%) war männlich.

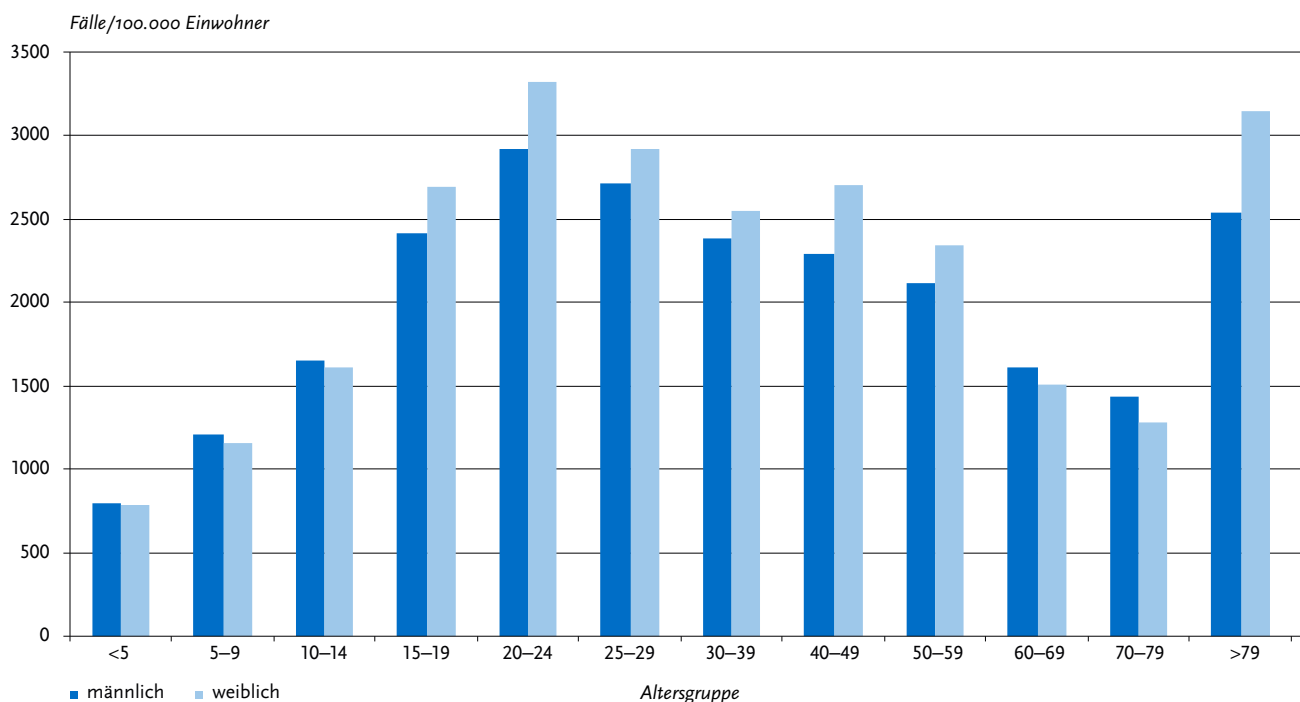
Nachgewiesene Erreger

Seit Beginn der Zirkulation von SARS-CoV-2 im Menschen erwerben die Viren eine zunehmende Anzahl von Variationen (Nukleotidpolymorphismen, Deletionen) innerhalb ihres Genoms. Anhand dieser Genomveränderungen werden die Viren in Varianten bzw. Linien unterteilt. Seit Mitte Dezember 2020 wurde aus Großbritannien über die zunehmende Identifizierung und Verbreitung der sogenannten Alpha-Variante (VOC: variant of concern) berichtet. Diese Viren gehören der Linie B.1.1.7 (501Y.V1) an und verbreiteten sich seit September 2020 über den Süden und Südosten Großbritanniens. Ebenfalls im Dezember 2020 wurde zudem erstmals vom vermehrten Auftreten einer SARS-CoV-2-Variante in Südafrika (B.1.351, 501Y.V2) berichtet. Für das Jahr 2020 wurde für 41 Fälle die Variante B.1.1.7 angegeben und für 10 Fälle die Variante B.1.351.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 56.774 Ausbrüche mit 385.730 COVID-19-Fällen übermittelt. Durchschnittlich wurden pro Ausbruch 7 Fälle erfasst. Fast drei Viertel (72%) der Fälle gehörte zu 15.393 größeren Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen.

Abb. 6.12.2:
Übermittelte COVID-19-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n= 1.772.644)



Der Altersmedian von Fällen in Ausbrüchen lag bei 49 Jahren, wobei den größten Anteil (21%) hier Personen ab 80 Jahren einnahmen. Mit Blick auf die wahrscheinlichen Ausbruchsettings wurden der private Haushalt, der Arbeitsplatz und Schulen am häufigsten genannt. Ausbrüche mit vielen Fällen wurden zudem in Alten-/Pflegeheimen und in Krankenhäusern verzeichnet.

Datenqualität

Aufgrund der Neuartigkeit der Krankheit wurde die Datenerfassung im Verlauf kontinuierlich an die neuen wissenschaftlichen Erkenntnisse und gesetzlichen Vorgaben angepasst. So können bspw. ab MW 17 Symptome wie Geruchs- und Geschmacksverlust systematisch übermittelt werden.

Da die Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen bzw. COVID-19 an das medizinische Versorgungssystem durch niedergelassene Ärztinnen und Ärzte, Krankenhäuser, Labore, Leitungen von Gemeinschaftseinrichtungen oder Testzentren gekoppelt ist und der Referenzdefinition des RKI zudem nur durch PCR oder Virusisolierung bestätigte Fälle entsprechen, kann es sein, dass insbesondere Personen mit einem milden oder asymptomatischen Krankheitsverlauf seltener erfasst wurden. Die Erfassung milder und asymptomatischer Fälle ist daher neben der zugrunde liegenden Falldefinition auch abhängig von der angewendeten Teststrategie. Diese war bereits zu Beginn der Pandemie in Deutschland sensitiv, aber aufgrund der noch im Aufbau befindlichen Kapazitäten während der ersten Welle in ihrem Umfang begrenzt. Dies änderte sich u. a. auch mit der Einführung von Testpflichten für Reiserückkehrer und mit Aufnahmetests (Screenings) in stationären Einrichtungen ab Sommer 2020.

Fazit

Die COVID-19-Pandemie in Deutschland verlief im Jahr 2020 in 2 Wellen im Frühjahr und Herbst. Für die Mehrzahl der Fälle (94%) wurde Deutschland als wahrscheinlicher Infektionsort angegeben. Der höchste Anteil an reiseassoziierten Fällen wurde zu Beginn der ersten Welle in MW 12 beobachtet. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei jungen Erwachsenen und bei älteren Personen ab 80 Jahren registriert. Hospitalisierte und verstorbene Fälle wurden dagegen hauptsächlich bei hochaltrigen Personen übermittelt. Geschlechtsspezifische Unterschiede wurden insbesondere unter den schweren Fällen deutlich. Fälle mit männlichem Geschlecht sind etwas häufiger stationär aufgenommen worden bzw. verstorben.

Das Auftreten besorgniserregender Virusvarianten wurde erst im Dezember 2020 beobachtet. Es ist daher von einem geringen Einfluss der VOC auf das Infektionsgeschehen im Jahr 2020 auszugehen.

Literaturhinweise

- Diercke M, Claus H, Rexroth U, Hamouda O: *Anpassung des Meldesystems gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2020 aufgrund von COVID-19*. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03298-w>
- Böhmer MM, Buchholz U, Corman VM, et al.: *Investigation of a COVID-19 outbreak in Germany resulting from a single travel-associated primary case: a case series*. Lancet Infect Dis 2020. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30314-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30314-5)
- Schilling J, Lehfeld AS, Schumacher D, et al.: *Krankheitsschwere der ersten COVID-19-Welle in Deutschland basierend auf den Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz*. J Health Monitoring 2020. <https://doi.org/10.25646/7169>
- Kramer R, Klingenberg A, Diercke M, et al.: *COVID-19—analysis of incident cases reported within the German healthcare system*. Dtsch Arztebl Int 2020. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2020.0809>
- Rexroth U, Hamouda O, Hanefeld J, Ruehe B, Wieler LH, Schaade L: *Letter to the editor: Wide indication for SARS-CoV-2-testing allowed identification of international risk areas during the early phase of the COVID-19 pandemic in Germany*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.23.2001119>
- Schilling J, Buda S, Fischer M, et al.: *Retrospektive Phaseneinteilung der COVID-19-Pandemie in Deutschland bis Februar 2021*. Epid Bull 2021; 15:3–12. <https://doi.org/10.25646/8149>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Otte im Kampe E, et al.: *Epidemiologie von COVID-19 im Schulsetting*. Epid Bull 2021; 13:23–36. <https://doi.org/10.25646/8030.2>
- Frank C, Hellenbrand W, Sievers C: *Betrachtung der reiseassoziierten COVID-19-Fälle im Sommer 2020 unter Berücksichtigung der Schulferien, Reisetätigkeit und Testkapazitäten*. Epid Bull 2021; 8:3–16. <https://doi.org/10.25646/7955.3>
- Stern D, Böttcher S, Oh DY, et al.: *Erfassung der SARS-CoV-2-Testzahlen in Deutschland*. Epid Bull 2021; 6:13–19. <https://doi.org/10.25646/8001.2>
- Buda S, An der Heiden M, Altmann D, Diercke M, Hamouda O, Rexroth U: *Infektionsumfeld von erfassten COVID-19-Ausbrüchen in Deutschland*. Epid Bull 2020; 38:3–12. <https://doi.org/10.25646/7093>
- Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, RKI: *Beschreibung des bisherigen Ausbruchsgeschehens mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 in Deutschland*. Epid Bull 2020; 7:2–4. <https://doi.org/10.25646/647>
- RKI (2021): *Epidemiologischer Steckbrief zu SARS-CoV-2 und COVID-19*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html

6.13 Denguefieber



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 205
- Sehr geringe Fallzahl, beeinflusst vom Einbruch bei Fernreisen nach dem I. Quartal.
- Alle Infektionen wurden im Ausland erworben, die meisten 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.

Tab. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.176	91 %	205	88 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	37	3 %	20	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	76	6 %	8	3 %
alle	1.289	100 %	233	100 %
Referenzdefinition (C)	1.176	91 %	205	88 %

Faldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.13.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 205 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt, 83 % weniger als im Jahr 2019, (s. Abb. 6.13.1). Weniger Denguefieber-Fälle wurden zuletzt im Jahr 2006 an das RKI übermittelt. Die Inzidenz betrug 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Im I. Quartal wurden 67 % der Erkrankungen übermittelt und betrafen häufig noch Reisen vor Ausbreitung der COVID-19-Pandemie.

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (0,5 Erkr./100.000 Einw.), Baden-Württemberg und Bayern (je 0,4 Erkr./100.000 Einw.).

Zu 205 Erkrankungen lagen 209 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.13.2 sind die 11 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (20 % der Nennungen, Vorjahr: 30 %). Es folgten Indonesien (10 %) und Indien (6 %).

Im Vergleich zum Vorjahr wurden anteilig etwas mehr Infektionen in Süd- und Mittelamerika erworben (32 %; Vorjahr: 21 %), und weniger in Asien (52 %; Vorjahr: 70 %). Auf afrikanische Länder entfielen 11 % (Vorjahr: 6 %), Australien/Ozeanien erreichte 2 % (Vorjahr: 1 %). Für 7 Erkrankungen (3 %) wurden europäische Staaten als Infektionsländer übermittelt (Vorjahr: 21 Erkrankungen, 2 %); einmal wurde neben einem Aufenthalt in Dengue-Endemieregionen zusätzlich ein Aufenthalt in Deutschland angegeben; 6 Erkrankte hatten Reiseanamnesen in französischen Überseegebieten oder Départements (3-mal Martinique, je einmal Französisch-Guayana, Guadeloupe und La Réunion).

Nach Aufenthalten an der ägyptischen Küste des Roten Meeres wurden im Berichtsjahr 3 Fälle mit Erkrankungsbeginn im Dezember 2019 sowie Januar und März 2020 übermittelt. Im Jahr 2017 hatte es in Ägypten – kein klassisches Dengue-Endemieland – einen größeren Ausbruch gegeben, in dessen Rahmen sich 7 Reisende aus Deutschland infiziert hatten; auch 2018 und 2019 waren einige Fälle gemeldet worden.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen beobachtet. Die wie in den Vorjahren niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die

Tab. 6.13.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 205 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	41	20 %
Indonesien	21	10 %
Indien	13	6 %
Paraguay	11	5 %
Philippinen	10	5 %
Kuba	10	5 %
Brasilien	9	4 %
Bolivien	7	3 %
Kolumbien	6	3 %
Frankreich	6	3 %
Sri Lanka	6	3 %
Andere	69	33 %
Summe	209	100 %

Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Insgesamt waren beide Geschlechter ähnlich stark betroffen. In der Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen waren jedoch überproportional viele Frauen unter den Erkrankten (s. Abb. 6.13.2).

Klinische Aspekte

Fälle, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf oder ein Dengue-Schock-Syndrom erfüllen, wurden 2020 nicht übermittelt, auch keine Todesfälle

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

Abb. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

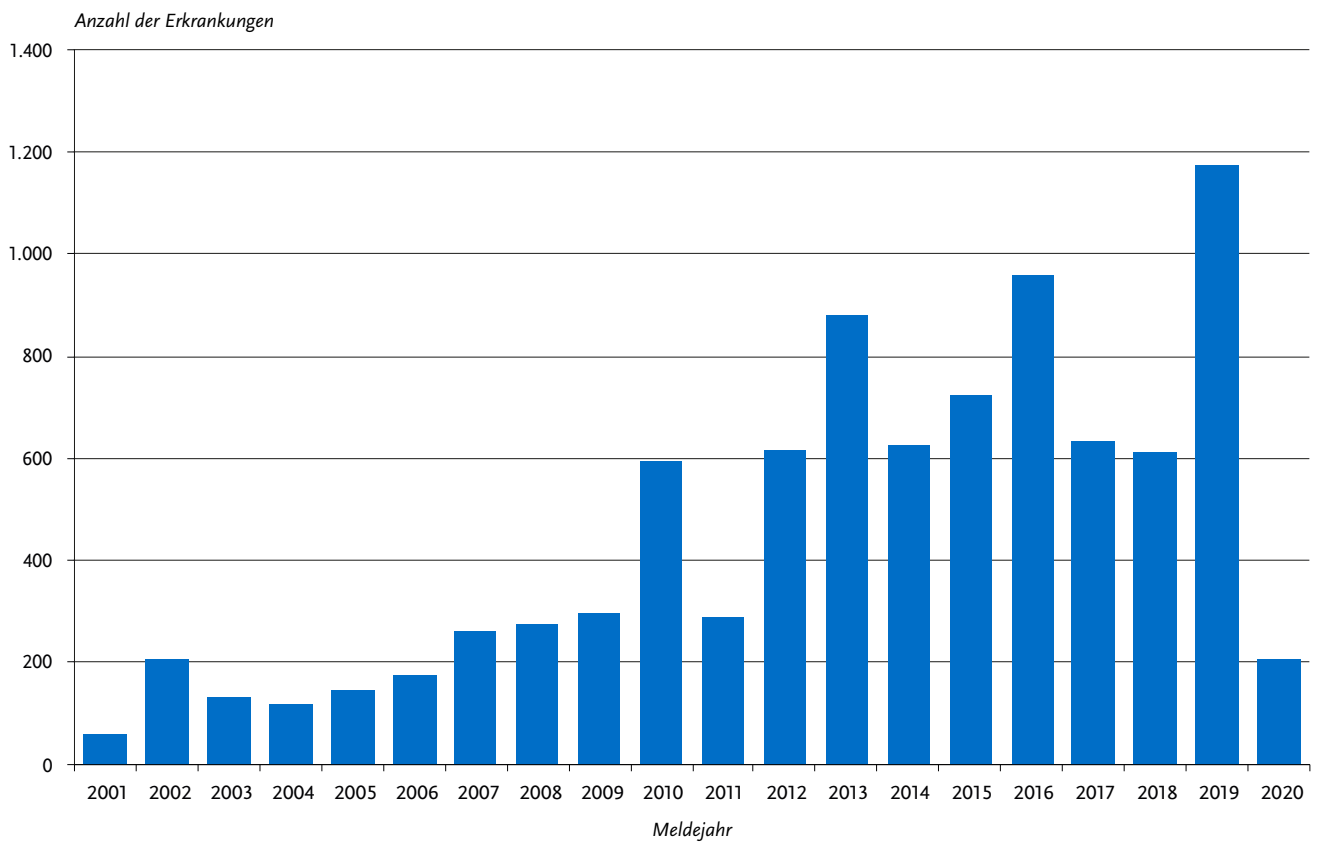
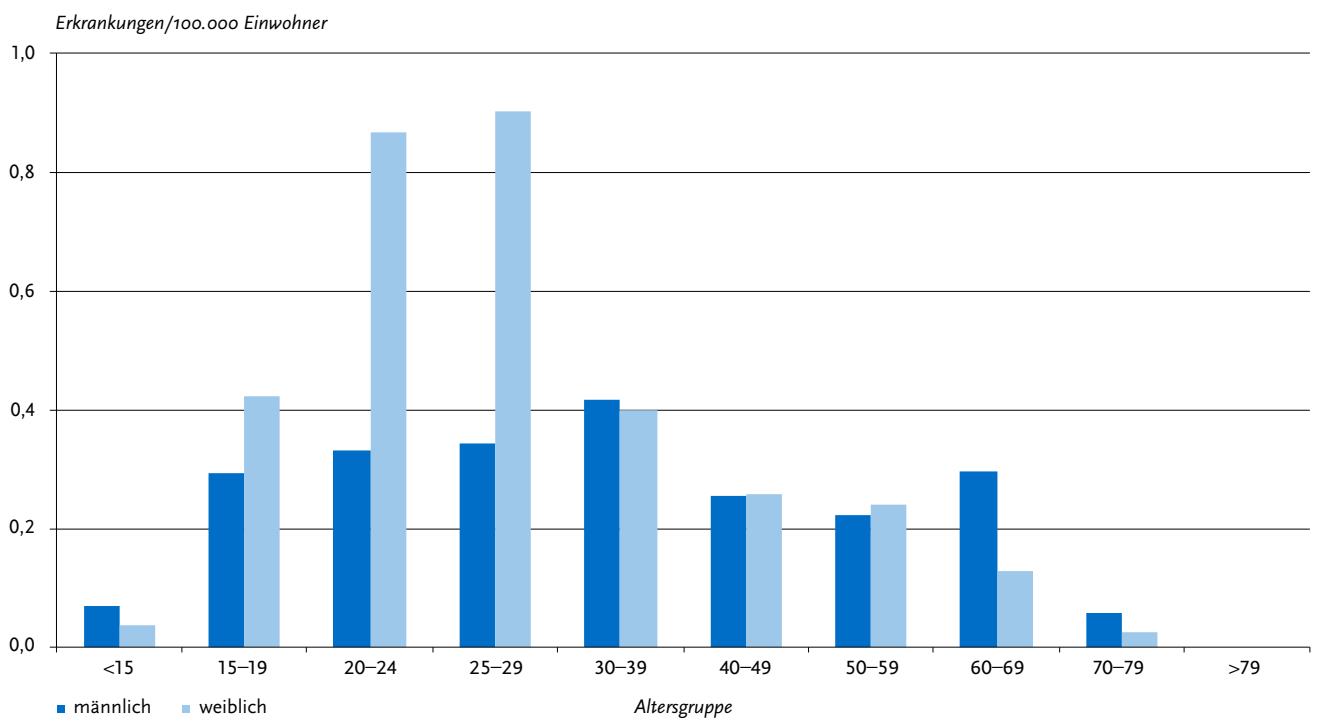


Abb. 6.13.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=204)



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. Für den starken Rückgang der Fallzahlen, insbesondere nach dem I. Quartal 2020, ist sicherlich der beträchtliche Einbruch bei den Fernreisen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie verantwortlich. 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. <https://dx.doi.org/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. <https://doi.org/10.3201/eid2404.172131>
- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019; 27: 246.

6.14 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, ein Schutz durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurden 16 Diphtherie-Erkrankungen übermittelt, die alle die Referenzdefinition erfüllten. Im Vergleich zum Vorjahr (2019: 15 Fälle) blieb die Anzahl fast konstant (s. Abb. 6.14.1). Die Erkrankungen wurden aus Bayern (5), Niedersachsen (4), Brandenburg und Nordrhein-Westfalen (jeweils 2), Sachsen-Anhalt, Berlin und Rheinland-Pfalz (jeweils ein Fall) übermittelt.

Von den 16 Erkrankungen manifestierten sich 15 als Hautdiphtherie und eine Erkrankung als respiratorische Diphtherie. Bei 11 der 15 Hautdiphtherien wurde der Erreger *C. ulcerans* nachgewiesen, bei den verbleibenden 4 Fällen *C. diphtheriae*. Der eine Fall von respiratorischer Diphtherie wurde durch den Erreger *C. ulcerans* verursacht. Als wahrscheinliches Infektionsland wurde bei 11 Erkrankungen Deutschland und bei einer Erkrankung Afghanistan angegeben. Für 4 Erkrankungen wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt. Die Erkrankungen betrafen 5 Frauen und 11 Männer im Alter von 13 bis 86 Jahren.

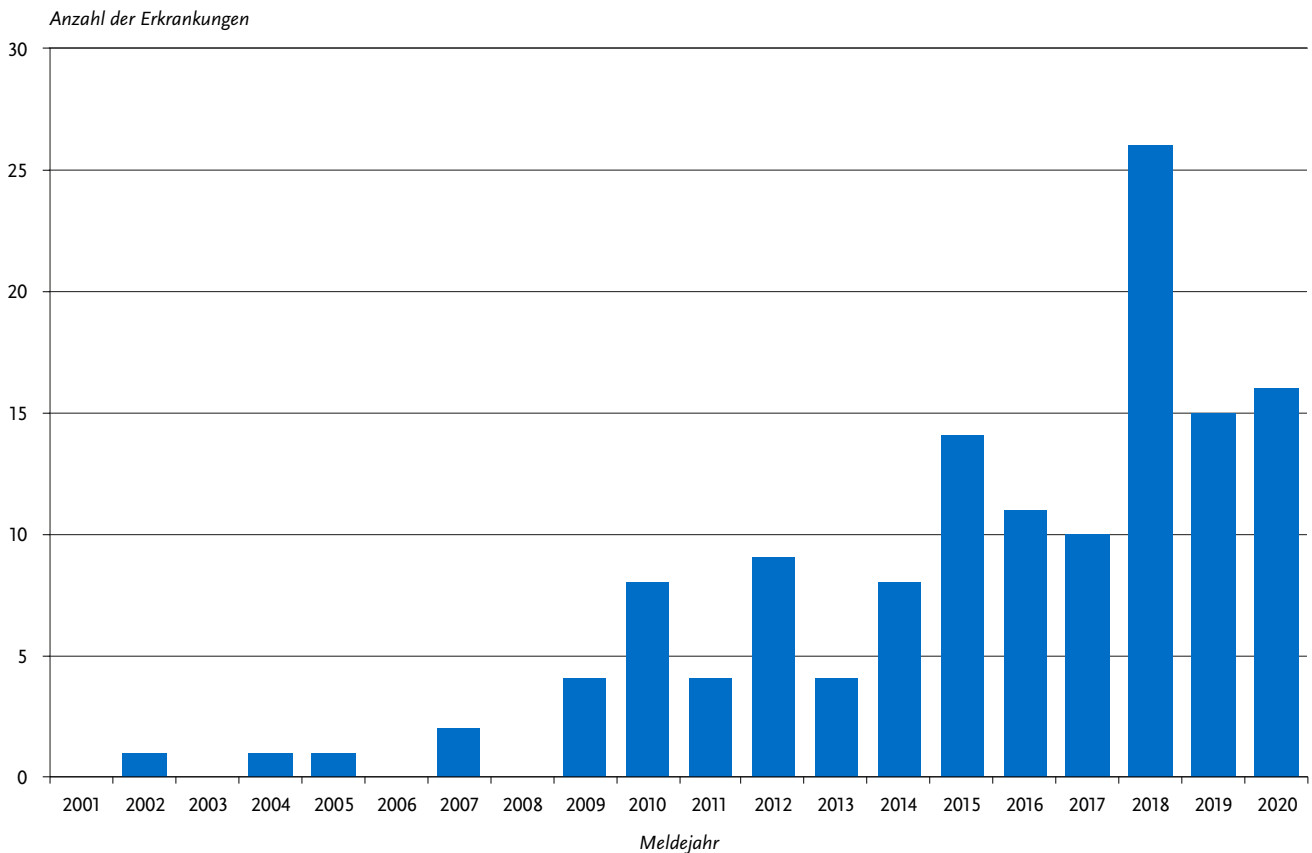
Angaben zum Impfstatus lagen bei 9 der 16 Erkrankungen vor. Demnach waren 4 Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung ungeimpft, zu diesen zählte auch die an respiratorischer Diphtherie erkrankte Person. Bei einem der 5 geimpften Erkrankten erfolgte die Impfung nach Erkrankung, bei einer weiteren Person war kein Impfdatum angegeben; bei den restlichen 3 Personen lag die letzte Impfung zwar nicht mehr als 10 Jahre zurück, jedoch war nur bei einer von ihnen auch die Anzahl der insgesamt erhaltenen Impfstoffdosen angegeben, anhand derer die Vollständigkeit des Impfstatus beurteilt werden kann. Bei dieser einen Person war nur eine Impfung dokumentiert, so dass zum Zeitpunkt der Erkrankung kein ausreichender Impfschutz vorlag.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

Fazit

Mit 16 Fällen liegt die Fallzahl 2020 etwa wieder auf Höhe des Vorjahres (15 Fälle). Bei 15 Fällen handelte es sich um Fälle von Hautdiphtherie, die zu 73 % durch toxische *C. ulcerans* bedingt waren. Die Datenlage zum Impfstatus der Erkrankten (inkl. Anzahl und Zeitpunkt von Impfungen) ist im Vergleich zur deut-

Abb. 6.14.1:
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



lich verbesserten Datenlage des Vorjahres im Jahr 2020 wieder deutlich abgefallen. Ein Rückgang der Datenvollständigkeit könnte in der pandemiebedingten starken Belastung bei gleichzeitig knappen Ressourcen in den Gesundheitsämtern begründet liegen. So lagen nur für 56 % der Erkrankten Angaben zum Impfstatus vor, für 4 von 5 Geimpften Angaben zum Zeitpunkt der letzten Impfung, jedoch nur in einem Fall auch Angaben zur Anzahl der Impfungen. Eine Aussage zu möglichem Impfversagen kann so für diese Fälle nicht getroffen werden. Diese Angaben sind jedoch wichtig um zu beurteilen, ob ein mögliches Impfversagen Zeichen einer verminderten Impfeffektivität ist (z. B. aufgrund einer zugrunde liegenden Vorerkrankung und/oder einer verminderten Wirksamkeit des Impfstoffs gegenüber *C. ulcerans*) oder Ausdruck von Zufallsbefunden. Letztere können vor allem bei Haut- oder Wundinfektionen durch die verbesserte und immer weiter verbreitete Nachweismethode MALDI-TOF-MS entstehen (z. T. auch mit Nachweis mehrerer Erreger), 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 toxischen 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-009>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.15 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 70 zystische Echinokokkosen und 46 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 19-mal gemeldet (s. Tab. 6.15.1).

Zystische Echinokokkose

Die 70 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 12 Bundesländern gemeldet: Baden-Württemberg 20 Fälle, Nordrhein-Westfalen 16, Hessen 10, Bayern 8, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz jeweils 3, Brandenburg, Bremen, Sachsen-Anhalt und Thüringen jeweils 2 und Berlin und Hamburg 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 51 Meldungen (73 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektions-

land gemacht, darunter 11 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 12 in Syrien, 6 in Rumänien, 5 im Irak und 3 im Iran, weitere 14 in anderen Ländern (s. Tab. 6.15.1).

Eine Angabe des Geschlechts lag für 69 Personen vor. Demnach erkrankten 31 Personen männlichen und 38 Personen weiblichen Geschlechts an zystischer Echinokokkose. Von den Erkrankten waren 80 % 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 5 Jungen und 8 Mädchen sowie eine Person ohne Geschlechtsangabe im Alter von 0 bis 19 Jahren an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 75 Fällen. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2016 mit einer deutlich höheren Fallzahl von 122 Fällen (s. Abb. 6.15.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 46 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Patienten aus 10 Bundesländern: Baden-Württemberg (16 Fälle), Bayern (11), Nordrhein-Westfalen (8), Hessen (4), Saarland (2) und jeweils ein Fall aus Berlin, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt. 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 41 Fälle (89 %) vor, darunter entfielen 39 (95 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.15.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden die Russische Föderation und Iran je einmal genannt. Zu den 46 Erkrankten zählten 29 männliche und 15 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 25 Jahre waren betroffen, sowie zwei Jungen im Alter von 15 bis 19 Jahren.

Die Meldezahlen im Jahr 2020 sind vergleichbar mit den Meldezahlen der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.15.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 19 Fälle lag keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 7 Fälle aus Bayern, 4 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 3 Fälle aus Schleswig-Holstein, 2 Fälle aus Baden-Württemberg und jeweils 1 Fall aus Hessen, Niedersachsen und Saarland gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 10 Fälle (53 %) vor, darunter entfielen 5 Nennungen auf Deutsch-

Tab. 6.15.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2020

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	11	39	5	55
Syrien	12		1	13
Rumänien	6			6
Irak	5			5
Iran	3	1		4
Afghanistan	2		1	3
Nordmazedonien	2		1	3
Andere	10	1	2	13
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	51	41	10	102
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	19	5	9	33
Summe Fälle	70	46	19	135

Abb. 6.15.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

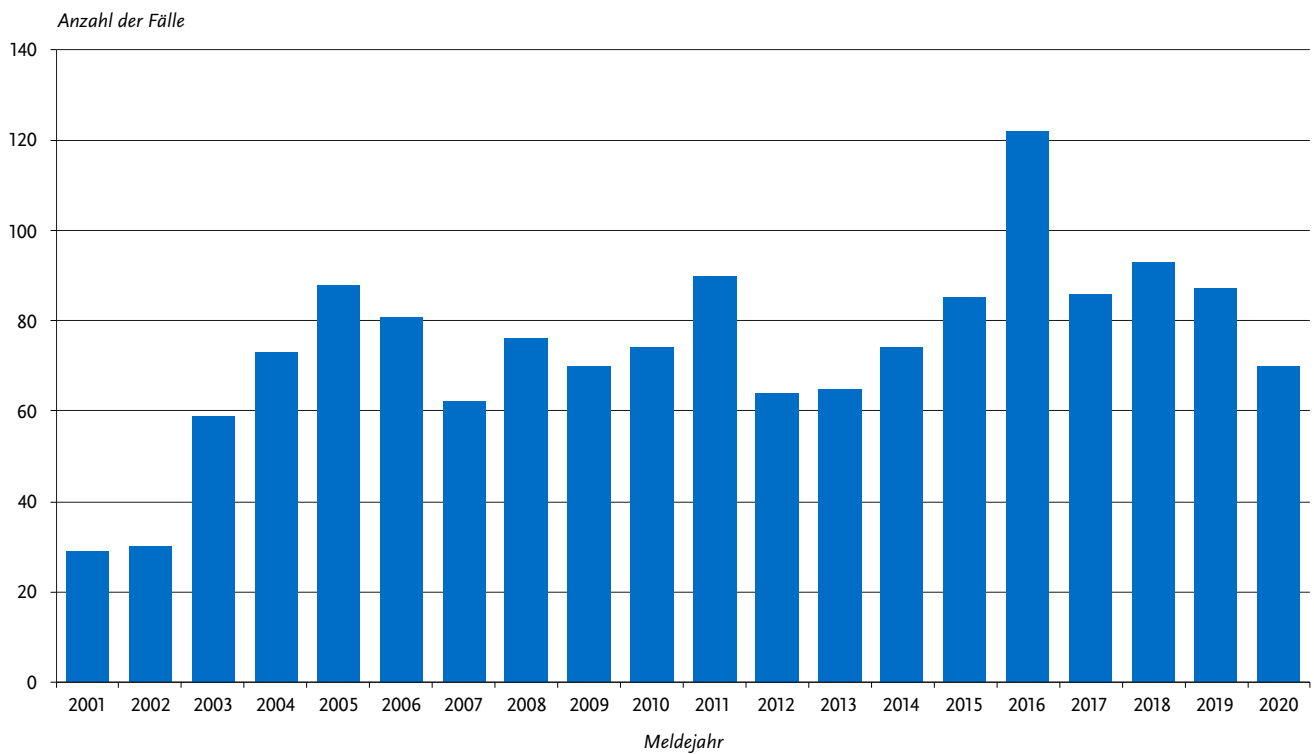
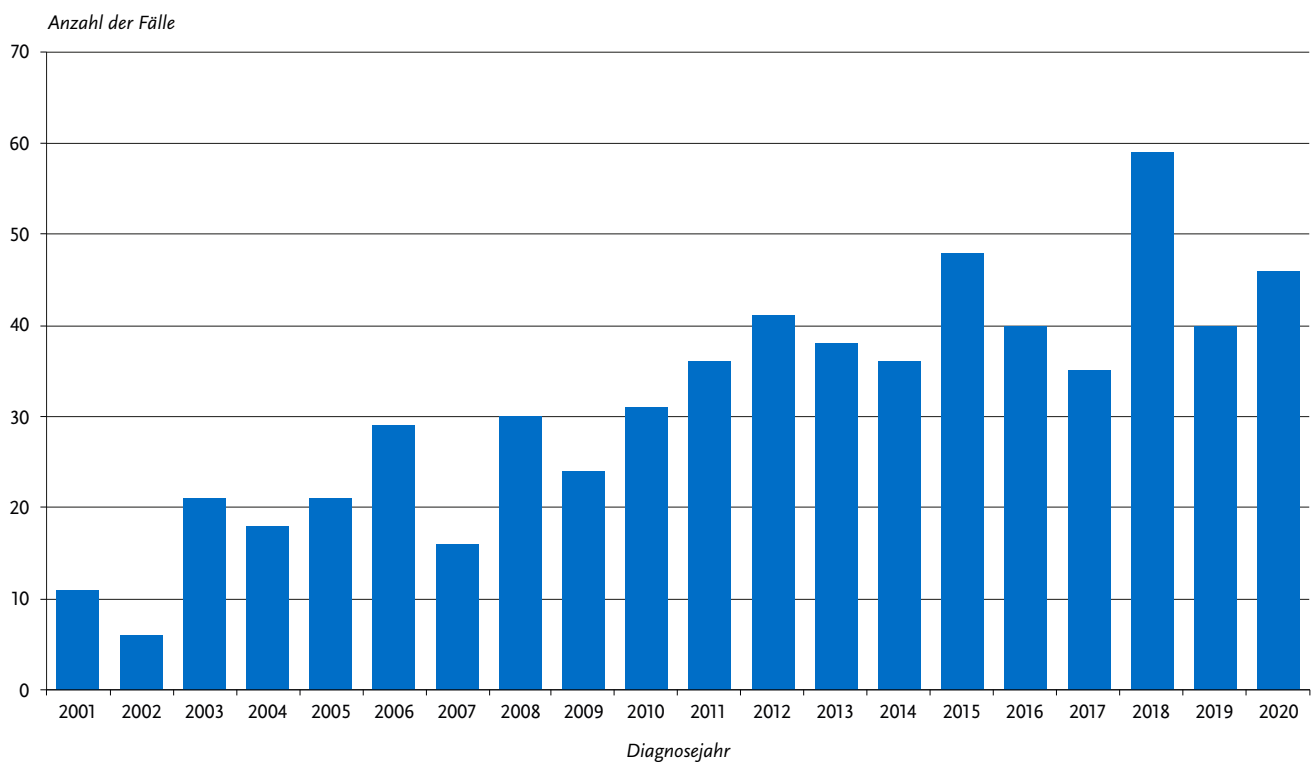


Abb. 6.15.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



land und jeweils eine auf Afghanistan, Bangladesch, Nordmazedonien, Syrien und die Türkei (s. Tab. 6.15.1). Unter den Erkrankten waren 11 Personen männlichen und 7 Personen weiblichen Geschlechts, bei einer Person ist das Geschlecht nicht angegeben. Die Betroffenen waren alle älter als 15 Jahre.

Die Anzahl gemeldeter Echinokokkosen, die als nicht differenziert gemeldet wurden, schwanken seit 2001 zwischen 5 und 29 Fällen (Median 15 Fälle) (s. Abb. 6.15.3).

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 Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

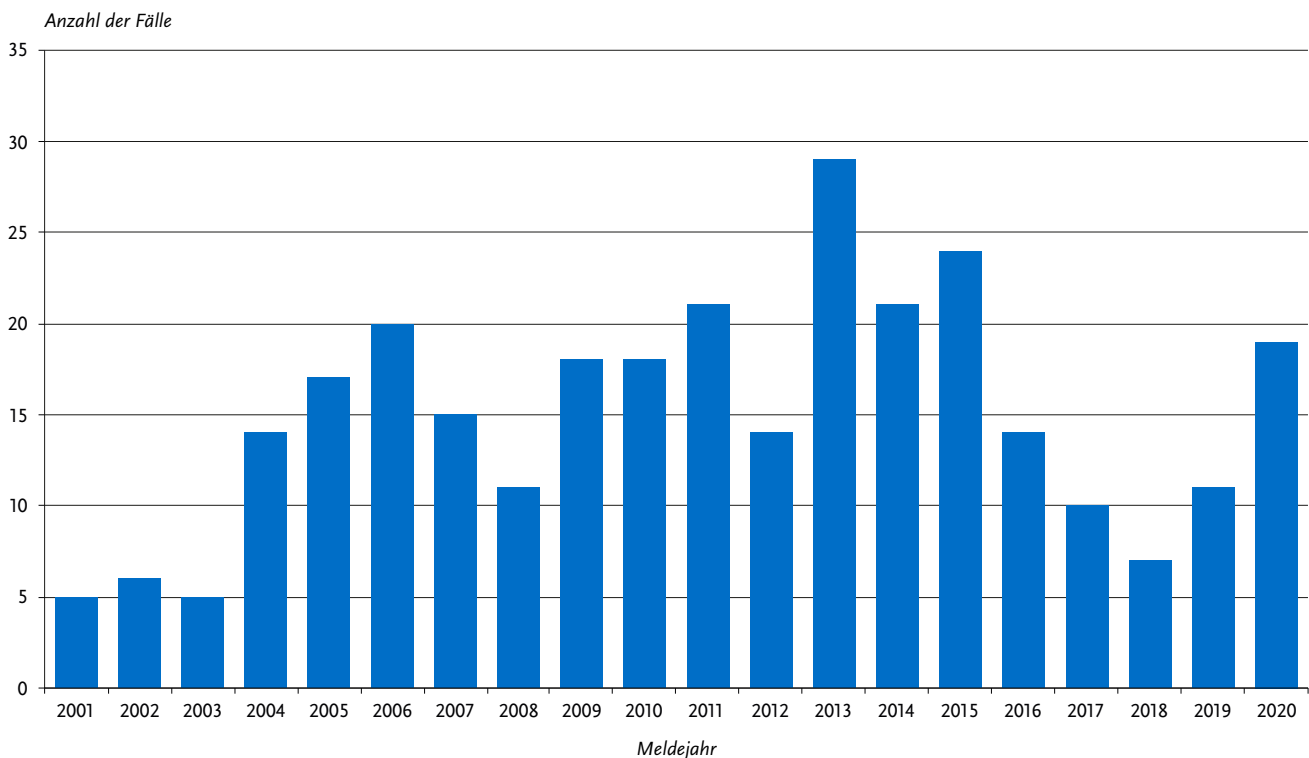
Fazit

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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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

Abb. 6.15.3:
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



6.16 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.370
- ▶ Große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Nicht-Bestimmung, Nicht-Meldung und Nicht-Übermittlung von Serogruppen erschwert die Ausbruchserkennung

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 Shigatoxins aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmischkultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl erfüllt seit 2015 auch der Nachweis von Shigatoxin (z. B. mittels ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur oder Stuhlmischkultur bei gleichzeitigem Nachweis des O157-Antigens (z. B. mittels ELISA) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.16.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.27 behandelt wird.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 1.370 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2019: 1.877; Median 2015 bis 2019: 1.877). Dies ist eine Abnah-

me um 27 % gegenüber dem Vorjahr. Die meisten Erkrankungen (n=466; 34 %) wurden wie in den Vorjahren im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.16.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz betrug 1,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2019: 2,3 Erkr./100.000 Einw.). Wie im Vorjahr war die Inzidenz in Hessen (0,6), im Saarland (0,9) und in Bremen (1,0) am niedrigsten. Die höchsten Inzidenzen wiesen Mecklenburg-Vorpommern (4,8), Sachsen-Anhalt (3,0) und Niedersachsen (2,5) auf. In allen Bundesländern lag die Inzidenz niedriger als im Median der 5 Vorjahre, mit Ausnahme von Bremen (geringe Zunahme) und Mecklenburg-Vorpommern, wo die Inzidenz aufgrund eines größeren lokalen Ausbruchs gestiegen ist (s. Abb. 6.16.2).

Bei 780 Erkrankungen (57 %) wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (787 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 730-mal genannt (93 % der Nennungen). Der Anteil anderer Infektionsländer ging von 24 % der Nennungen im Jahr 2019 auf 7 % zurück. Am häufigsten wurden Ägypten (15-mal), Frankreich und Italien (je 4-mal) genannt.

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (11 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,2) (s. Abb. 6.16.3); 31 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (22 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf.

Bei Kindern unter 5 Jahren hatten Jungen eine etwas höhere Inzidenz als Mädchen (11,3 im Vergleich zu 10,1), bei älteren Personen lag die Inzidenz dagegen bei weiblichen Personen mit 1,4 Erkr./100.000 Einw. höher als bei männlichen Personen (1,0).

Nachgewiesene Erreger

Für 203 EHEC-Erkrankungen (15 %; 2019: 335 [18 %]) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab. 6.16.2). Die häufigste Angabe war mit 21 % »Ont« (O-Antigen nicht typisierbar); deren Anteil ist damit im Gegensatz zu den Vorjahren nicht weiter gestiegen (2019: 23 %). Die am häufigsten genannten anderen Serogruppen waren wie im Vorjahr O26, O157, O103 und O91. Bei der Serogruppe O91 (6 %) hat sich der stark rückläufige Trend (2019: 11 %; 2018: 14 %) fortgesetzt. Die Serogruppe O157 wurde ebenfalls deutlich seltener angegeben als im Vorjahr (2019: 49 Fälle);

Tab. 6.16.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	30	1 %	10	1 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	1.847	70 %	1.360	71 %
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	350	13 %	223	12 %
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	415	16 %	331	17 %
alle	2.642	100 %	1.924	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.877	71 %	1.370	71 %

Tab. 6.16.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten
EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2020 (n=203)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Ont (nicht typisierbar)	42	21 %
O26	38	19 %
O157	21	10 %
O103	20	10 %
O91	12	6 %
O146	10	5 %
O128	10	5 %
O145	6	3 %
O8	5	2 %
O2	4	2 %
Andere	35	17 %
Summe	203	100 %

ihr Anteil verringerte sich von 15 % auf 10 %. Die Verdopplung des Anteils von Fällen mit Serogruppe O26 (2019: 32 Fälle, 10 %) wurde durch einen einzelnen lokalen Ausbruch verursacht (s. unten). Die Serogruppe O111 (2019: 10 Fälle; 2018: 5 Fälle) wurde nur zweimal übermittelt.

Klinische Aspekte

Für alle 1.370 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 2.383 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall

genannt (87 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (59 %), Fieber (14 %) und Erbrechen (13 %). Im Jahr 2020 wurden 2 (2019: 1) Todesfälle aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Es handelte sich um 2 Frauen im Alter von 72 und 88 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 16 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 70 Erkrankungen übermittelt (2019: 46 Ausbrüche mit 112 Erkrankungen). Die meisten Ausbrüche (n=14) betrafen 2 bis 4 Personen und ereigneten sich überwiegend in privaten Haushalten. Ein Ausbruch umfasste 6 Kinder; als Infektionsumfeld wurde die Kategorie Wohnheim und als hauptsächlicher Übertragungsweg Mensch-zu-Mensch angegeben. Der größte übermittelte Ausbruch (39 Fälle, davon 31 nach Referenzdefinition) betraf 4 Kindertagesstätten (KiTas) in Mecklenburg-Vorpommern, die vom selben Caterer beliefert wurden. Betroffen waren neben den KiTa-Kindern auch Familienangehörige, Erzieherinnen und Erzieher sowie Mitarbeitende des Caterers. Für 16 Erkrankte wurde die Serogruppe O26 übermittelt. Die Infektionsquelle konnte nicht ermittelt werden.

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.

Abb. 6.16.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020

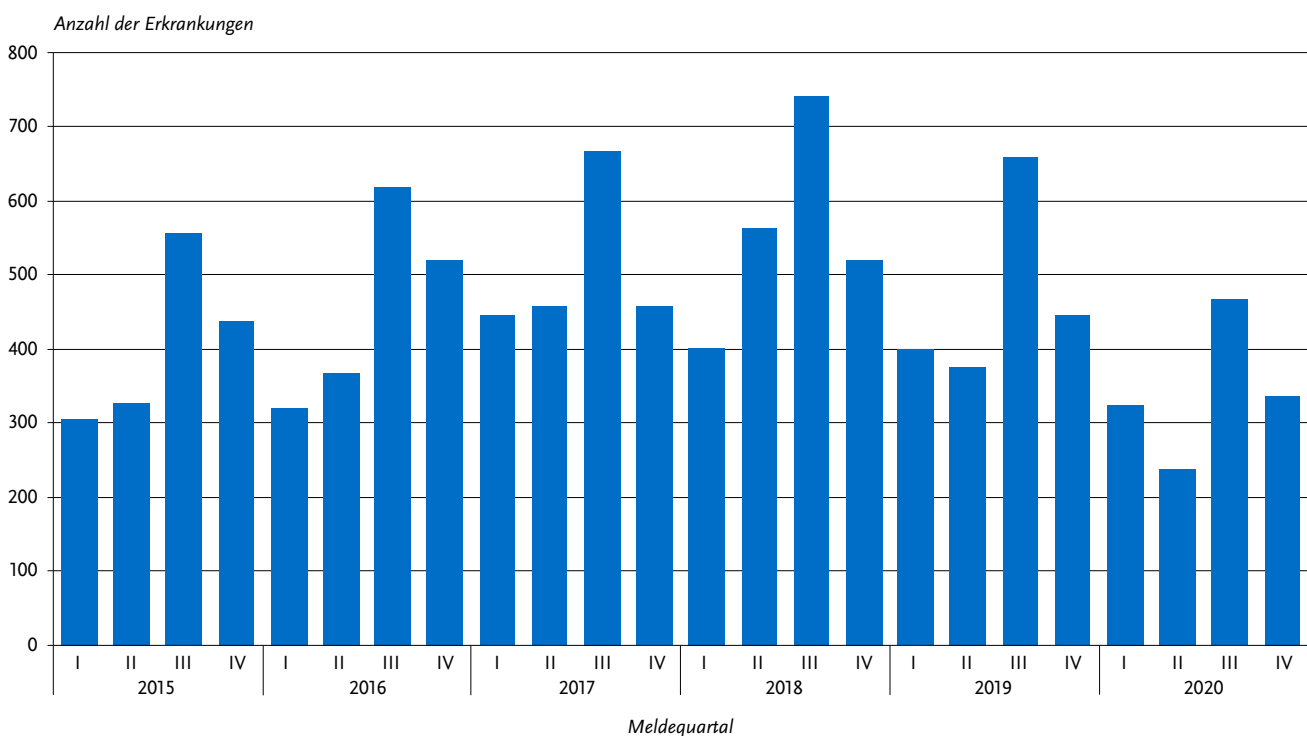


Abb. 6.16.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.370)

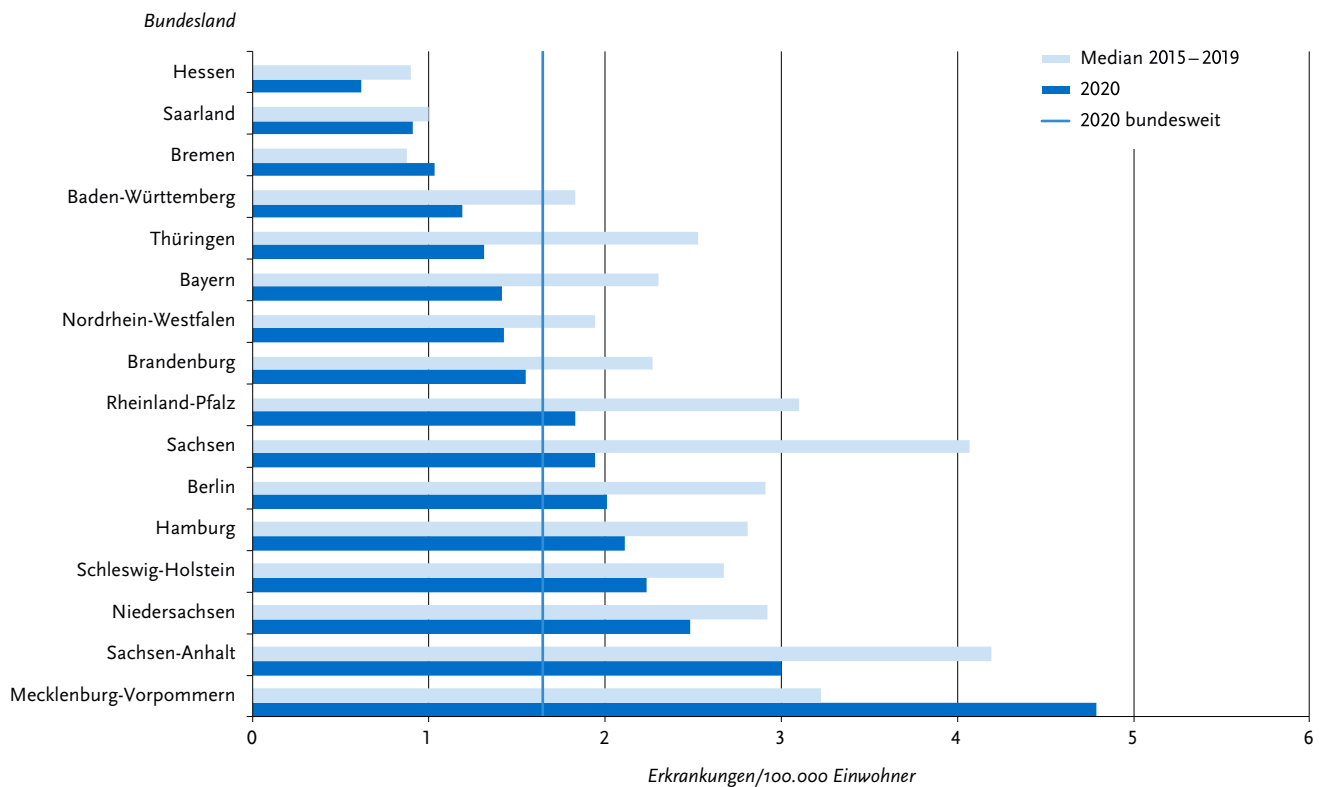
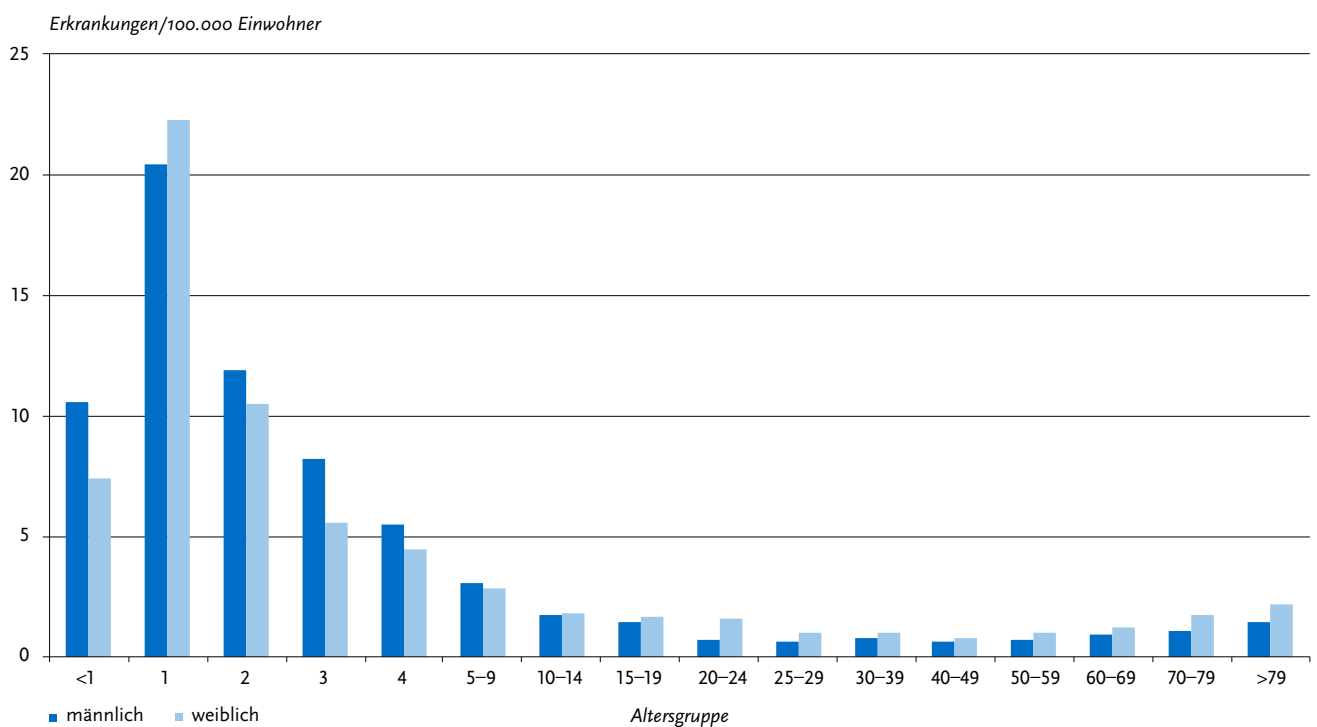


Abb. 6.16.3:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=1.365)



Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 15 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft. Bei 331 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Nach einem stetigen Anstieg der Fallzahlen von 2012 bis 2018 war es 2019 zu einem Rückgang um 16 % im Vergleich zum Jahr 2018 gekommen. Im Jahr 2020 wurden 27 % weniger Fälle als im Vorjahr übermittelt, wobei sich der Anteil der im Ausland erworbenen Erkrankungen deutlich verringert hat. Der relativ starke Rückgang steht sehr wahrscheinlich mit der COVID-19-Pandemie im Zusammenhang.

Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe übermittelt wurden, lag 2020 mit 15 % 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2017.10.002>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6414>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 3.533 sowie 57 in anderen Übermittlungskategorien
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahr und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, Jungen und Männer stärker betroffen
- ▶ Meldepflicht sowohl für Infektionen als auch Kolonisationen

Kurzbeschreibung

Enterobacterales sind gramnegative Bakterien, die ubiquitär in der Umwelt vorkommen und zur natürlichen 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 Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemasen sind Enzyme, die Carbapeneme spalten können. Sie werden durch Gene kodiert, 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. 6.17.1). Zur Familie der Enterobacterales gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen und *E. coli*, die in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 57 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacterales wurden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n=3.428) und bei Nutzung veralteter Software in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« (WBK) (n=105) übermittelt. Beide werden in der ersten Zeile der

Tab. 6.17.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2020

Übermittlungskategorie	Anzahl
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	3.533
Salmonellose	37
Yersiniose	8
Typhus abdominalis	7
EHEC-Erkrankung	4
Shigellose	1
Gesamt	3.590

Tab. 6.17.1 als eine Übermittlungskategorie zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 3.590 Fälle von Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit übermittelt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden (s. Tab. 6.17.2). 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 2020 wurden 3.533 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 4,2 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (5,6) gesunken.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.17.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Hessen (7,2 Fälle/100.000 Einw.), Berlin (6,4), Sachsen-Anhalt (6,0), Nordrhein-Westfalen (5,2) und Hamburg (4,7) verzeichnet, die geringste Inzidenz in Mecklenburg-Vorpommern (2,4 Fälle/100.000 Einw.).

Tab. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	999	21 %	625	18 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.485	53 %	1.662	47 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.199	26 %	1.246	35 %
alle	4.683	100 %	3.533	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	4.683	100 %	3.533	100 %

Demografische Verteilung

Erwachsene ab 50 Jahren stellten 82 % der übermittelten Fälle und waren somit am stärksten betroffen. Die Inzidenz variierte deutlich zwischen den Altersgruppen. Besonders betroffen waren Kinder unter einem Jahr (8,8 Fälle/100.000 Einw.) und ältere Erwachsene ab 60 Jahren (s. Abb. 6.17.2). Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (12,3 Fälle/100.000 Einw.) bzw. der über 79-Jährigen beobachtet (12,0). Jungen und Männer (5,5 Fälle/100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (3,0), besonders in den hohen Altersgruppen.

Klinische Aspekte

Für 2.186 der 3.533 Fälle (62 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 693 Fälle (32 %) wurden als Infektion und 1.493 Fälle (68 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 3.530 (99,9 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (1.786-mal, 49 % der 3.635 Nennungen), im Urin (765-mal, 21 %) und in Wundabstrichen (422-mal, 12 %) (Mehrfachangaben möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 3.234 Fälle (92 %) vorhanden. Demnach waren 2.931 Fälle (91 %) hospitalisiert. Unter 3.482 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 133 Todesfälle verzeichnet (3,8 %). Von 117 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 15 Fälle (13 %) als »an der gemeldeten Krankheit verstorben« übermittelt, darunter 7 Fälle mit *Klebsiella* spp., 4 Fälle mit *Enterobacter* spp., 2 Fälle mit *Citrobacter* spp. und je ein Fall mit *Escherichia* spp. sowie *Morganella* spp..

Nachgewiesene Erreger

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (1.158 Fälle, 33 % aller Fälle). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (716 Fälle, 20 %) und *Enterobacter* spp., darunter am häufigsten *E. cloacae* (479 Fälle, 14 %) (siehe Tab. 6.17.3).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 3.005 von 3.428 Fällen (88 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, lagen weitergehende Informationen zur verminderten Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 1.574 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 1.509 Fälle (96 %) vermindert empfindlich gegen Ertapenem, 1.059 Fälle (67 %) gegen Imipenem und 1.028 Fälle (65 %) gegen Meropenem. 921 Fälle (59 %) waren vermindert empfindlich gegen alle 3 Carbapeneme. Für die 105 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, lagen diese Angaben nicht vor.

Abb. 6.17.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=3.533)

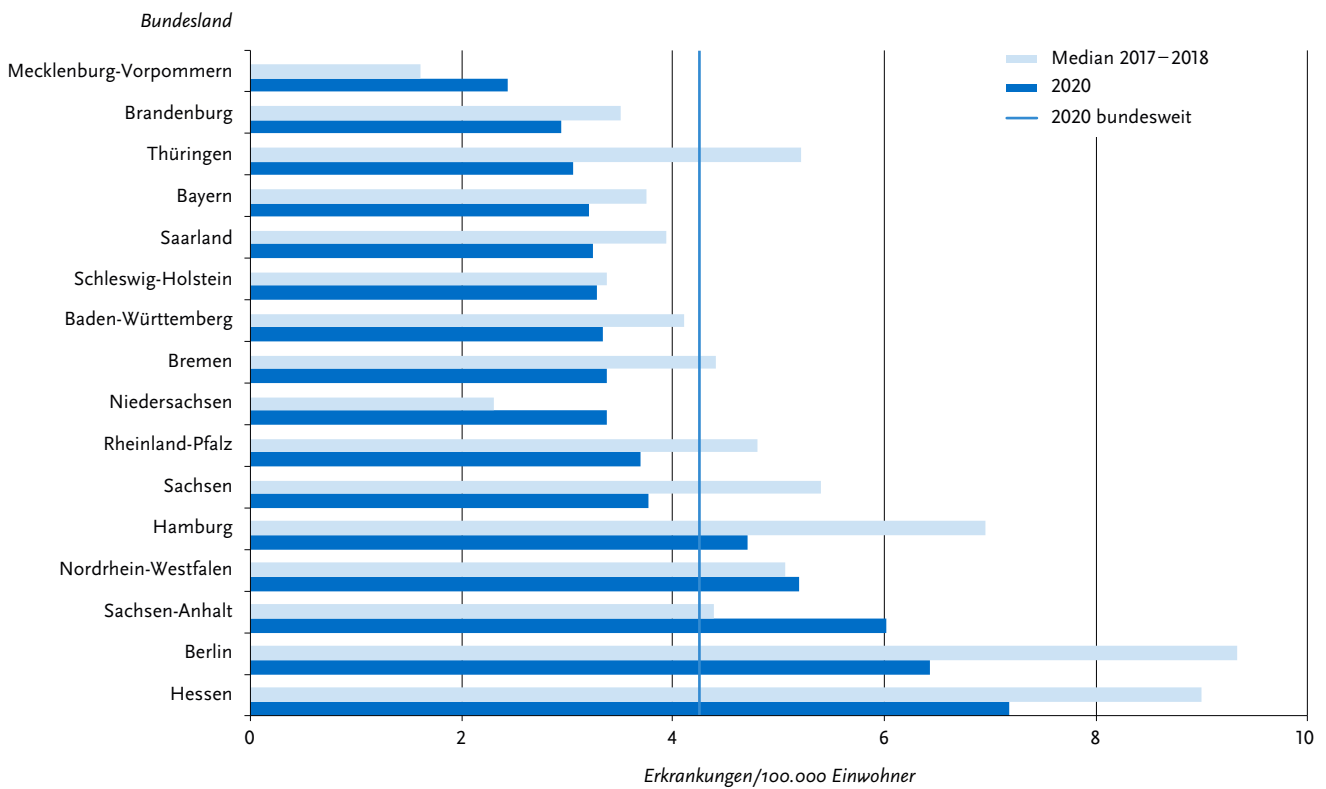
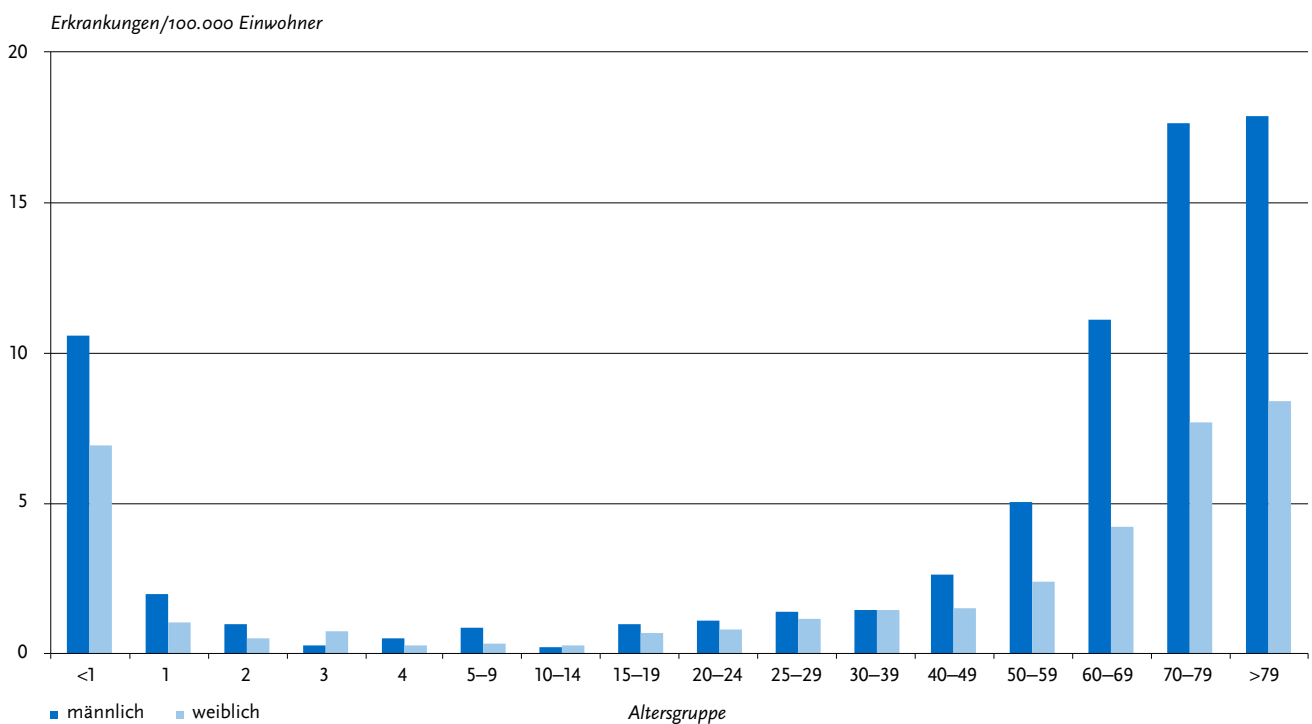


Abb. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=3.524)



Tab. 6.17.3:
Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland 2020 (n=3.533)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.158	33 %
<i>Escherichia coli</i>	716	20 %
<i>Enterobacter cloacae</i>	479	14 %
<i>Klebsiella aerogenes</i>	269	8 %
<i>Citrobacter freundii</i>	263	7 %
<i>Klebsiella oxytoca</i>	112	3 %
<i>Serratia marcescens</i>	89	3 %
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	78	2 %
<i>Citrobacter</i> spp., sonstige	61	2 %
<i>Enterobacter aerogenes</i>	58	2 %
<i>Klebsiella</i> spp., sonstige	58	2 %
<i>Hafnia alvei</i>	47	1 %
Andere	36	1 %
<i>Proteus mirabilis</i>	33	1 %
<i>Morganella morganii</i>	29	1 %
<i>Klebsiella variicola</i>	27	1 %
<i>Escherichia</i> spp., sonstige	20	1 %
Gesamt	3.533	100 %

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 1.988 von 3.428 Fällen (58 %) lagen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 1.658 Fällen (83 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 1.270 Fällen (77 % der getesteten Fälle) nachgewiesen, am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (inklusive OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 620 Fälle, 49 %).

Bei *Klebsiella* spp. (702 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 487 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (242 Fälle, 50 %), KPC-2 (17 Fälle, 4 %), VIM-1 (15 Fälle, 3 %) und NDM-1 (7 Fälle, 1 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (419 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 366 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (231 Fälle, 63 %), darunter OXA-244 (23 Fälle, 6 %), und NDM-5 (15 Fälle, 4 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (248 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 175 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (39 Fälle, 22 %) und VIM-1 (23 Fälle, 13 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 8 Ausbrüche mit insgesamt 19 Fällen übermittelt. Bei allen 8 Ausbrüchen wurden weniger als 5 Fälle übermittelt. Insgesamt wurden 6 der 8 Ausbrüche durch *Klebsiella* spp. verursacht, ein Ausbruch durch *Enterobacter cloacae* und ein Ausbruch durch *Serratia marcescens*.

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 62 %. 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 58 % 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. 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

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. Aufgrund der COVID-19-Pandemie nahmen die Patientenzahlen in den Krankenhäusern ab, u. a. weil empfohlen wurde, elektive Eingriffe zu verschieben und zudem bei einigen Krankenhäusern ein Aufnahmestopp bestand. Dies kann ein Grund sein, weshalb im Jahr 2020 im Vergleich zu den Vorjahren eine geringere Anzahl an Fällen übermittelt wurde.

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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.50.1900734>
- 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 (2021): Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2021. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240027336>
- WHO (2017): Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics. https://www.who.int/medicines/publications/WHO-PPL-Short_Summary_25Feb-ET_NM_WHO.pdf
- WHO (2017): Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, *Acinetobacter baumannii* and *Pseudomonas aeruginosa* in health care facilities. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/259462?locale-attribute=de&>
- Lübbert C, Lippmann N, Busch T, et al.: Long-term carriage of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase-2-producing *K. pneumoniae* after a large single-center outbreak in Germany. Am J Infect Contr 2014; 42:376–380.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen. Bundesgesundheitsbl 2012; 55:1311–1354.
- Reuss A, Klingenberg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und *C. difficile*-Infektionen. Epid Bull 2021; 7:8–11. <https://doi.org/10.25646/8026>
- Pfennigwerth N: Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauskeime, 2019. Epid Bull 2020; 26:3–10. <https://doi.org/10.25646/6920>
- 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. <https://doi.org/10.25646/5916>
- RKI: EUCAST-Neudefinition der Kategorie »I« – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht. Epid Bull 2019; 9:84. <https://doi.org/10.25646/5917>

6.18 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

2020 wurden dem RKI keine Fälle von Fleckfieber übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen.

In den Jahren 2019, 2017, 2016 und 2003 wurde jeweils eine serologisch-diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung übermittelt, zuvor 2 Erkrankungen im Jahr 2001.

Alle bisher bekannten Infektionen wurden nicht in Deutschland erworben.

Literaturhinweis

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

6.19 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 706
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr Anstieg der Erkrankungen um 59 %
- ▶ 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
- ▶ 50 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 85 % hospitalisiert
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten mit bekanntem Impfstatus (97 %) nicht oder unzureichend geimpft

Kurzbeschreibung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) und verwandte Virusenzephalitiden werden durch das TBE (tick-borne encephalitis)-Virus verursacht, das durch Zecken auf den Menschen übertragen wird. Weltweit gibt es drei relevante Virus-Subtypen: den europäischen, fernöstlichen und sibirischen Subtyp. TBE ist der englische Überbegriff für alle Subtypen; der deutsche Begriff »FSME« bezeichnet die Erkrankung mit dem europäischen Subtyp. In Deutschland erfolgt die Übertragung durch die Zeckenspezies *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 circa einer Wo-

che 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. 6.19.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 erfüllten 706 der 748 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 263 Erkrankungen (59 %) angestiegen (s. Tab. 6.19.1) und erreichte einen neuen Höchstwert nach dem bislang fallstärksten Jahr 2018 mit 583 Erkrankungen. Entsprechend der Zeckenaktivität wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 628 der 706 Erkrankungen (89 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.19.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der übermittelten FSME-Erkrankungen lag in fast allen Bundesländern mit Risikogebieten über dem Median der Vorjahre 2015 bis 2019. Mit 3,0 bzw. 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz in Baden-Württemberg und Bayern – wie in den Vorjahren – am höchsten. Insbesondere in Baden-Württemberg stieg die Inzidenz deutlich (s. Abb. 6.19.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 134 der 164 im Jahr 2020 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Thüringen, Hessen, Sachsen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland und Niedersachsen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte Karte der Risikogebiete für FSME verwiesen. Für diese Karte werden neben den Meldezahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie 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 631 von 648 Erkrankungen (97 %), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war, wurde ausschließlich Deutschland genannt, bei 8 Erkrankungen Österreich, bei jeweils 2 Erkrankungen Frankreich und die Schweiz und bei jeweils einer Erkrankung Litauen, Polen, Schweden und Tschechien. Bei 2 Erkrankungen wurde neben Deutschland als weiteres wahrscheinliches Infektionsland Österreich und Tschechien genannt. Bei einer Erkrankung wurden Litauen und Polen genannt. Für 58 Erkrankungen (8 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

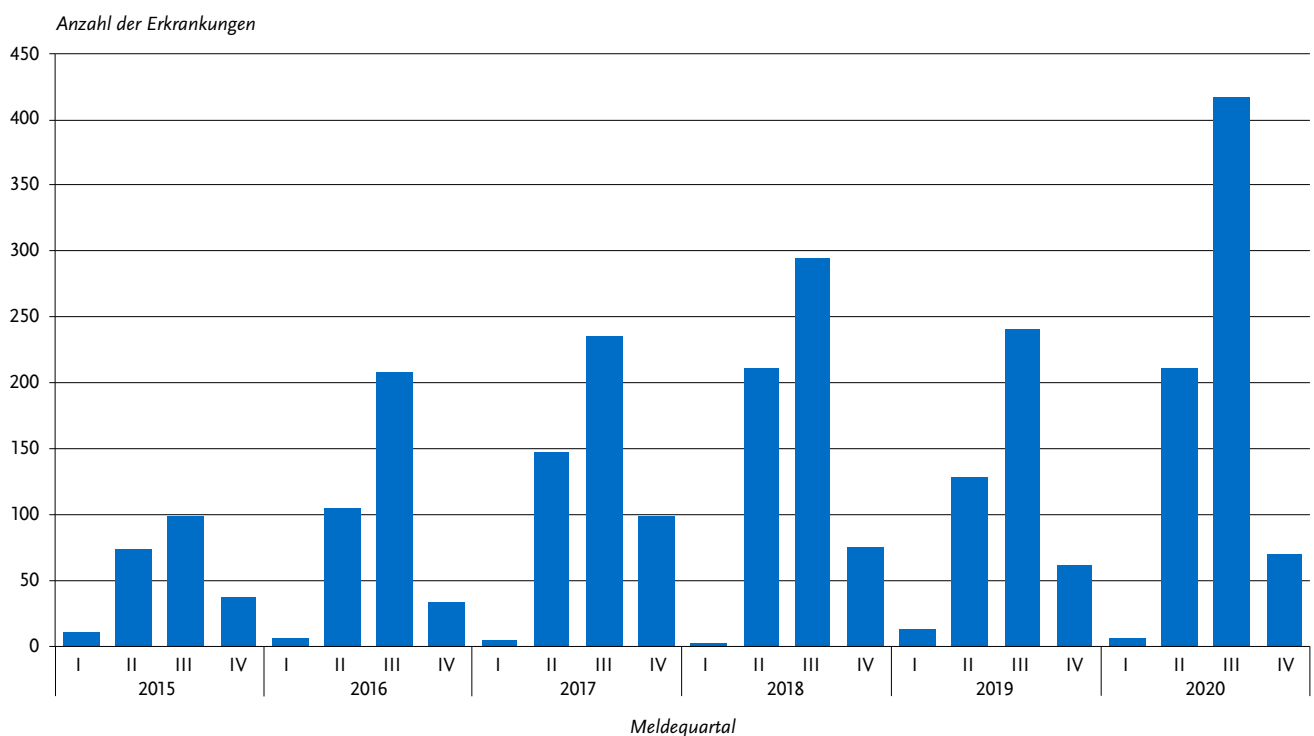
Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner fast doppelt so hoch wie bei Mädchen und Frauen (0,6 Erkr./100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden mit 1,6 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 70 bis 79 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.19.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre am höchsten (1,2 Erkr./100.000 Einw.).

Tab. 6.19.1:
Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	443	95 %	706	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	1 %	16	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	16	3 %	26	3 %
alle	465	100 %	748	100 %
Referenzdefinition (C)	443	95 %	706	94 %

Abb. 6.19.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020 (n=2.792)



Klinische Aspekte

Bei allen 706 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 32 der 69 (46 %; Vorjahr: 56 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 25 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 6 mit zusätzlicher Enzephalitis und ein Kind mit zusätzlicher Enzephalitis und Myelitis. Bei 7 Kindern wurde eine isolierte Enzephalitis berichtet.

Von den 637 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 319 (50 %; Vorjahr: 52 %) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 214 Erkrankte (34 %) eine isolierte Meningitis. Bei 4 Erkrankten trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 97 Erkrankten (15 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 38 zusätzlich eine Meningitis und 4 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 4 Personen wurde eine isolierte Myelitis berichtet.

Somit wurde bei insgesamt 119 Erkrankten (17 %) die besonders schweren Formen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

Von den 706 übermittelten Erkrankungen wurde bei 603 (85 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS (351) wurde häufiger (332; 95 %) eine Hospitalisierung angegeben als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeine Krankheitssymptome angegeben wurden (271/355; 76 %). Es wurde ein durch FSME verursachter Todesfall übermittelt, bei einer Person älter als 80 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 (circa 5 bis 12 Monate) besteht für einen hohen Anteil der Impfungen bereits ab 3 Wochen nach der 2. Impfdosis. Nach der Grundimmunisierung ist für beide Impfstoffe

Abb. 6.19.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=706) im Vergleich mit den Vorjahren

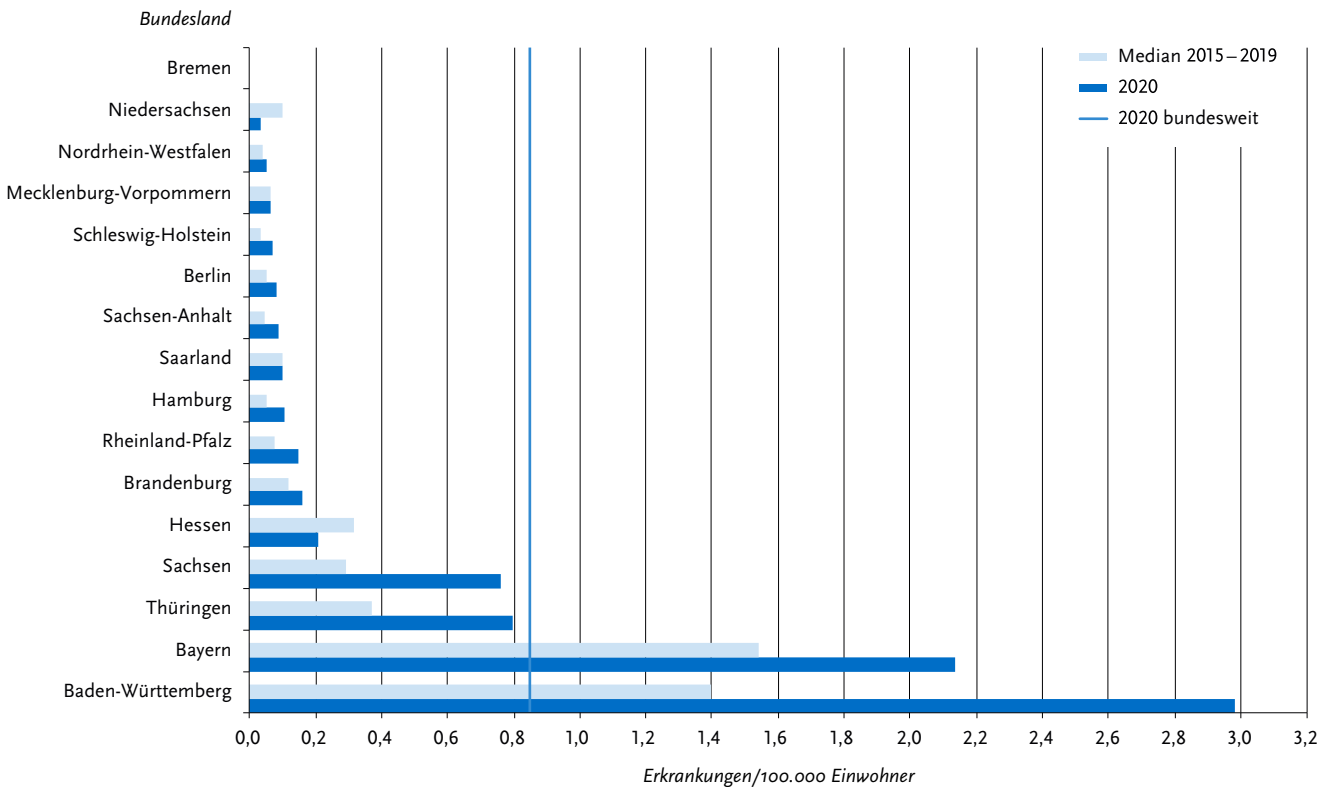


Abb. 6.19.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=705)

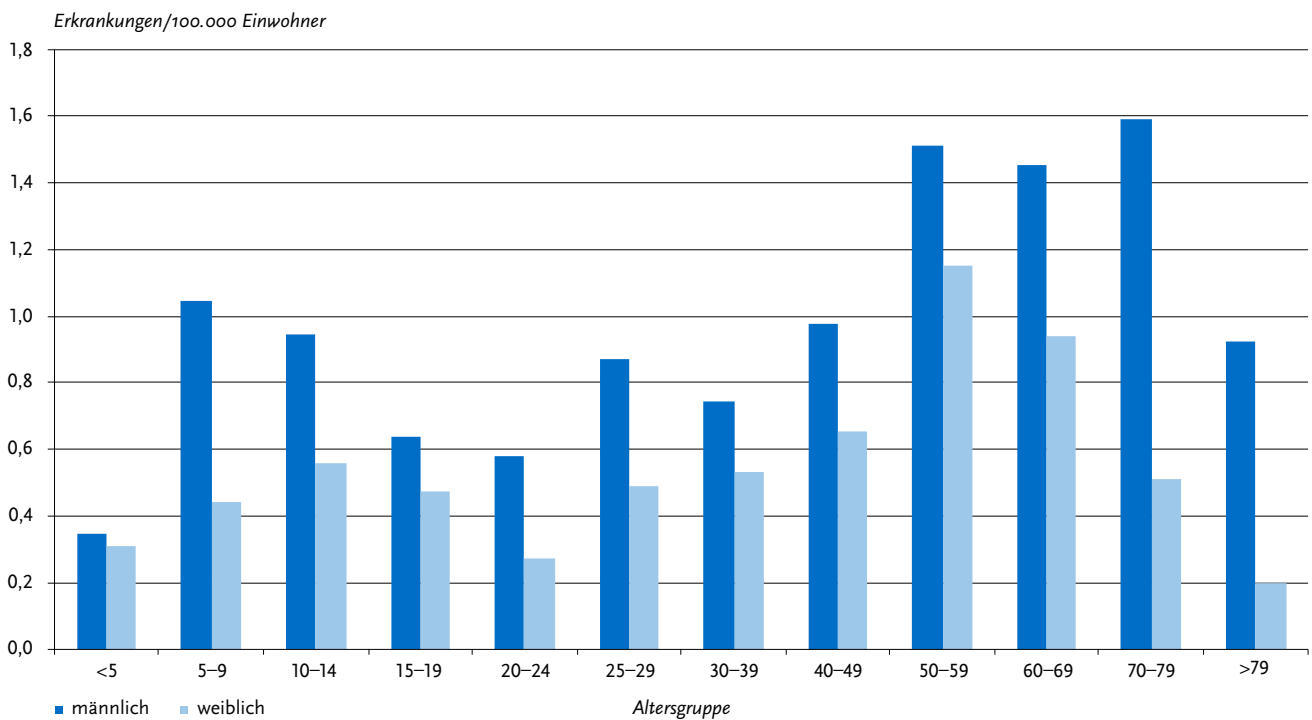
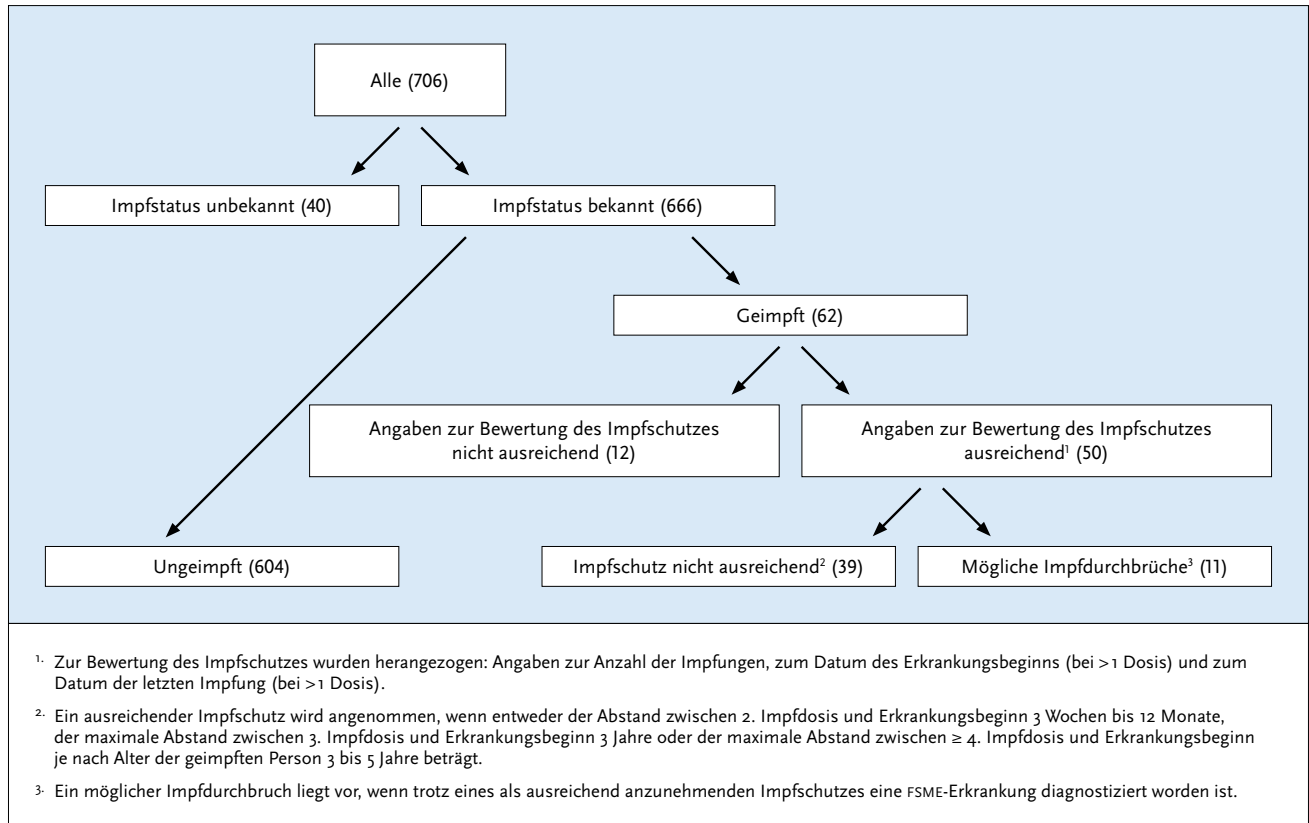


Abb. 6.19.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=706)



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 Falldiagnose 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 vorausgegangenem 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 NSI-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 706 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 666 (94%) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 62 (9%) als geimpft und 604 (91%) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn

erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 62 geimpften Erkrankten lagen bei 50 (81%) plausible Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns (nur erforderlich, wenn > 1 Dosis) und zum Datum der letzten Impfung (nur erforderlich, wenn > 1 Dosis) vollständig vor, sodass der Impfschutz bei insgesamt 654 (93%) Erkrankten bewertet werden konnte (604 Ungeimpfte und 50 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 50 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus, wurden 39 (78%) als unzureichend geimpft eingestuft (21 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 5 Erkrankte mit 2 Impfdosen, 11 Erkrankte mit 3 Impfdosen und jeweils eine Erkrankung mit 4 bzw. 5 Impfdosen). Die Impfungen waren unvollständig bzw. erfolgten mit einem zu kurzen bzw. zu langen Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis (s. Abb. 6.19.4).

Bei den übrigen 11 (22%) Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus ist von einem ausreichenden Impfschutz auszugehen. Diese Fälle wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft (4 Erkrankte mit 2 Impfdosen deren letzte ≤ 12 Monate vor der Erkrankung verabreicht wurde, 3 mit 3 Impfdosen deren letzte ≤ 3 Jahre vor Erkrankung verabreicht wurde und 4 mit 4 oder mehr Impfdosen deren letzte vor ≤ 3 Jahren bzw. bei einer Person (< 50 Jahre) ≤ 5 Jahre vor der Erkrankung verabreicht wurde. Von den 11 mit Impfdurchbrüchen eingestuften Erkrankten wiesen 7 ZNS-Symptome auf, darunter 4 Erkrankte eine isolierte Meningitis, einer eine isolierte Enzephalitis sowie 2 eine Meningoenzephalitis.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 19 % 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 70 (10 %) der 706 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

Im Jahr 2020 wurde die bislang größte Anzahl von FSME-Erkrankungen seit Beginn der Erfassung gemäß IfSG im Jahr 2001 übermittelt, 59 % mehr als im Vorjahr. 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 für Zeckenstiche und wird ebenfalls von der Wetterlage sowie durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können das Bewusstsein für die Krankheit sowie das Meldeverhalten die Erkrankungszahlen beeinflussen. Im Jahr 2020 waren die FSME-Diagnostik und das Meldeverhalten vermutlich ähnlich wie in den Vorjahren, da sich, gemessen an dem Anteil der Erkrankungen mit ZNS-Symptomatik und Hospitalisierung, die Erkrankungsschwere kaum unterscheidet. Die hohen Erkrankungszahlen im Jahr 2020 könnten damit zusammenhängen, dass mehr Menschen als in den Vorjahren während der COVID-19-Pandemie ihre Freizeit im Freien verbracht haben und somit ein höheres Risiko für Zeckenstiche hatten. Weiterhin könnten höhere Zeckenzahlen und eine höhere Virus-Durchseuchungsrate der Zecken als in Vorjahren mit dem Anstieg in Verbindung stehen.

Hervorzuheben bleibt, dass die Mehrzahl (97 %) aller an FSME Erkrankten mit bekanntem Impfstatus ungeimpft oder unvollständig geimpft war und eine Erkrankung mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

Literaturhinweise

- GirI P, Bestehorn-Willmann M, Zange S, Borde JP, Dobler G, von Buttlar H: Tick-borne encephalitis virus nonstructural-protein 1 IgG enzyme-linked immunosorbent assay for differentiating infection versus vaccination antibody responses. *J Clin Microbiol* 2020. <https://doi.org/10.1128/JCM.01783-19>
- Hellenbrand W, Kreusch T, Böhmer MM, et al.: *Epidemiology of Tick-Borne Encephalitis (TBE) in Germany, 2001–2018*. *Pathogens* 2019. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.1016/j.ejim.2019.01.004>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen*. *Epid Bull* 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2021)*. *Epid Bull* 2021; 9:3–20. <https://doi.org/10.25646/8079>
- RKI: *Fünffahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2020*. *Epid Bull* 2021; 9 (Anlage):1–14.

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 (2021). www.rki.de/ratgeber

6.20 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.665
- ▶ Seit 2011 tendenziell abnehmender Trend der Fallzahlen; 2020: 50 % weniger Fälle als im Vorjahr
- ▶ 33 % der Infektionen im Ausland erworben (Vorjahr: 51 %)
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kindern zwischen 1 und 9 Jahren sowie bei 25- bis 59-Jährigen; überwiegend männliche Personen betroffen
- ▶ 13 Ausbrüche mit 33 Erkrankungen, davon ein Ausbruch 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. 6.20.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 1.665 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 1.633 (49,5 %) weniger als im Vorjahr. Die Gesamtinzidenz sank auf 2,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 4,0).

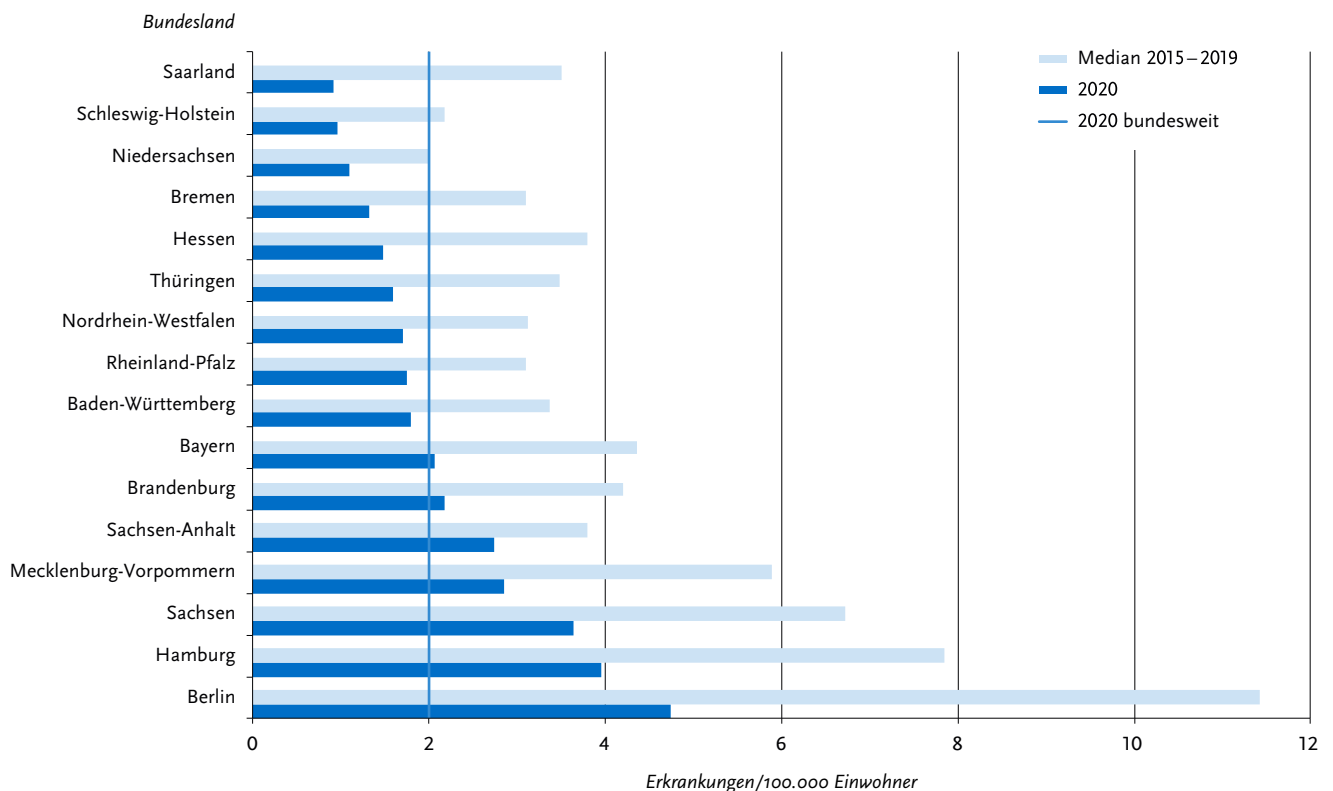
Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 0,9 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 4,7 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.20.1). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 2,0 lagen außer Berlin auch Hamburg (4,0), Sachsen (3,6), Mecklenburg-Vorpommern (2,9), Sachsen-Anhalt (2,7), Brandenburg (2,2) und Bayern (2,1). Bei 996 Erkrankungen (60 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 1.033 Nennungen betrafen 67 % Deutschland. Der Anteil an im Ausland erworbenen Infektionen ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 51 % auf 33 % gesunken. Das zweithäufigste wahrscheinliche Infektionsland war Indien (79 Nennungen, 8 %) (s. Tab. 6.20.2). Der Anteil importierter Infektionen und die Liste der wahrscheinlichen

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	7	0 %	4	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.291	79 %	1.661	70 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	234	6 %	157	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	625	15 %	556	23 %
alle	4.157	100 %	2.378	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.298	79 %	1.665	70 %

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n= 1.665) im Vergleich mit den Vorjahren



Infektionsländer wurde vermutlich maßgeblich durch geltende Reisebeschränkungen während der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweigipflig (s. Abb. 6.20.2) mit einem Inzidenzgipfel bei Kindern zwischen 1 und 9 Jahren (2,2 Erkr./100.000 Einw.) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 59 Jahren (2,5). Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (2,4 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (1,6); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von einem und 2 Jahren sowie bei Erwachsenen im Alter von 25 bis 49 Jahren.

Ausbrüche

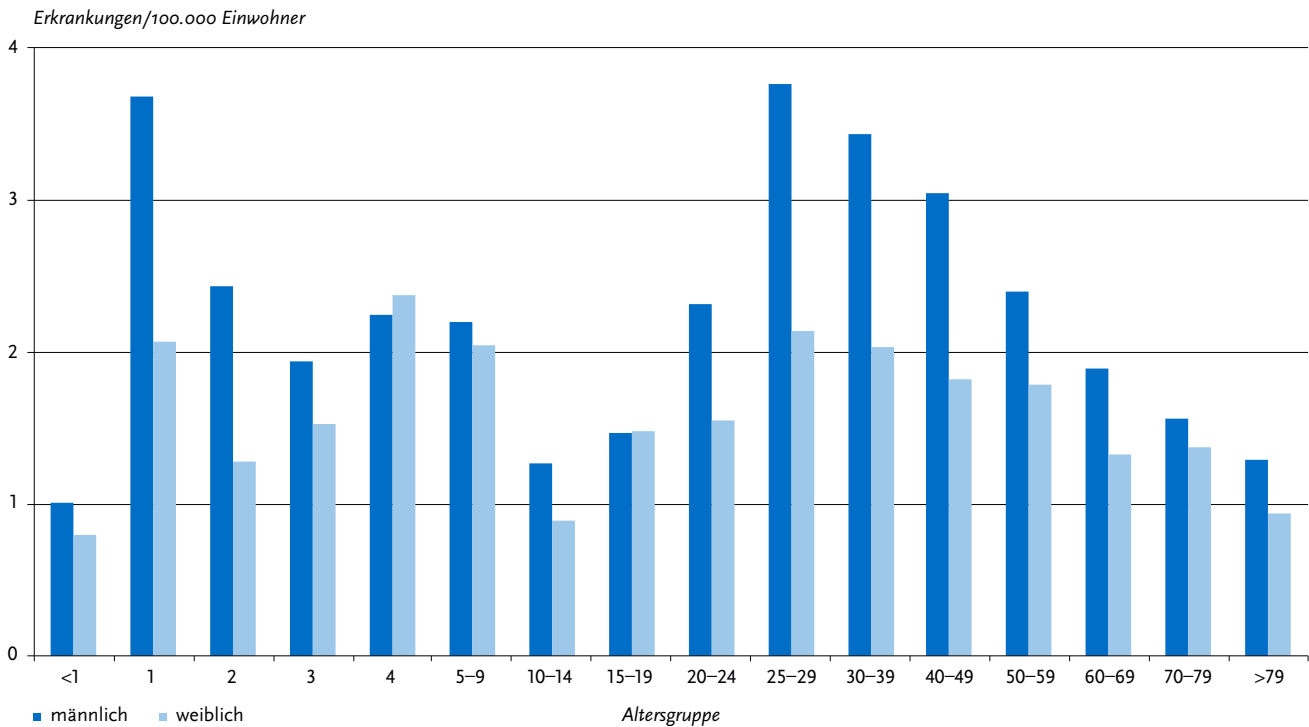
Im Jahr 2020 wurden 13 Ausbrüche übermittelt, deutlich weniger als im Vorjahr (2019: 49). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 33 (2019: 120). Es wurde ein Ausbruch mit 5 Erkrankten übermittelt, alle anderen Ausbrüche waren kleiner.

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. 6.20.2:

Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n= 1.659)



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 2020 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 61% ausschließlich Antigentest; 20% ausschließlich Mikroskopie; 12% ausschließlich PCR sowie 6% Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Fazit

Im Jahr 2020 hat sich die Anzahl der übermittelten Giardiasis-Fälle im Vergleich zum Zeitraum vor der COVID-19-Pandemie deutlich verringert. Im Zusammenhang mit der Pandemie implementierte Maßnahmen, wie Abstands- und Hygieneregeln, Kontaktbeschränkungen, aber auch Schließungen von Schulen, KiTas und Schwimmbädern könnten die Mensch-zu-Mensch-Übertragung beeinflusst und somit zur Reduktion der Fallzahlen beigetragen haben. 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. Die Reisebeschränkungen und daraus resultierende verringerte Reiseaktivität während der Pandemie führten vermutlich ebenso zum Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2020.

Tab. 6.20.2:

Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 996 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	693	67 %
Indien	79	8 %
Ägypten	16	2 %
Italien	15	1 %
Kolumbien	13	1 %
Tansania	13	1 %
Türkei	9	1 %
Spanien	9	1 %
Brasilien	8	1 %
Frankreich	7	1 %
Thailand	7	1 %
Österreich	7	1 %
Andere	157	15 %
Summe	1.033	100 %

Literaturhinweise

- Woschke A, Faber M, Stark K, et al.: *Suitability of current typing procedures to identify epidemiologically linked human Giardia duodenalis isolates.* PLoS Negl Trop Dis 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009277>
- ECDC (2019): *Giardiasis (lamblia) – Annual Epidemiological Report for 2017.* www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/giardiasis-lamblia-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.
- Espele W, An der Heiden M, Stark K, Alpers K: *Characteristics and risk factors for symptomatic Giardia lamblia infections in Germany.* BMC Public Health 2010. <https://doi.org/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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.21 Haemophilus influenzae, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 522
- ▶ Deutlicher Rückgang der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr, davor seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen über 69 Jahren und Kindern unter 2 Jahren
- ▶ Häufige Symptome sind Fieber (60 %), Lungenentzündung (52 %) und Sepsis (29 %)
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung gegen den Kapseltyp b steht zur Verfügung
- ▶ Impfdurchbrüche gegen den impfpräventablen Kapseltyp b sind 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-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren laboridiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig

vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitionskategorien D und E). Für das Jahr 2020 wurden 522 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefinitionskategorie C (75 %) übermittelt, wobei dieser Anteil im Vergleich zum Vorjahr zurückging (2019: 85 %) (s. Tab. 6.21.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurde mit 522 übermittelten invasiven *Haemophilus influenzae*-Fällen im Vergleich zum Vorjahr ein deutlicher Rückgang der Fallzahlen beobachtet. Diese Beobachtung konnte während der COVID-19-Pandemie bei vielen meldepflichtigen Krankheiten gemacht werden. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um 45 % gesunken, der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen setzte sich damit nicht weiter fort (s. Abb. 6.21.1). Der Rückgang der Fallzahlen ist auf die im Vergleich zu den Vorjahren geringen Fallzahlen in den Quartalen II bis IV zurückzuführen. Die Fallzahl im I. Quartal 2020 war mit den Fallzahlen aus dem entsprechenden Zeitraum der vorangegangenen Jahre vergleichbar. Eine Saisonalität war damit im Jahr 2020 nicht zu beobachten.

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,3 und 1,0 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 0,6 (Median der Vorjahre: 1,0). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Außer in Hamburg lag die Inzidenz in allen Bundesländern niedriger als oder gleich mit dem Median der Vorjahre. Dieser Rückgang ist in Bremen und im Saarland am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.21.2). Für 250 Fälle (48 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 100 % 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. 6.21.3). Etwa 7 % (n=34) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, etwa drei Viertel (74 %; n=386) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu: sie stieg von 0,8 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 1,7 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 3,1 bei den über 79-Jährigen. Trotz des deutlichen Rückgangs im Vergleich zum Vorjahr erhöhte sich 2020 damit die Gesamtinzidenz bei den ab 70-Jährigen von 0,3 Fällen/100.000 Einw. im Jahr 2007 auf 2,3 Fällen/100.000 Einw.; dies entspricht einer Erhöhung um das 8-Fache. Dagegen stieg die Inzidenz bei unter 5-Jährigen im Verhältnis nur moderat um den Faktor 2 (2007: 0,5; 2020: 0,9).

Obwohl das Geschlechterverhältnis insgesamt ausgewogen war (Inzidenz Jungen und Männer sowie Inzidenz Mädchen und Frauen jeweils 0,6 Fälle/100.000 Einw.), wiesen Jungen bzw. Männer in den meisten jeweiligen Altersgruppen eine höhere Inzidenz auf als Mädchen und Frauen; die Ausnahme bildeten die Altersgruppen der 2-Jährigen, 10- bis 14-Jährigen und 25- bis 29-Jährigen, in denen die Inzidenzen der Mädchen und Frauen etwas höher waren als die der Jungen und Männer (s. Abb. 6.21.3).

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung blieb zum Vorjahr konstant. Für das Jahr 2020 lag bei 66 % (n=342) der

Tab. 6.21.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	810	85 %	389	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	59	6 %	45	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	86	9 %	88	17 %
alle	955	100 %	522	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	955	100 %	522	100 %

Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor (2019: n= 654; 68%). Darunter war mit 27 Fällen (8%) ein etwa gleicher Anteil wie im Vorjahr (2019: n=42; 6,4%), bei denen das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert wurde. Bei 315 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 228-mal (72%; 2019: 74%) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 46 Fällen (15%; 2019: 13%) handelte es sich um den Typ f, 20-mal wurde der Typ non-b (6,3%; 2019: 2,9%), 12-mal (3,8%; 2019: 4,1%) wurde der impfpräventable Typ b angegeben, in 6 Fällen (1,9%; 2019: 2,9%) der Typ e und 3-mal (1,0%; 2019: 2,3%) der Typ a.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 387 (74%) Infektionen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren (Mehrfachnennungen möglich) Fieber in 233 Fällen (60%), Lungenentzündung in 203 Fällen (52%) und ein septisches Krankheitsbild in 113 Fällen (29%). Als mögliche meningitische Zeichen traten 79-mal Nackensteifigkeit, Erbrechen, veränderte Bewusstseinslage, aufgetriebene Fontanelle oder andere Hirndruckzeichen auf.

Es wurden 20 Todesfälle (3,8%) durch invasive *Haemophilus influenzae*-Infektionen übermittelt. Ein Todesfall betraf einen ca. 11 Monate alten Säugling, bei dem in der Blutkultur NTHi

Abb. 6.21.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus influenzae*-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020 (n=6.899)

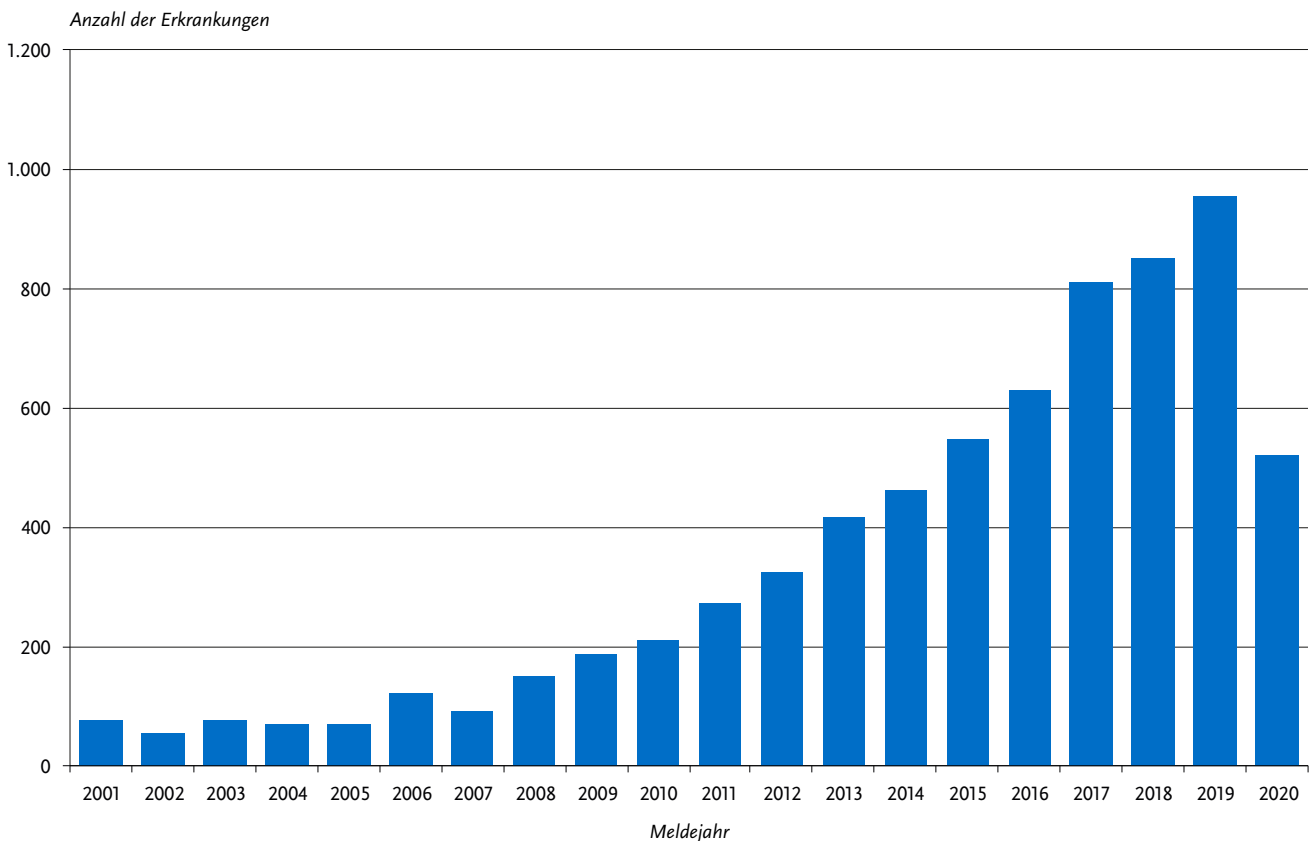


Abb. 6.21.2:

Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=522) im Vergleich mit den Vorjahren

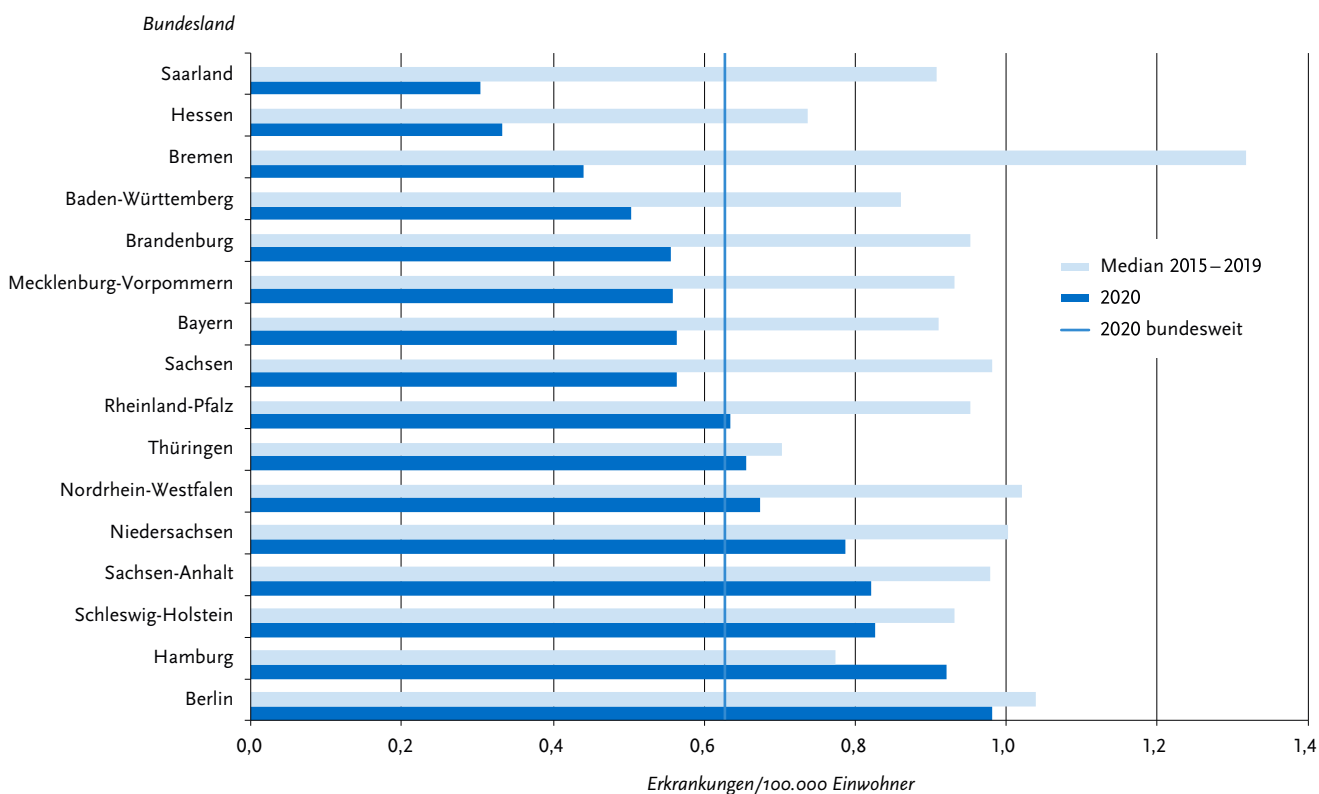
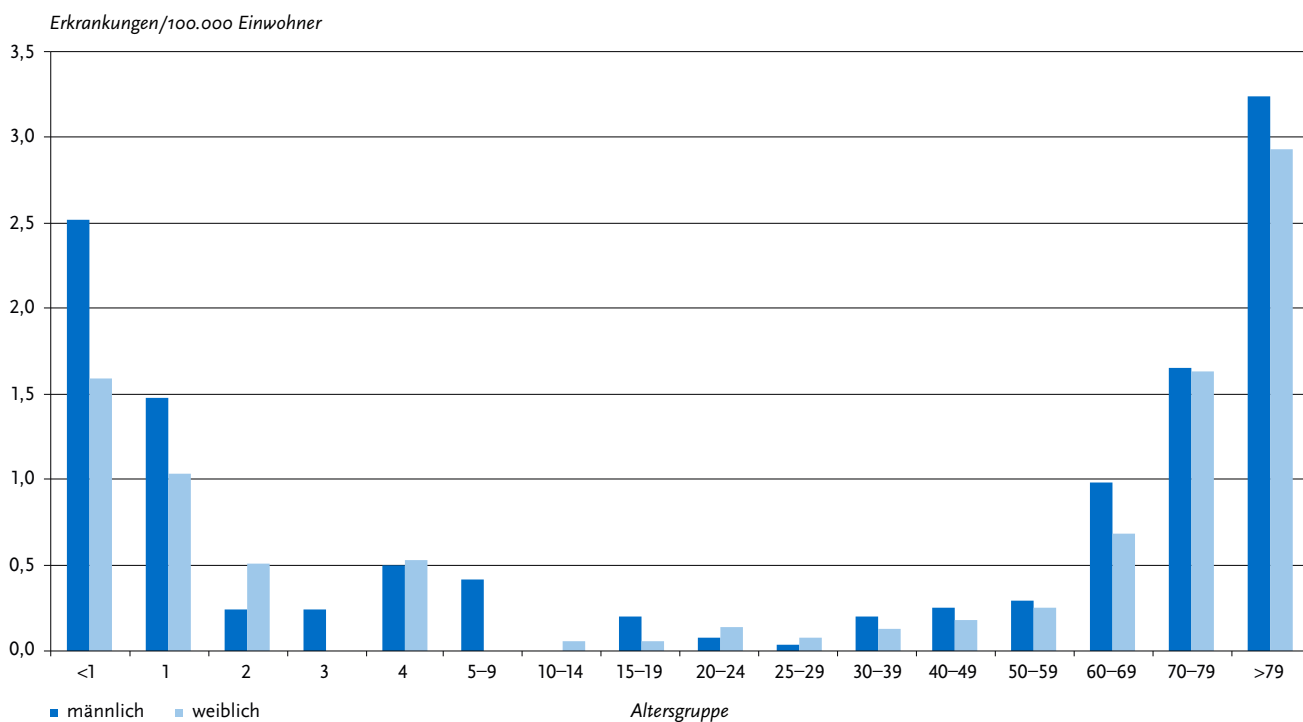


Abb. 6.21.3:

Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=517)



nachgewiesen wurde; weitere Angaben zum klinischen Bild fehlen. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 48 bis 99 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) gehörten bis Mitte 2020 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. Seit Mitte 2020 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) für Säuglinge ein reduziertes Impfschema mit 2 + 1 Dosen (2, 4 und 11 Monate), Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) sollen weiterhin nach dem 3 + 1-Schema (2, 3, 4 und 11 Monate) geimpft werden. 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 Patienten zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die erkrankten Personen im Alter von 0 bis 30 Jahren beschränkt.

Für 7 der 58 Personen in dieser Altersgruppe wurde der impfpräventable Typ b als Erreger angegeben. Vier dieser Fälle waren geimpft, 2 Fälle waren ungeimpft, und bei einem Fall lagen keine Angaben zum Impfstatus vor. Von den 4 geimpften Fällen im Alter bis 4 Jahren lagen bei einem Fall keine näheren Angaben zur Impfung vor. Bei einem Säugling ohne nähere Angaben zum klinischen Bild lag mit insgesamt einer Impfung kein ausreichender Impfschutz vor. Zwei Kinder im Alter von 1 und 4 Jahren hatten mit insgesamt jeweils 4 Impfungen vor Erkrankung eine vollständige Grundimmunisierung erhalten und sind daher als Impfdurchbruch zu werten. Für das einjährige Kind ohne für die Krankheit bedeutsame Symptome erfolgte keine Hospitalisierung. Das 4-jährige Kind war gleichzeitig an COVID-19 erkrankt und zeigte ein septisches Krankheitsbild und Epiglottitis. Keines der 4 geimpften Kinder ist verstorben.

Datenqualität

Die Angaben zum Impfstatus bei Kindern, Jugendlichen und jungen Erwachsenen sind weiterhin nicht vollständig. 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 Jahren bis 2019 kontinuierlich angestiegen ist. Der Großteil der invasiven Erkrankungen wird durch unkapselte *Haemophilus influenzae* (NTHi) verursacht, gefolgt von *Haemophilus influenzae* Typ f. Da bisher weiterhin noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht wurde, lässt sich derzeit nicht sicher feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. Da Personen der von der Impfempfehlung betroffenen Altersgruppen 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 (2020): *Haemophilus influenzae – Annual Epidemiological Report for 2018*. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER_for_2018_haemophilus_influenzae.pdf
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. *Epid Bull* 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- 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. <https://doi.org/10.25646/70274>
- Takla A, Schönfeld V, Claus H, et al.: *Invasive Haemophilus influenzae Infections in Germany After the Introduction of Routine Childhood Immunization, 2001–2016*. *Open Forum Infect Dis* 2020. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofaa444>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.22 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2019: 229 (Vorjahr: 1.535)
- ▶ 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 Röteldmaus 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 verschiedenen 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. 6.22.1).

Tab. 6.22.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.534	92 %	228	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	25	1 %	8	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	112	7 %	37	14 %
alle	1.672	100 %	274	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.535	92 %	229	84 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 229 Erkrankungen (0,3 pro 100.000 Einwohner) übermittelt, d.h. etwa 6-mal weniger als im Vorjahr. Die Mehrzahl der Fälle (67%) traten im III. und IV. Quartal auf. Der fehlende deutliche Rückgang der Fallzahlen im IV. Quartal 2020 deutet auf ein bevorstehendes Ausbruchsjahr 2021 hin (s. Abb. 6.22.1).

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

Geografische Verteilung

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

tiere bestimmt. Im Jahr 2020 wurde unter allen Bundesländern die höchste Inzidenz in Baden-Württemberg beobachtet (0,9 Erkr./100.000 Einwohner), danach folgten Mecklenburg-Vorpommern (0,6) und Niedersachsen (0,4). In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert von 0,3 Erkr./100.000 Einwohner.

Bei 182 Erkrankungen (79%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 182 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 181 (99%) auf Deutschland. Für einen Fall wurde als wahrscheinliches Infektionsland Griechenland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen am höchsten (0,5 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung selten (0,9 % der Erkrankungen, Inzi-

Abb. 6.22.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020

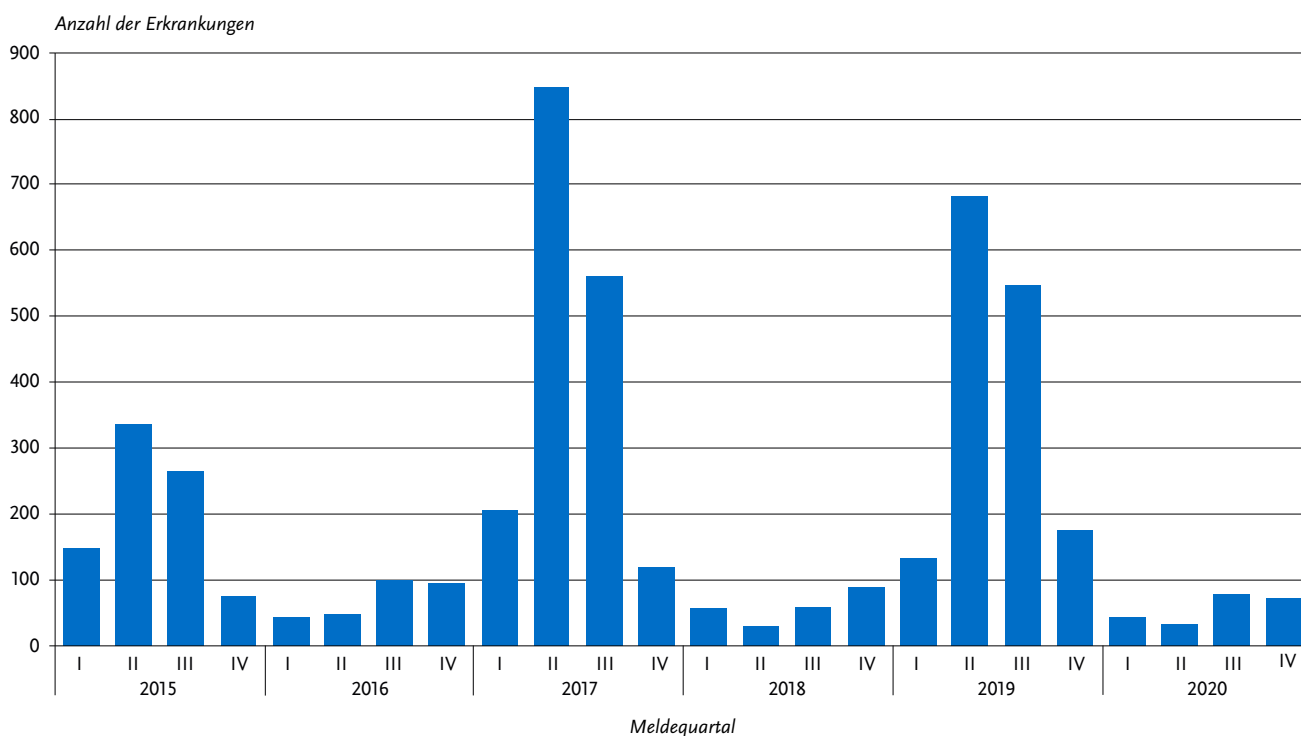
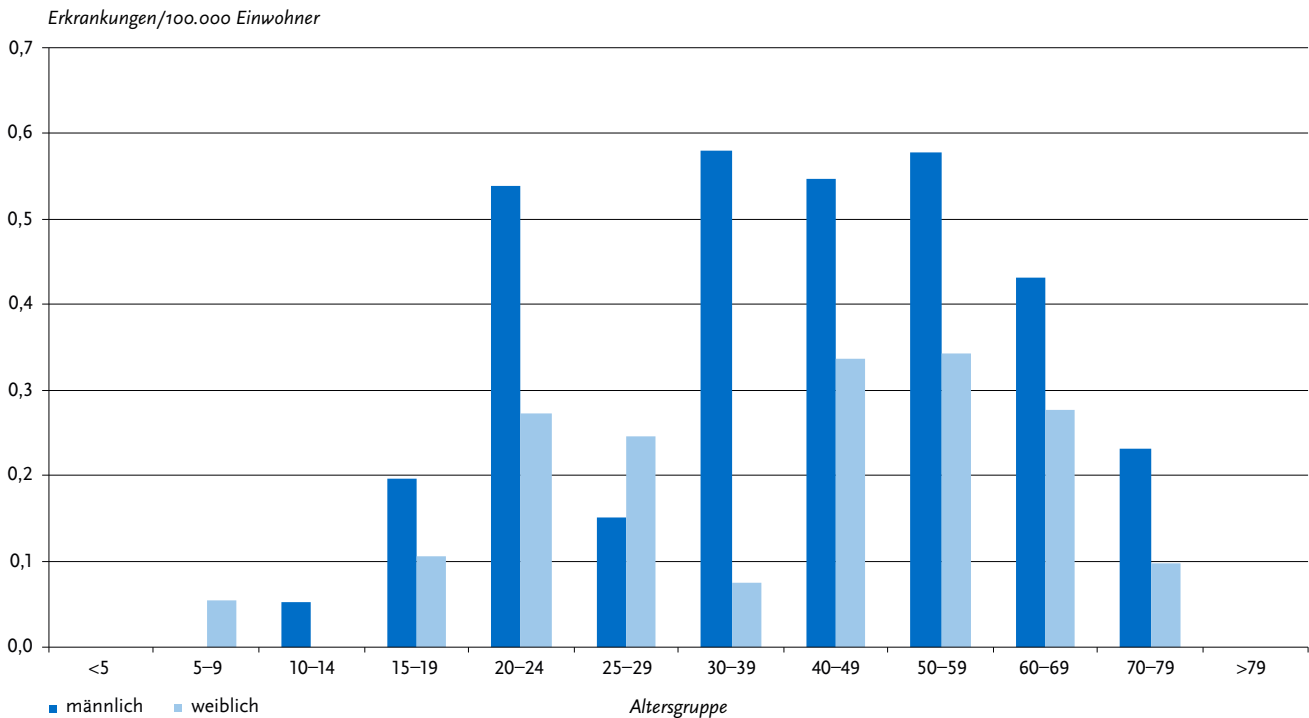


Abb. 6.22.2:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=229)



denz: 0,02). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (66%); die höchste Inzidenz (0,6) wurde für die 30- bis 59-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.22.2).

Nachgewiesene Erreger

Für 138 Erkrankungen wurden Angaben zur Virus-Spezies gemacht, bei 132 Erkrankungen (96 %) wurde das Puumala-Virus und bei 5 Erkrankungen (3,6 %) das Dobrava-Virus angegeben. Für 86 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virus-Spezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Dobrava-Virus-Infektionen wurden aus den Bundesländern Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen übermittelt. Puumala-Virus-Infektionen wurden dagegen überwiegend (94 %) aus Baden-Württemberg, Bayern, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 159 Erkrankten (70 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde kein 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.

Fazit

Nach einer schwachen Buchenmast im Jahr 2019 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch

das Puumalavirus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2020 sehr niedrig. Das seltenere Dobrava-Virus trat vor allem in Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern auf.

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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.32.1800675>
- Roda Gracia J, 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. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2101.140861>
- Faber M: *Hantaviruserkrankungen in Deutschland: Hohe Fallzahlen im Frühsommer 2019*. Epid Bull 2019; 25:221. <http://doi.org/10.25646/6188>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.23 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 557
- ▶ Abnahme der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz im Alter über 79 Jahren, unabhängig vom Geschlecht
- ▶ 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. 6.23.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 557 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 316 (36 %) weniger als im Vorjahr (s. Abb. 6.23.1).

Im Vergleich zu den Vorjahren wurden etwas höhere Erkrankungszahlen im Februar und November beobachtet. Ein Ausbruchsgeschehen in Mecklenburg-Vorpommern trug zu den erhöhten Zahlen im November bei (s. Abb. 6.23.2).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A ist im Vergleich zum Vorjahr von 1,0 Erkrankungen auf 0,7 pro 100.000 Einwohner gesunken. In den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Hamburg, Brandenburg und Berlin lag die Inzidenz über dem bundesweiten Wert. Die bei Weitem höchste Inzidenz wurde in Mecklenburg-Vorpommern beobachtet (3,0 Erkr./100.000 Einw.). Der starke Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (1,2) wurde durch ein lokales Ausbruchsgeschehen bedingt. In allen

Tab. 6.23.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 346 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	302	87 %
Rumänien	8	2 %
Pakistan	5	1 %
Indien	3	1 %
Italien	3	1 %
Spanien	3	1 %
Polen	2	1 %
Ruanda	2	1 %
Türkei	2	1 %
Bulgarien	2	1 %
Andere	15	4 %
Summe	347	100 %

anderen Bundesländern nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren ab. Besonders deutlich war der Rückgang im Saarland (–64 %) und in Berlin (–61 %) (s. Abb. 6.23.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden für 346 Erkrankungen (62 %) übermittelt. Von den 347 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 302 (87 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.23.2). Dieser Anteil ist, wahrscheinlich durch verminderte Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie, deutlich höher als im Vorjahr (66 %). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Rumänien (8 Nennungen) und Pakistan (5).

Demografische Verteilung

Frauen (0,7 Erkr./100.000 Einw.) waren ähnlich stark betroffen von Hepatitis-A-Erkrankungen wie Männer (0,6).

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden unabhängig vom Geschlecht in der Altersgruppe der über 79-Jährigen beobachtet (s. Abb. 6.23.4). Es ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken.

Tab. 6.23.1:

Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	7	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	871	61 %	550	54 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	244	17 %	189	19 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	302	21 %	265	26 %
alle	1.419	100 %	1.011	100 %
Referenzdefinition (B+C)	873	62 %	557	55 %

Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

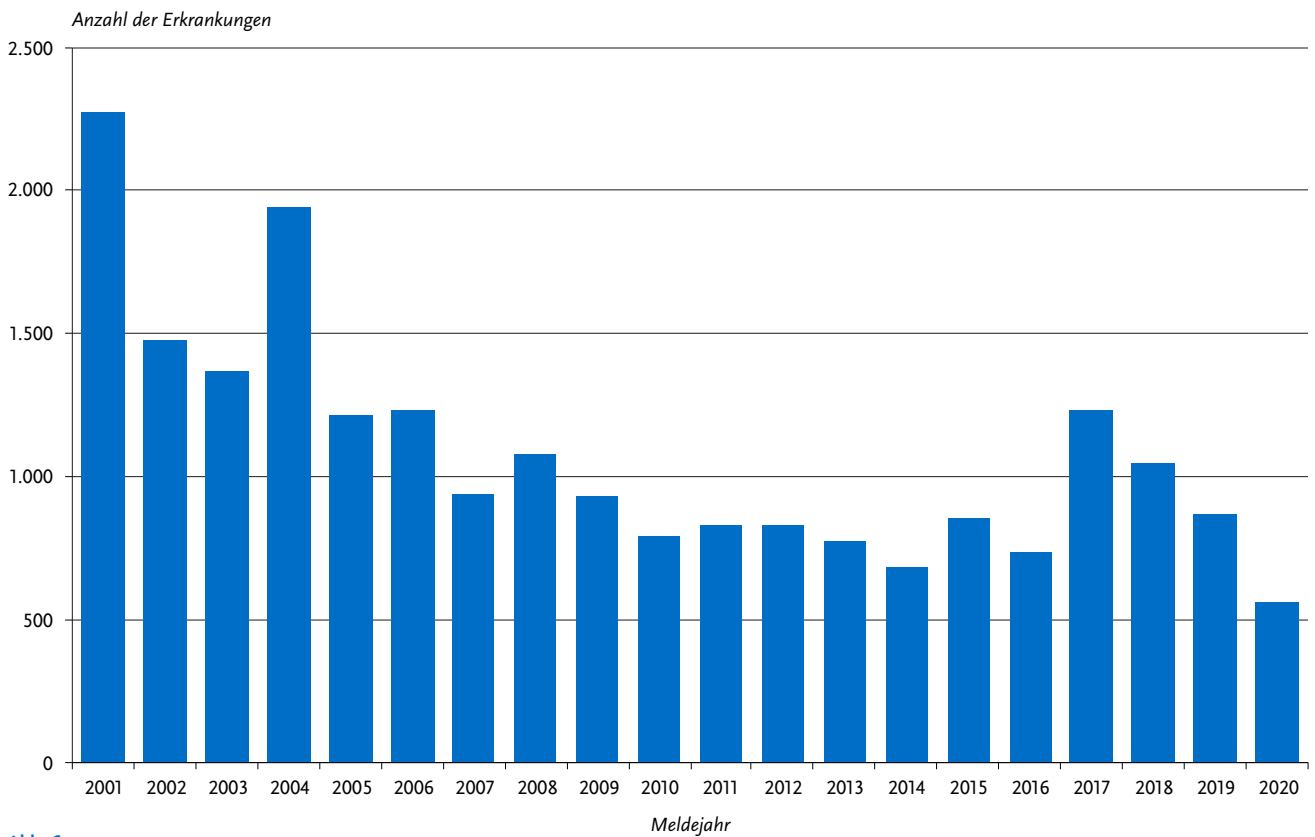


Abb. 6.23.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2020 (n=557) im Vergleich mit den Vorjahren

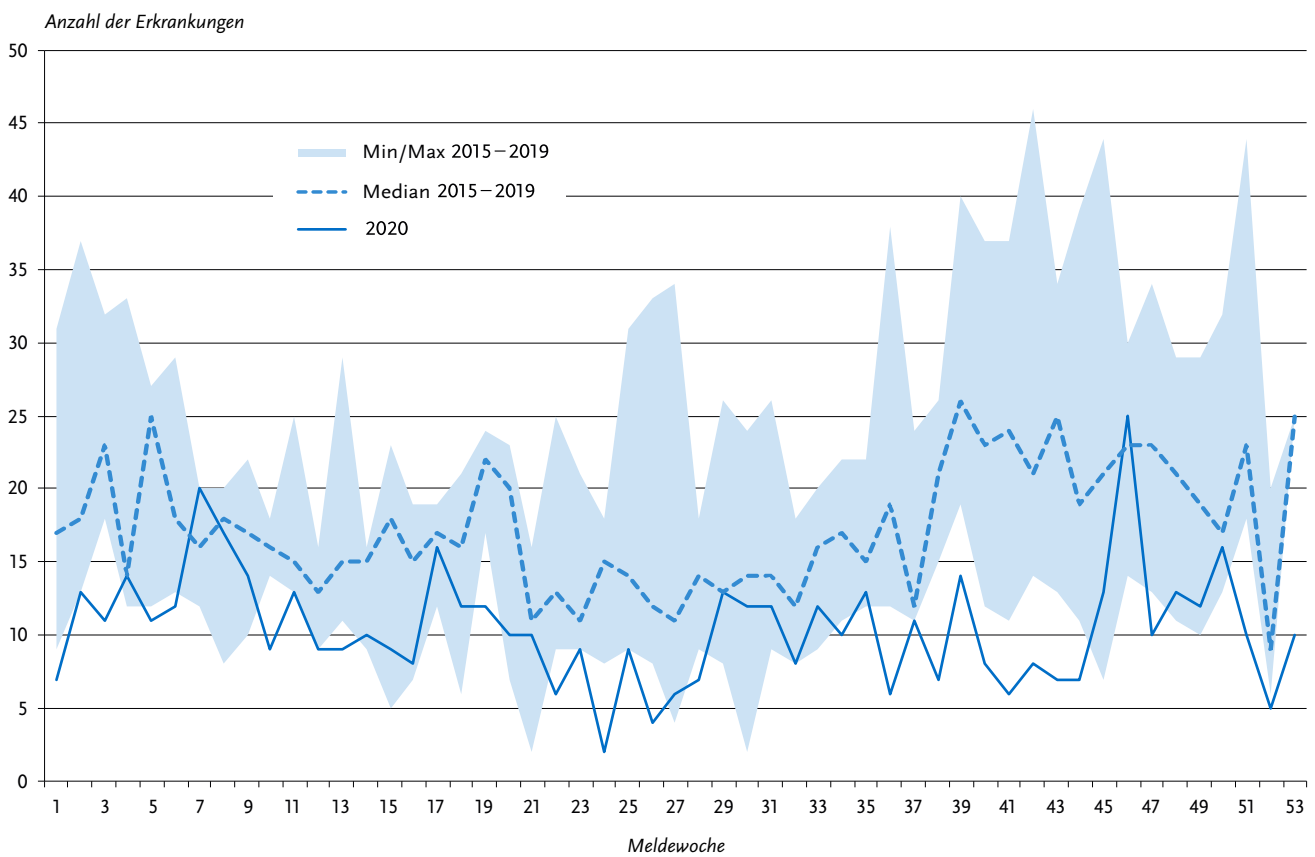
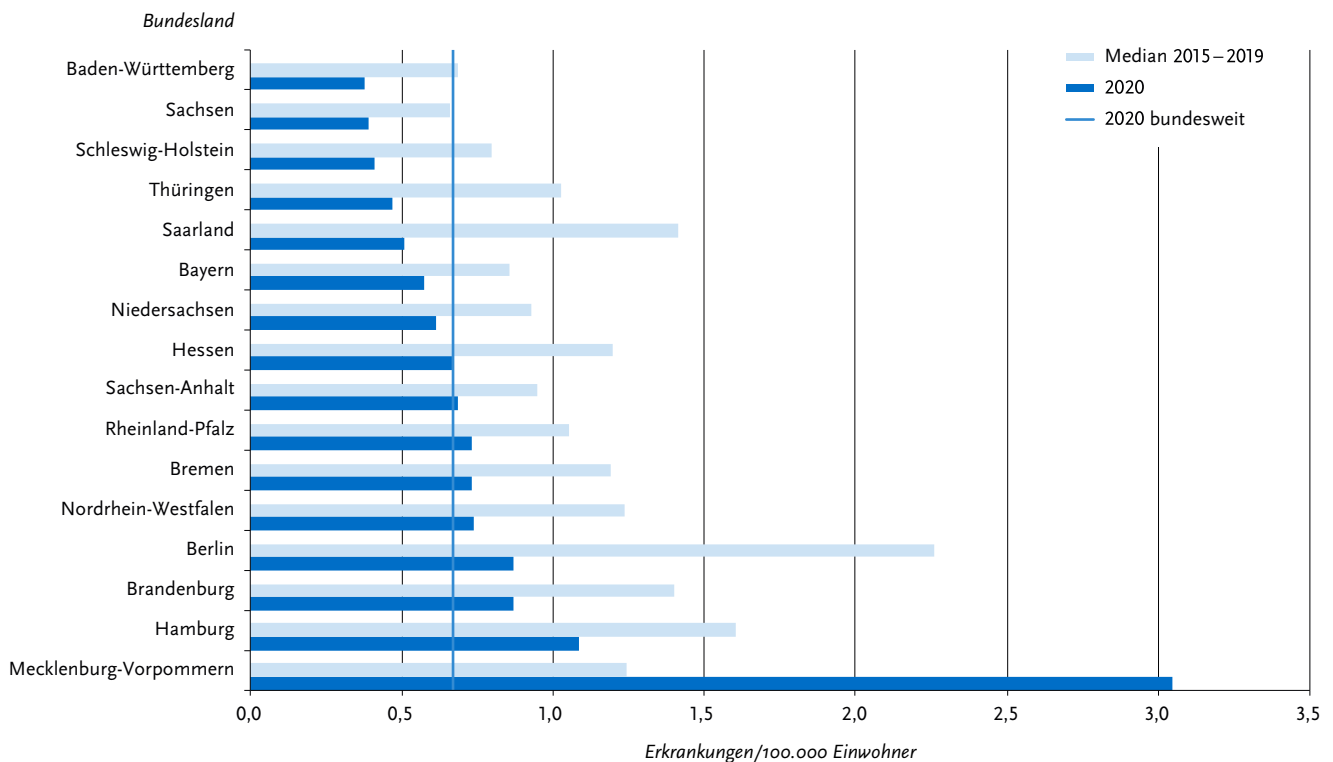


Abb. 6.23.3:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=557)
im Vergleich mit den Vorjahren



Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 266 (48 %) der Erkrankungen angegeben.

Im Jahr 2020 wurden 2 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 2 Männer im Alter über 60 Jahren. Eine der Infektionen wurde in Deutschland erworben, für die andere wurden keine Informationen zum wahrscheinlichen Infektionsort 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 405 (73 %) der 557 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.23.5). Von diesen wurden 379 (94 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 26 (6,4 %) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 15 (58 %) dieser Erkrankten lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf-

und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und/oder Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 11 (73 %) Erkrankte unvollständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Erkrankungen mit nicht ausreichendem Impfschutz betrafen Personen, die z. B. im Rahmen von Ausbrüchen vermutlich zu spät postexpositionell geimpft worden waren (n=7), lediglich eine Dosis Hepatitis A/Hepatitis B Kombinationsimpfstoff erhalten (n=1) oder die Immunisierung nicht zeitgerecht weitergeführt/beendet hatten (n=3). Vier Patienten, die vermutlich eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten 2, 11, 21 und 25 Jahre nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischungsimpfung 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 16 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt; 2 davon mit 5 oder mehr Erkrankten. Die Gesamtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 79; 41 Erkrankungen traten im Rahmen eines lokalen Ausbruchsgeschehens im Zusammenhang mit einer Bäckerei in Mecklenburg-Vorpommern auf. Weitere 8 Erkrankungen wurden einem Ausbruchsgeschehen in einer Kita in Berlin zugeordnet.

Abb. 6.23.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=552)

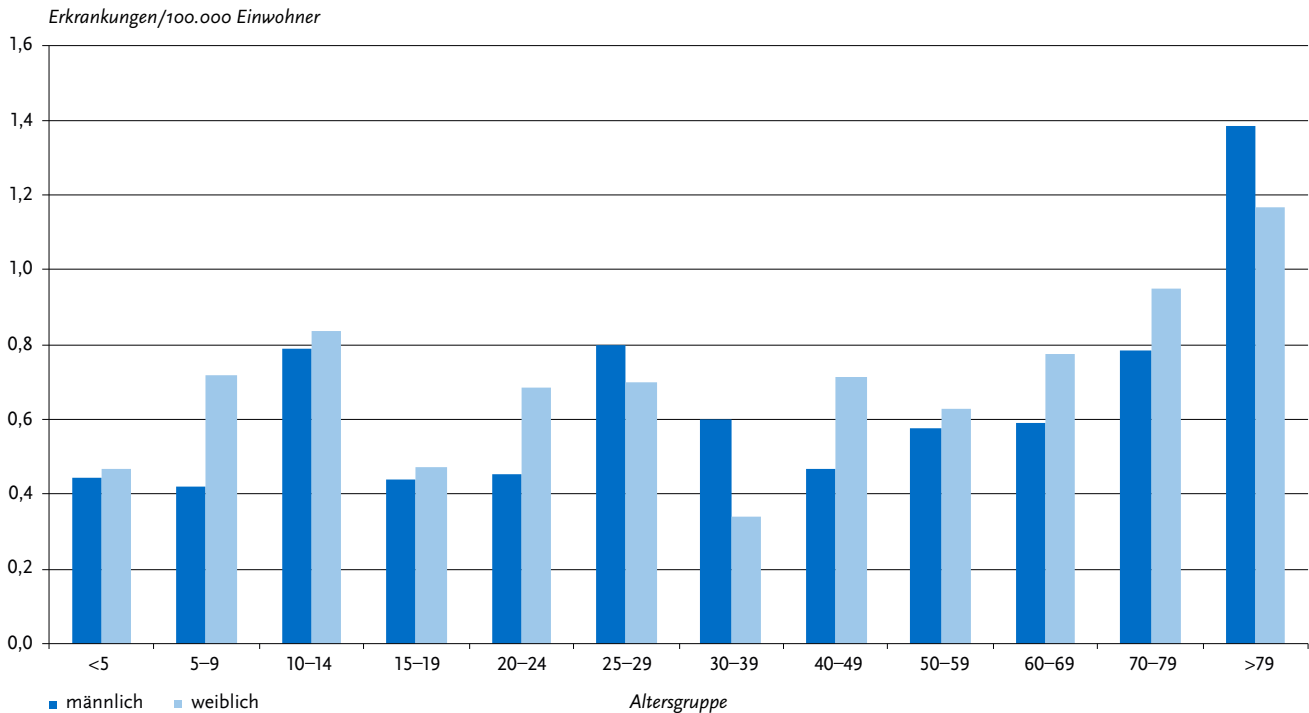
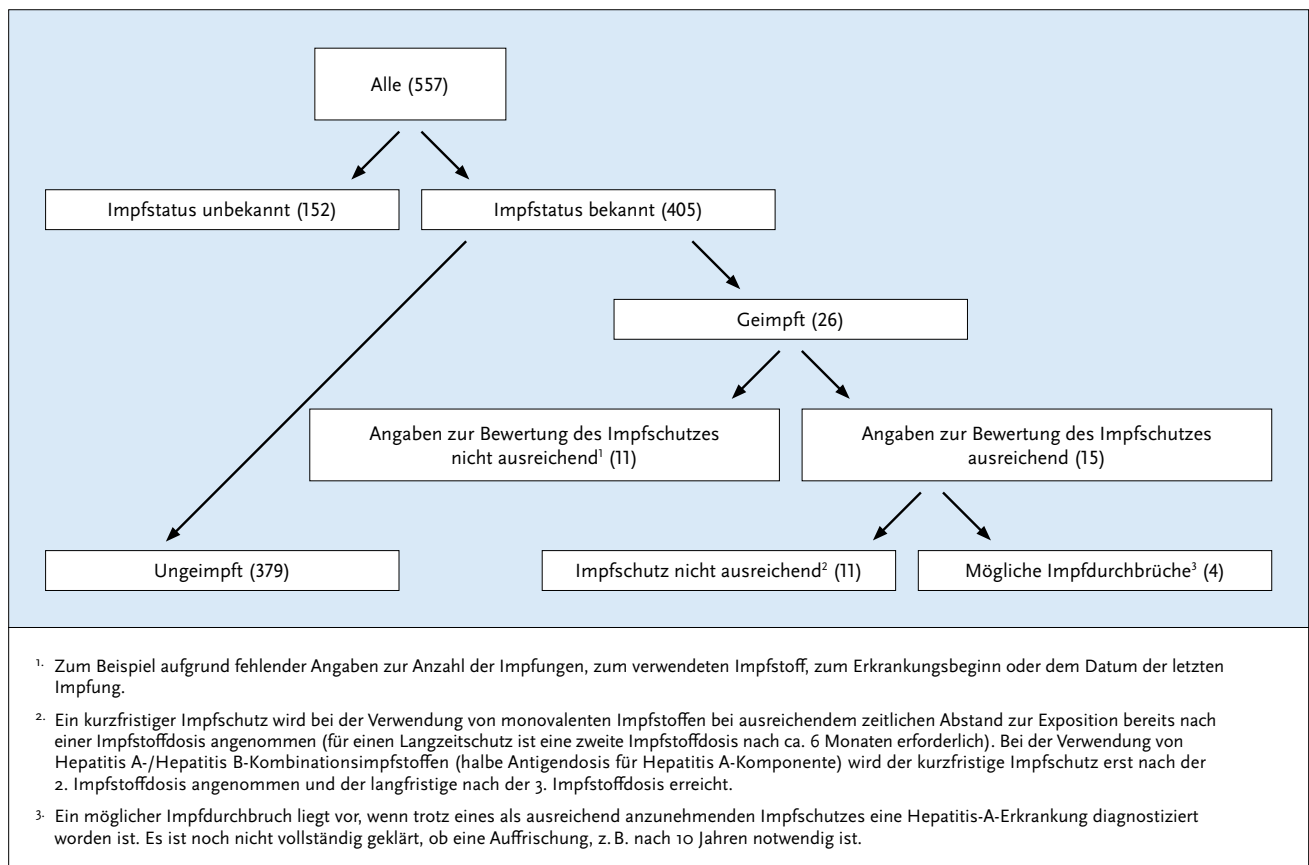


Abb. 6.23.5:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=557)



Datenqualität

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

Fazit

Im Jahr 2020 wurden deutlich weniger Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft.

Mögliche Ursache für die niedrigeren registrierten Zahlen sind u. a. soziale Distanzierung, verminderte Reiseaktivitäten und verändertes Konsultationsverhalten während der COVID-19-Pandemie.

Literaturhinweise

- Zimmermann R, Faber M, Dudareva S, et al.: *Hepatitis A outbreak among MSM in Berlin due to low vaccination coverage: epidemiology, management, and successful interventions*. Int J Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.11.133>
- Ruscher C, Faber M, Werber D, Stark K, Bitzegeio J, Michaelis K, Sagebiel D, Wenzel JJ, Enkelmann J: *Resurgence of an international hepatitis A outbreak linked to imported frozen strawberries, Germany, 2018 to 2020*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.37.1900670>
- Marosevic D, Belting A, Schönberger K, Carl AW, J.J., Brey R: *Hepatitis A outbreak in the general population due to a MSM-associated HAV genotype linked to a food handler, November 2017–February 2018, Germany*. Food Environ Virol 2019. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.33.1700641>
- Carrillo-Santistevan 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. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(17\)30392-4](https://doi.org/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) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2021; 14:1–182.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50. <https://doi.org/10.25646/7693>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.24 Hepatitis B



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: **6.798**
- Davon 375 akute, 3.071 chronische und 3.352 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
- Im Jahr 2020 weniger übermittelte Fälle im Vergleich zum Vorjahr
- 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-labor diagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch labor diagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition erfüllen (Tab. 6.24.1). Seitdem erfüllt nur noch der direkte Hepatitis-B-Virus-Nachweis die Kriterien für einen labor diagnostischen 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. 6.24.1).

Klinische Aspekte

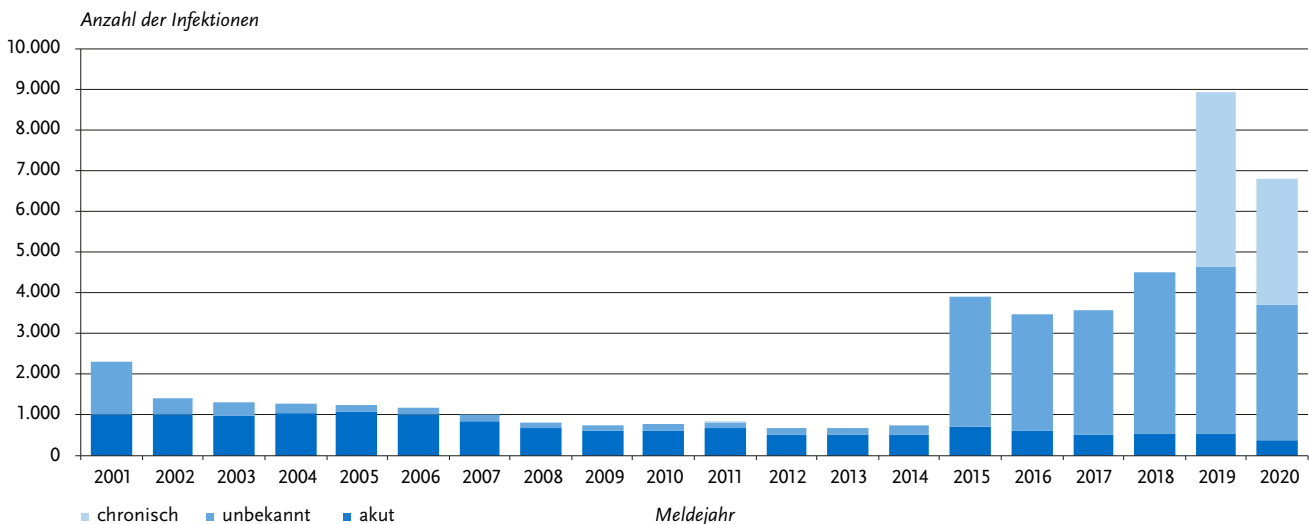
Für das Jahr 2020 wurden insgesamt 6.798 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei entfiel der größte Anteil der Infektionen auf die Falldefinitionskategorien D (labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild) (3.160 Infektionen; 46 %) und E (labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild) (2.708 Infektionen; 40 %). Der Anteil übermittelter Infektionen der Kategorie C (klinisch-labor diagnostisch) lag 2020 bei 14 % (930 Infektionen) (s. Tab. 6.24.1).

Das Stadium der 6.798 übermittelten Infektionen war in 6 % (375) als akut, in 45 % (3.071) als chronisch und in 49 % (3.352) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.24.1). Die akuten Infektionen wurden am häufigsten in der Falldefinitionskategorie C übermittelt (70 %, 263), die chronischen Infektionen in der Falldefinitionskategorie D (84 %, 2.581) und die Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefinitionskategorie E (81 %, 2.700).

Tab. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019
und 2020 und nach Infektionsstatus für 2020

Kategorie	2019		2020				
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.439	16 %	930	14 %	263	484	183
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4.241	47 %	3.160	46 %	110	2.581	469
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.266	37 %	2.708	40 %	2	6	2.700
alle	8.946	100 %	6.798	100 %	375	3.071	3.352
Referenzdefinition (C+D+E)	8.946	100 %	6.798	100 %	375	3.071	3.352

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstatus, Deutschland, 2001 bis 2020



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. 6.24.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstatus zeigt, dass seit 2006 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant bleibt und der Anstieg auf 3.920 übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen im Jahr 2015 zum größten Teil Infektionen mit unbekanntem Infektionsstatus ausmachte (3.207), was mit der Änderung der Falldefinition zusammenhing (s. Abb. 6.24.1.). 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 im Jahr 2019 führte. Im Jahr 2020 wurden 2.148 (24 %) weniger Infektionen als im Vorjahr übermittelt. Die Reduktion der Fallzahlen betraf alle drei Infektionsstadien.

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betrugen 2020 zwischen 2,1 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Mecklenburg-Vorpommern und 18,4 in Bremen. Für 2020 waren die Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Thüringen, Sachsen-Anhalt und Sachsen mit unter 5,0 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.24.2). Bundesländer mit einer Inzidenz über 9,0 Inf./100.000 Einw. waren Bremen (18,4), Baden-Württemberg (12,0), Berlin (10,6), Bayern (9,7) und Hessen (9,6).

Nach Infektionsstadium differenziert betrugen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0 im Saarland und 1,0 akuter Inf./100.000 Einw. in Bremen. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstatus lagen zwischen 0,5 in Thüringen und 6,2 Inf./100.000 Einw. in Bayern. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstatus lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 0,8 in Sachsen und 12,2 Inf./100.000 Einw. in Bremen.

Bei 1.589 (23 %) der insgesamt 6.798 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfielen 62 % der Nennungen ($n=1.007$), gefolgt von Rumänien ($n=74$), Türkei ($n=51$), Syrien ($n=33$), Vietnam ($n=29$) und der Russischen Föderation ($n=27$).

Seit der IfSG-Novellierung werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 3.761 (55 %) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 3.117 (46 %) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Deutschland wurde bei 32 % (1.183) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 46 % (1.441) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (8,6 %; 324), Rumänien (6,9 %; 258), Vietnam (3,7 %; 138) und die Russische Föderation (3,4 %; 126) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 9,4 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (6,8). 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 16,7 und für Männer bei 17,7 Inf./100.000 Einw. Die Inzidenz im Kindesalter (<15 Jahre) war mit 0,3 insgesamt niedrig (Abb. 6.24.3). Drei von 31 Infektionen entfielen jedoch auf Kinder im 1. Lebensjahr (0,4 Inf./100.000 Einw.).

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wurde nur ein kleiner Teil (6,6 bzw. 4,1 %) aller übermittelten Infektionen als akute Infektionen übermittelt. Hierbei wiesen 30- bis 59-jährige Männer die höchsten Inzidenzen auf (1,0 akute Inf./

100.000 Einw.). Bei Frauen lagen die höchsten Inzidenzen für akute Infektionen bei den 30- bis 49-Jährigen (0,6 akute Inf./100.000 Einw.).

Infektionsrisiken

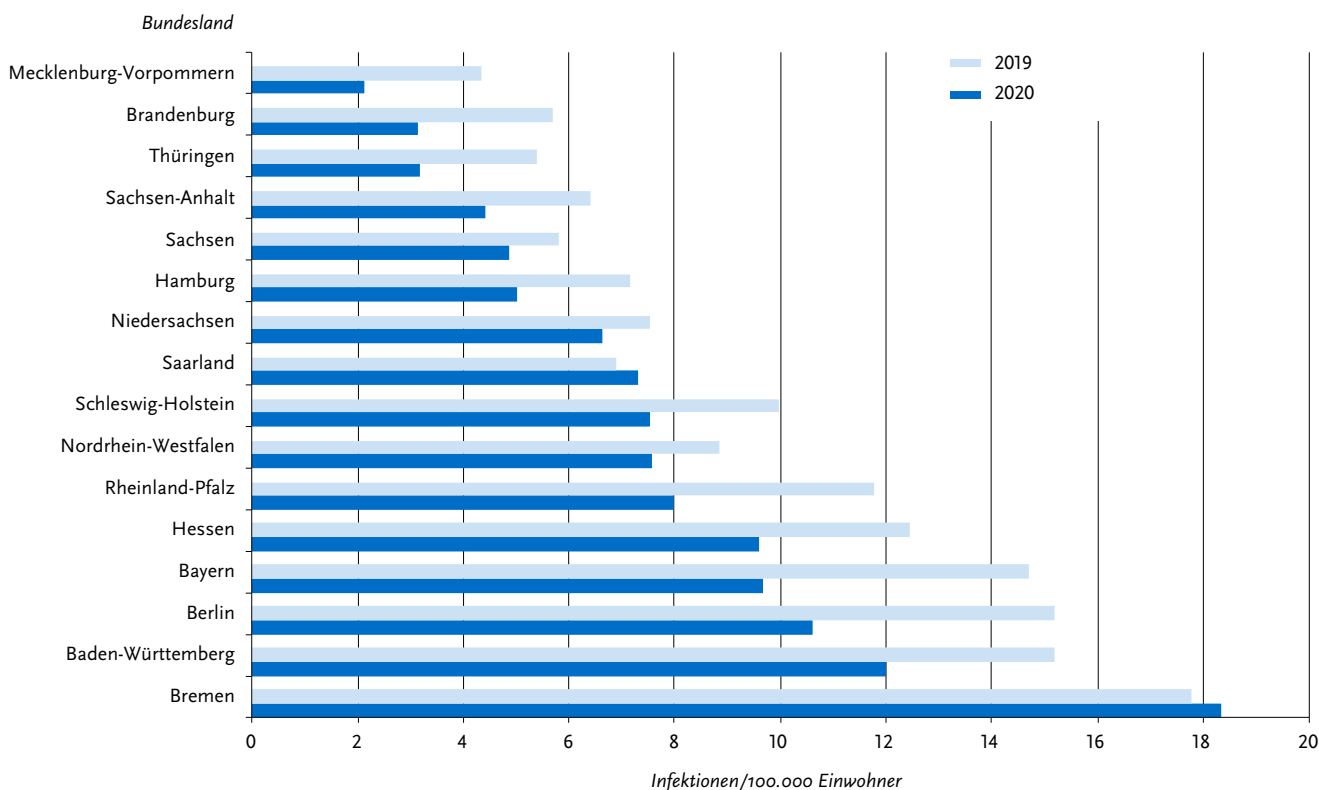
Nur bei 259 (4,0 %) der 6.798 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Der am häufigste übermittelte Übertragungsweg war 2020 die Wohngemeinschaft mit einem Hepatitis-B-Virusträger (95 Fälle, 37 %). Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde i.v.-Drogenkonsum bei 74 Infektionen (29 %) angegeben, darunter 8 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Als dritthäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission bei 51 Infektionen (20 %) genannt, darunter 32 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem mit Hepatitis-B-Virus infizierten Partner und 19 Infektionen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Des Weiteren wurde bei 34 Infektionen (13 %) der Erhalt von Blutprodukten, bei 3 Infektionen (1 %) Dialyse und bei 2 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,

Abb. 6.24.2: Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, 2020 ($n=6.798$) im Vergleich mit dem Vorjahr



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 2.791 (41%) der 6.798 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.24.4). Von diesen 2.791 Infektionen wurden 2.607 (93%) als ungeimpft übermittelt. Bei 184 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 184 fehlten bei 114 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes: So lagen von 71 Infektionen keine Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen vor; bei 29 Infektionen fehlten Angaben zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn und bei 14 Infektionen fehlten Angaben zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfung.

Für 70 (38%) der 184 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 50 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren: Bei 40 dieser Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben; bei 3 Infektionen fehlte die 4. Impfdosis bei Impfung mit einem hexavalenten Kombinationsimpfstoff. Weitere 7 Personen wurden nicht zeitgerecht ge-

impft, ihr Erkrankungsbeginn war < 14 Tage nach der letzten Impfung. Insgesamt 20 Infizierte hatten einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz mit mindestens 3 Impfungen erhalten und infizierten sich zwischen 3 Monaten und 30 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 2020 wurden 3 Häufungen mit insgesamt 7 Infektionen (2 bis 3 Infektionen pro Ausbruch) übermittelt. Bei einer der Häufungen war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger, bei den anderen beiden Häufungen 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

Abb. 6.24.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=6.719)

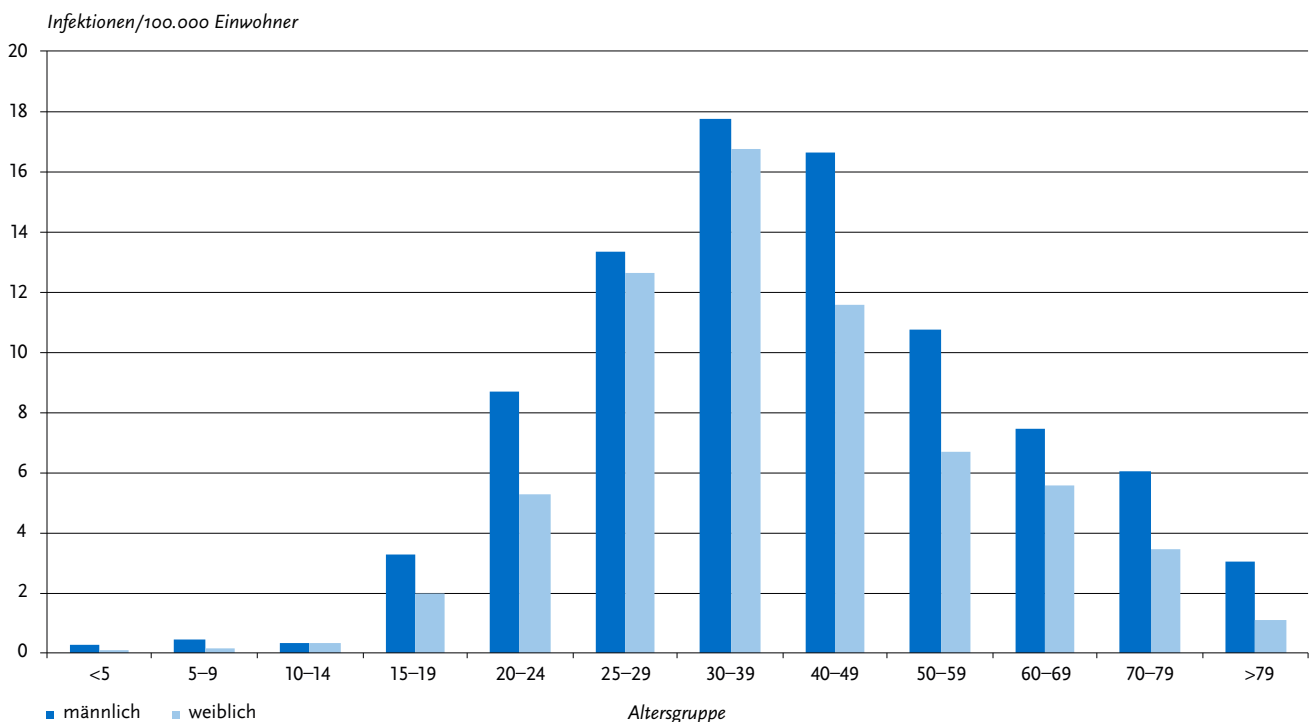
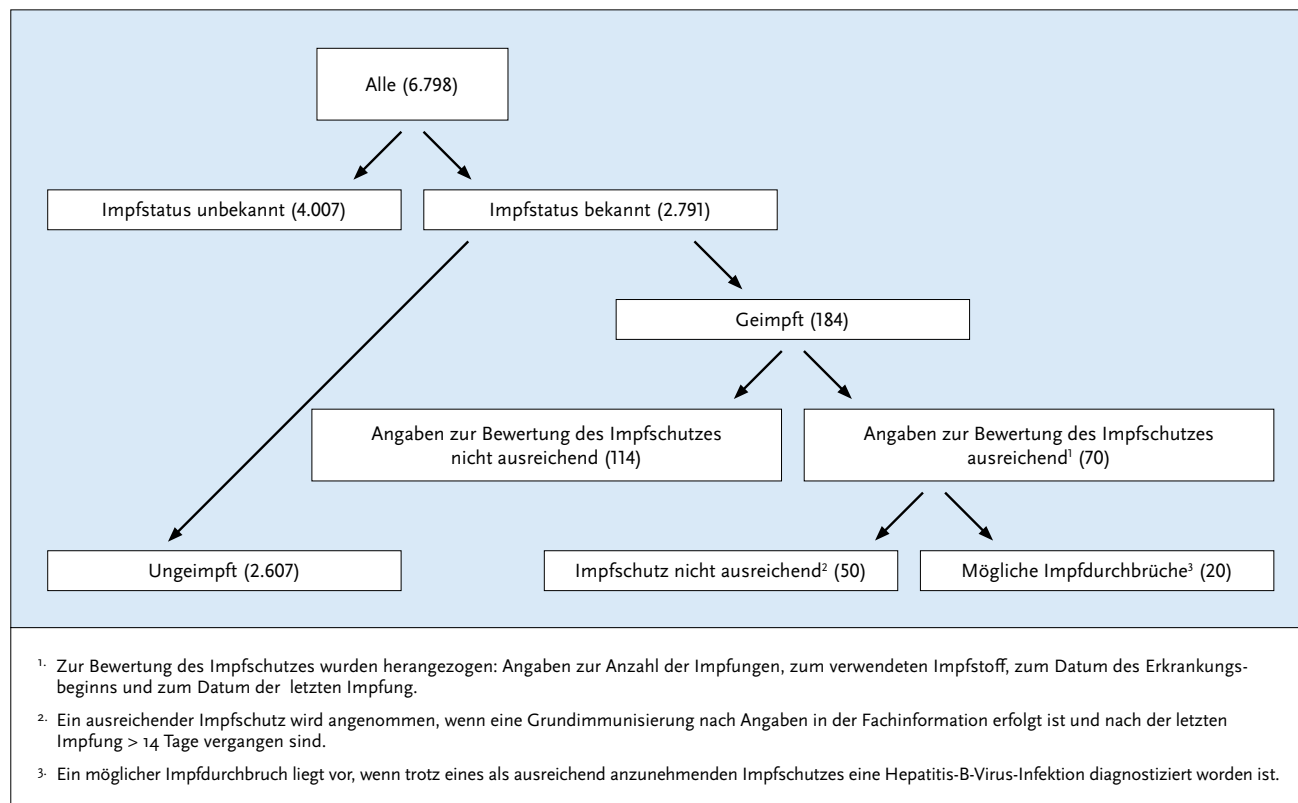


Abb. 6.24.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=6.798)



Fälle mit chronischem Infektionsstadium die Referenzdefinition. Dadurch wurden im Jahr 2020 2.290 Fälle mehr übermittelt als 2018. 3.071 der im Jahr 2020 übermittelten Fälle waren chronische Fälle (Tab. 6.24.1 und Abb. 6.24.1). Nicht erkannte chronische Infektionen 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 Infektionen 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. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (55%) und zur Staatsangehörigkeit (46%) ist im Vergleich zum Vorjahr (59% und 50%) leicht gesunken.

Fazit

Seit 2015 ist eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition zu erklären, auf Fälle ohne, mit unklarer oder unbekannter Symptomatik, 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 sein, besonders bei den Fällen mit unbekannter Klinik. Eine Auswertung nach Infektionsstadium zeigt, dass im zeitlichen Verlauf die Anzahl akuter Infektionen seit 2011, mit Ausnahme von 2015 (713 akute Infektionen), unter 600 Infektionen pro Jahr lag. Somit war kein Anstieg an akuten Infektionen seit 2011 zu verzeichnen.

Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2020 2.148 weniger Hepatitis-B-Virus-Infektionen übermittelt (Reduktion um 24%). Mögliche Ursachen der im Jahr 2020 niedrigeren Zahlen können u.a. eine veränderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten während der COVID-19-Pandemie sein.

Eine Differenzierung nach Infektionsstadium zeigte, dass die höchsten Inzidenzen akuter Infektionen bei Männern bei den 30- bis 59-Jährigen (1,0 Inf./100.000 Einw.) und bei den Frauen bei den 30- bis 49-Jährigen (0,6 Inf./100.000 Einw.) lagen und wahrscheinlich zum größten Teil auf sexuelle Übertragungswege hindeuten.

Eine differenzierte Übermittlung und Auswertung der Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Infektionsstadium ist für

eine bessere Beschreibung und Eingrenzung von Bevölkerungsgruppen mit erhöhtem Risiko für Neuinfektionen (meist akute Infektionen) oder erhöhter Prävalenz (z. B. unerkannte chronischen Infektionen) von entscheidender Bedeutung.

Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben. 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.
- Schranz M, Ullrich A, Rexroth U, et al.: *Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020)*. Epid Bull 2021; 7:3–7. <https://doi.org/10.25646/8011>
- Burdi S, Harder T, Ullrich A, Krings A, Sandfort M, Dudareva S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2020*. Epid Bull. 2021; 29:3–21. <https://doi.org/10.25646/8801>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
- 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. <https://doi.org/10.25646/70274>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.25 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 4.542
- ▶ Anzahl der Fälle um 24 % geringer als im Vorjahr
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Deutlich höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen
- ▶ Wichtigster Übertragungsweg: intravenöser Drogengebrauch

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 dem WHO-Ziel verschrieben, die virale Hepatitis als Bedrohung der öffentlichen Gesundheit bis zum Jahr 2030 zu eliminieren.

Falldefinition

Da die Mehrzahl der Hepatitis-C-Infektionen asymptomatisch verläuft, umfasst die Referenzdefinition alle Fälle einer HCV-Infektion mit Labornachweis, 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. 6.25.1).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist, so dass alle erstmalig gemeldeten aktiven (akuten und chronischen) Infektionen erfasst werden. Auch wenn chronische Infektionen erfasst werden, handelt es sich um die Erstmeldung an das Gesundheitsamt, sodass im folgenden Text von Inzidenzen gesprochen wird.

Zeitlicher Verlauf

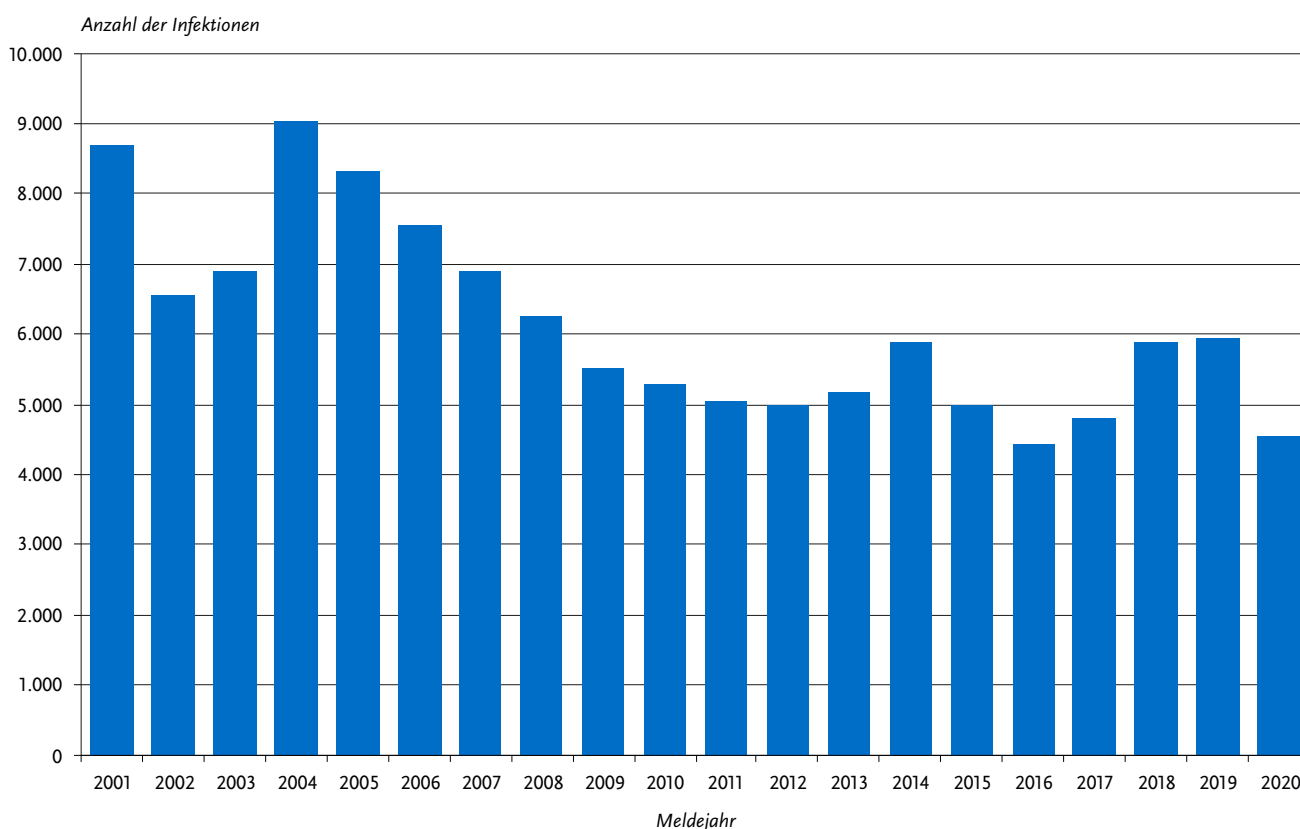
Für das Jahr 2020 wurden insgesamt 4.542 Fälle von Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 5,5 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Inzidenz um 24 % geringer als im Vorjahr.

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

Tab. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.364	23 %	804	18 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.118	36 %	1.558	34 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.471	42 %	2.180	48 %
alle	5.953	100 %	4.542	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	5.953	100 %	4.542	100 %

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Fallzahlen in etwa gleichgeblieben. Im Jahr 2020 waren die Fallzahlen deutlich geringer (s. Abb. 6.25.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 1,8 Infektionen/100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern und 7,6 in Baden-Württemberg (s. Abb. 6.25.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 5,5 lagen neben Baden-Württemberg auch Schleswig-Holstein (6,7), Bremen (6,6), Bayern (6,2), Nordrhein-Westfalen (5,8) und Hessen (5,6). Unterhalb der bundesweiten Inzidenz lagen Mecklenburg-Vorpommern (1,8), Brandenburg (1,9), Thüringen (2,2), Sachsen-Anhalt (2,8), Sachsen (3,9), das Saarland (4,2), Rheinland-Pfalz (4,3), Hamburg (4,7), Niedersachsen (5,0) und Berlin (5,3).

Keine rückläufigen Inzidenzen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre zeigten sich in Bremen, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und im Saarland. In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem Median der Vorjahre. Der größte Inzidenzanstieg war in Bremen zu verzeichnen, während die Inzidenz am deutlichsten in Hamburg und Berlin zurück ging.

Bei 992 (22 %) der übermittelten HCV-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde am häufigsten genannt (n=842; 85 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Russische Föderation (n=18), gefolgt von der Ukraine, Georgien, Kasachstan und Polen (je

n=10), Rumänien (n=8), Pakistan und Belarus (je n=6). 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 wurden Angaben zum Geburtsland (n=2.292; 50%) bzw. zur Staatsangehörigkeit (n=2.044; 45%) berichtet. Über die Hälfte der Fälle war in Deutschland geboren (n=1.477; 64%) und drei Viertel der Fälle gaben die deutsche Staatsangehörigkeit an (n=1.568; 77%).

Demografische Verteilung

Bei 4.516 (99%) der übermittelten HCV-Infektionen wurden Angaben zum Geschlecht übermittelt. Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 7,7 Infektionen/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch als in der weiblichen (3,2). Einzig bei den über 70-Jährigen waren Frauen (3,4) stärker betroffen als Männer (2,7). Wie in den vorangegangenen Jahren machten die 30- bis 49-jährigen Männer mit 41% (n=1.852; 17,5 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 (5,3). (s. Abb. 6.25.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) war mit 0,2 Infektionen/100.000 Einw. (entsprechend 25 übermittelten Infektionen) gering.

Infektionsrisiken

Eine Angabe zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lag bei 951 Infektionen (21%) vor (s. Datenqualität).

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in kausalem Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C stand, wurde in ca. zwei Drittel der Fälle angegeben (n=645 Infektionen; 68% der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg). Von diesen lag bei 42 Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor. Der Erhalt von Blutprodukten bis zur Einführung der diagnostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 wurde für 63 Infektionen als wahrscheinlichster Übertragungsweg angegeben (7% der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg). Zu einem geringeren Anteil wurden nosokomiale Übertragen angegeben (n=77; 15%). Diese verteilten sich auf operativ-diagnostische Eingriffe (n=46), medizinische Injektionen im Ausland (n=21) und den Erhalt von Blut und Blutprodukten nach 1991 oder ohne Jahresangabe, auch im Ausland (n=10).

Sexuelle Übertragung zwischen Männern wurde in 54 Fällen (6% aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 8% derjenigen bei Männern) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben. Für rund jeden vierten dieser Fälle (n=14) wurde Sex mit einem bekannt HCV-positiven Partner angegeben. Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 26 Infektionen (3%) angegeben. Eine perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 3 Infektionen (0,3%) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurde eine epidemiologisch zusammenhängende Verknüpfung von 2 Fällen übermittelt. Hierbei handelte es sich um einen privaten Haushalt ohne Angabe des Übertragungsweges und ohne Angabe von klinischen Informationen.

Abb. 6.25.2:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=4.542) im Vergleich mit den Vorjahren

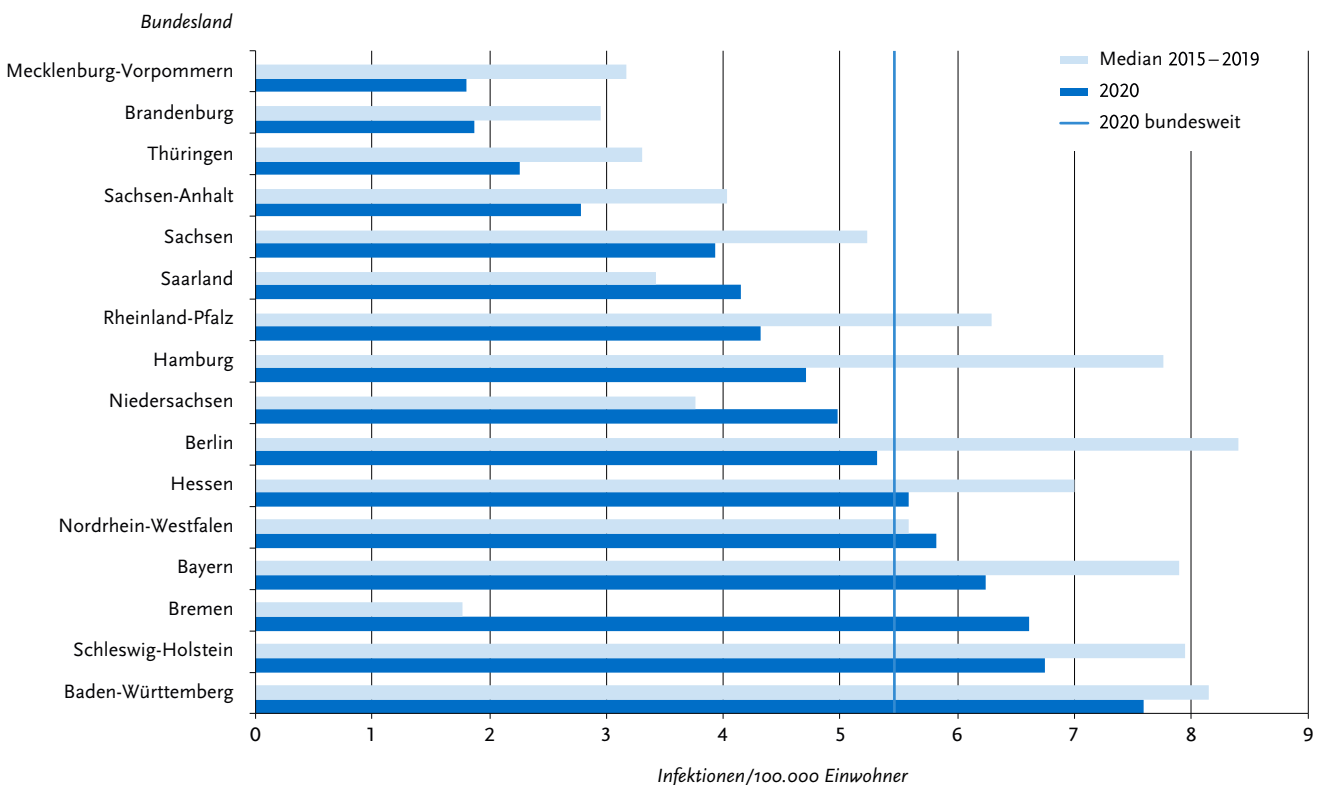
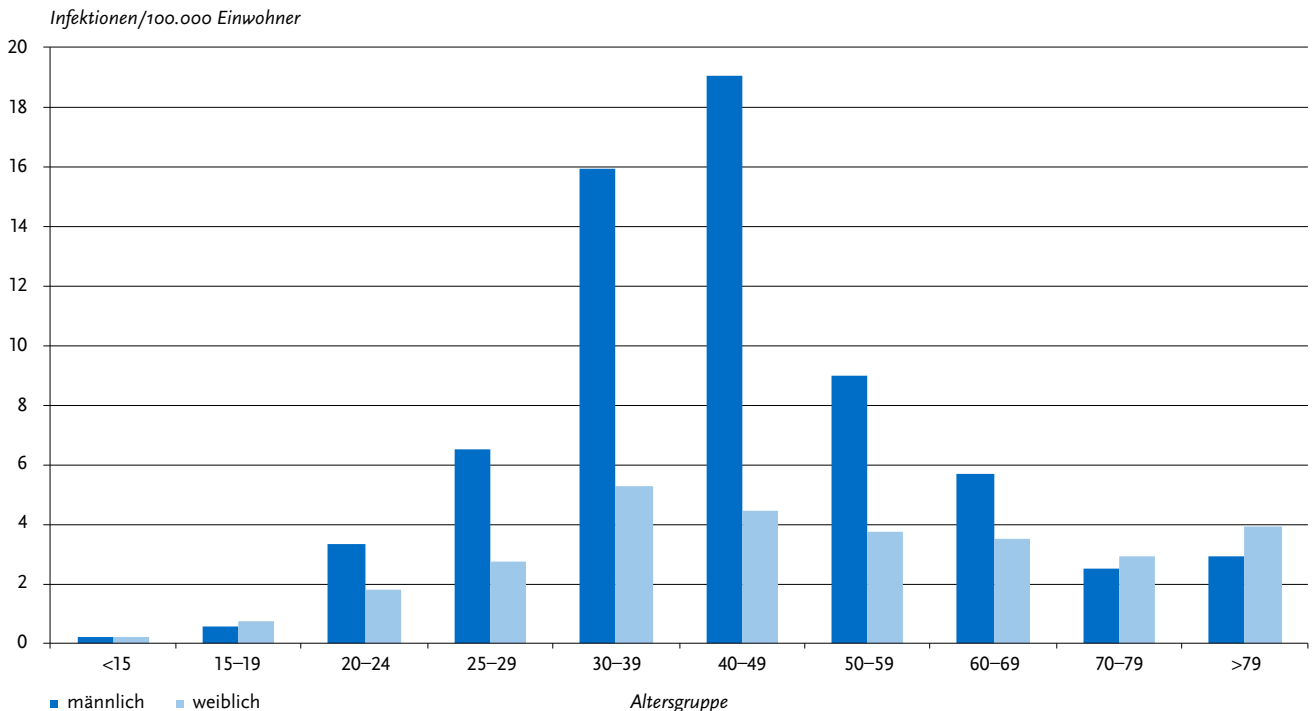


Abb. 6.25.3:

Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=4.512)

**Datenqualität**

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. HCV-Infektionen verlaufen häufig unbemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten HCV-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 Sero-konversion) vor. Für das Jahr 2020 wurden ähnlich wie im Vorjahr zu knapp der Hälfte der Fälle (n=1.895, 41%) Angaben zum Stadium der Infektion übermittelt. Von den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion entsprach der Großteil (n=1.541, 81%) 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 HCV zu einer verstärkten Mehrfachmeldung von Nachweisen ein und derselben Person bei wiederholter Testung kommen. 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 Übertragungsweg reduziert.

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 ist es möglich, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei Migrantenpopulationen zu erhalten. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (50%) und zur Staatsangehörigkeit (45%) ist im Vergleich zum Vorjahr (52% und 46%) leicht abgefallen.

Fazit

Die Daten sind nach den grundsätzlichen Änderungen des Surveillancesystems und der Meldepflicht nur bedingt mit den Vorjahren vergleichbar.

Die Anzahl übermittelter HCV-Infektionen im Jahr 2020 ist im Vergleich zu den Vorjahren 2018 und 2019 deutlich (um

etwa ein Viertel) abgefallen. Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen in den Bundesländern haben sich im Vergleich zum Vorjahr leicht verschoben. Während in den meisten Bundesländern die Fallzahlen im Vergleich zu den Vorjahren geringer ausfielen, waren sie im Saarland, in Niedersachsen und Bremen deutlich höher als im Median der Vorjahre.

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 HCV-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.

Der beobachtete deutliche Rückgang der Anzahl übermittelter HCV-Infektionen im Berichtsjahr ist wie auch bei anderen Erregern sicherlich bedingt durch Unterdiagnose und Untererfassung aufgrund der COVID-19-Pandemie. Ein Teil des Rückgangs kann aber auch einem tatsächlichen Rückgang der Inzidenz durch effektive Hepatitis-C-Behandlungen und dadurch seltenerem Auftreten von Transmissionseignissen entsprechen. Zudem war die Zunahme der Fallmeldungen nach der Änderung der Meldepflicht 2017 möglicherweise auch teilweise bedingt durch »Nachmeldungen« alter chronischer Infektionen, ggf. auch Mehrfachmeldungen, die im Berichtsjahr nicht mehr ins Gewicht fallen. Der Anteil übermittelter akuter HCV-Infektionen unter den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion beträgt jedoch ähnlich wie in den Vorjahren etwa ein Fünftel der Fälle. Dies deutet darauf hin, dass die tatsächliche Inzidenz der Infektion in etwa gleichgeblieben ist. Es ist davon auszugehen, 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 die Möglichkeit einer Behandlung und Prävention bekommen.

Literaturhinweise

- Zimmermann R, Külper-Schick W, Steffen G, et al.: *Wie lässt sich die Eliminierung von Hepatitis B, C und D in Deutschland messen? Ergebnisse eines interdisziplinären Arbeitstreffens*. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-020-03260-2>
- Hüppe D, Niederau C, Serfert Y, Hartmann H, Wedemeyer H: *Versorgungsprobleme von Patienten mit chronischer Hepatitis C während der COVID-19 Pandemie und der Lockdown-Verordnungen*. Z Gastroenterol 2020. <https://doi.org/10.1055/a-1291-8518>
- Sperle I, Steffen G, Leendertz SA, et al.: *Prevalence of hepatitis B, C, and D in Germany: results from a scoping review*. Front Public Health 2020. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00424>
- 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 November 2020*. <https://www.bng-gastro.de>

- Tavoschi L, O'Moore É, Hedrich D: *Challenges and opportunities for the management of infectious diseases in Europe's prisons: evidence-based guidance*. Lancet Infect Dis 2019; 19:e253–e258.
- WHO (2019): *Progress report on HIV, viral hepatitis and sexually transmitted infections 2019*. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/324797>
- 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>
- Zimmermann R, Bremer V, Kollan C, et al.: *Hepatitis C im Jahr 2019*. Epid Bull 2020; 30/31:18–31. <https://doi.org/10.25646/6995>
- Meurs L, Dudareva S, Diercke M, Altmann D, Bremer V, Zimmermann R: *Hepatitis-C-Melddaten nach IfSG, 2016–2018: Auswirkungen der Änderungen von Falldefinition und Meldepflicht*. Epid Bull 2019; 30:275–285. <https://doi.org/10.25646/6206.2>
- 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

6.26 Hepatitis D

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-D-Virus benötigt für die Infektion die Hülle des Hepatitis-B-Virus. Hepatitis D tritt somit stets zusammen mit Hepatitis B auf und führt in 70 bis 90 % der Fälle zu schweren chronischen Verläufen.

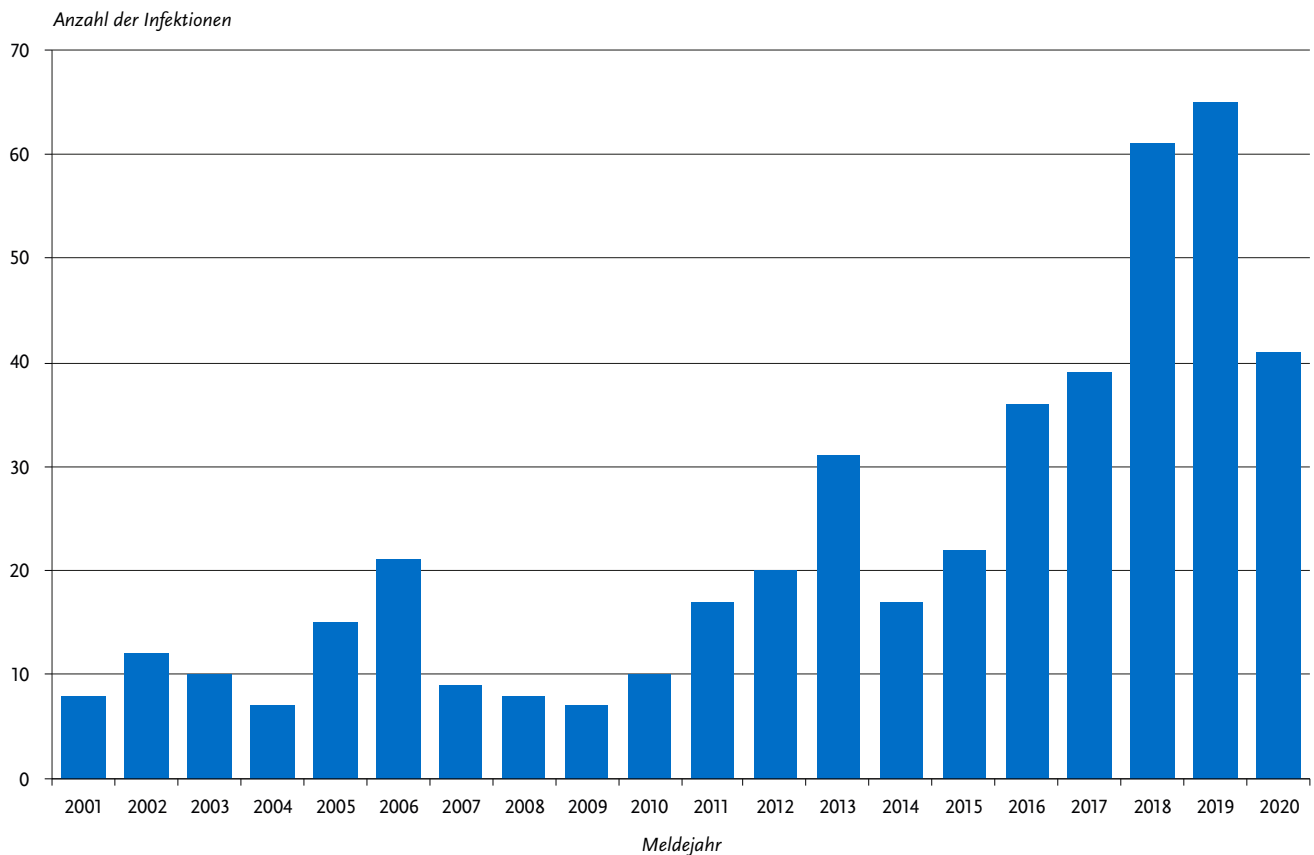
Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Eine weitere Änderung betrifft die Referenzdefinition. Fälle, bei denen das klinische Bild unbekannt oder nicht erfüllt ist (Falldefinitions-kategorien D und E), entsprachen nach der alten Falldefinition nicht der Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition die Referenzdefinition um die Fälle der Falldefinitions-kategorien D und E erweitert (siehe Tab. 6.26.1). 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 2020 wurden 41 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.26.1). Die 41 Infektionen wurden aus 11 Bundesländern (je ein bis 13 Infektionen) übermittelt. Bei 7 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Als Infektionsland wurde 6-mal Deutschland und einmal Georgien genannt. Von den 41 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 26 (63 %) Männer und 15 (37 %) Frauen. Die meisten Infektionen (63 %) 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. Es ist nicht auszuschließen, dass es sich auch um nachgemeldete Fälle handeln kann, die seit längerer Zeit eine chronische Hepatitis D-Infektion aufweisen. Dies betrifft insbesondere die Falldefini-

Abb. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Tab. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	21	32 %	9	22 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	25	38 %	13	32 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19	29 %	19	46 %
alle	65	100 %	41	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	65	100 %	41	100 %

tionskategorien D und E. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken. Der Anstieg seit den letzten 2 Quartalen 2017 ist vermutlich vor allem durch die Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG im Juli 2017 bedingt. Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2020 24 Hepatitis-D-Virus-Infektionen weniger übermittelt (Reduktion um 37%). Mögliche Ursachen der im Jahr 2020 niedrigeren Zahlen können u. a. eine veränderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten während der COVID-19-Pandemie sein.

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>
- WHO: *Hepatitis D. Fact sheet 2019*. <https://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*. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html

Burdi S, Harder T, Ullrich A, Krings A, Sandfort M, Dudareva S:
Virushepatitis B und D im Jahr 2020. Epid Bull. 2021; 29:3–21.
<https://doi.org/10.25646/8801>
 RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.27 Hepatitis E



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 3.246
- ▶ Im langjährigen Trend deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Die meisten Infektionen (95%) 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. 6.27.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden dem RKI insgesamt 3.246 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (3.728 Erkrankungen) entspricht dies einer Abnahme um 13%. Damit wurde der seit Jahren bestehende Trend zu höheren Fallzahlen zum ersten Mal unterbrochen

(s. Abb. 6.27.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 3,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit Maximum im Januar und im Sommer ist erkennbar, jedoch wahrscheinlich durch ein verändertes Konsultations- und Diagnoseverhalten im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (8,1 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen (7,6), Sachsen-Anhalt (7,5), dem Saarland (6,4), Sachsen (5,8), Brandenburg (5,7), Rheinland-Pfalz (5,2) und Hessen (4,1) erfasst.

Bei 1.583 Erkrankten (49%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.27.2). Von den 1.606 Nennungen entfielen 95% auf Deutschland. Dieser Anteil ist, vermutlich maßgeblich durch geltende Reisebeschränkungen während der COVID-19-Pandemie beeinflusst, deutlich höher als im Vorjahr (85%).

Tab. 6.27.2:
 Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 1.583 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1518	95 %
Ägypten	8	0 %
Frankreich	6	0 %
Italien	6	0 %
Spanien	6	0 %
Türkei	6	0 %
Österreich	5	0 %
Kroatien	5	0 %
Andere	46	3 %
Summe	1606	100 %

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.392 der übermittelten Erkrankungen (74%) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit

Tab. 6.27.1:
 Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.728	55 %	3.246	40 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.263	19 %	1.896	23 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.787	26 %	3.016	37 %
alle	6.778	100 %	8.158	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.728	55 %	3.246	40 %

Abb. 6.27.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

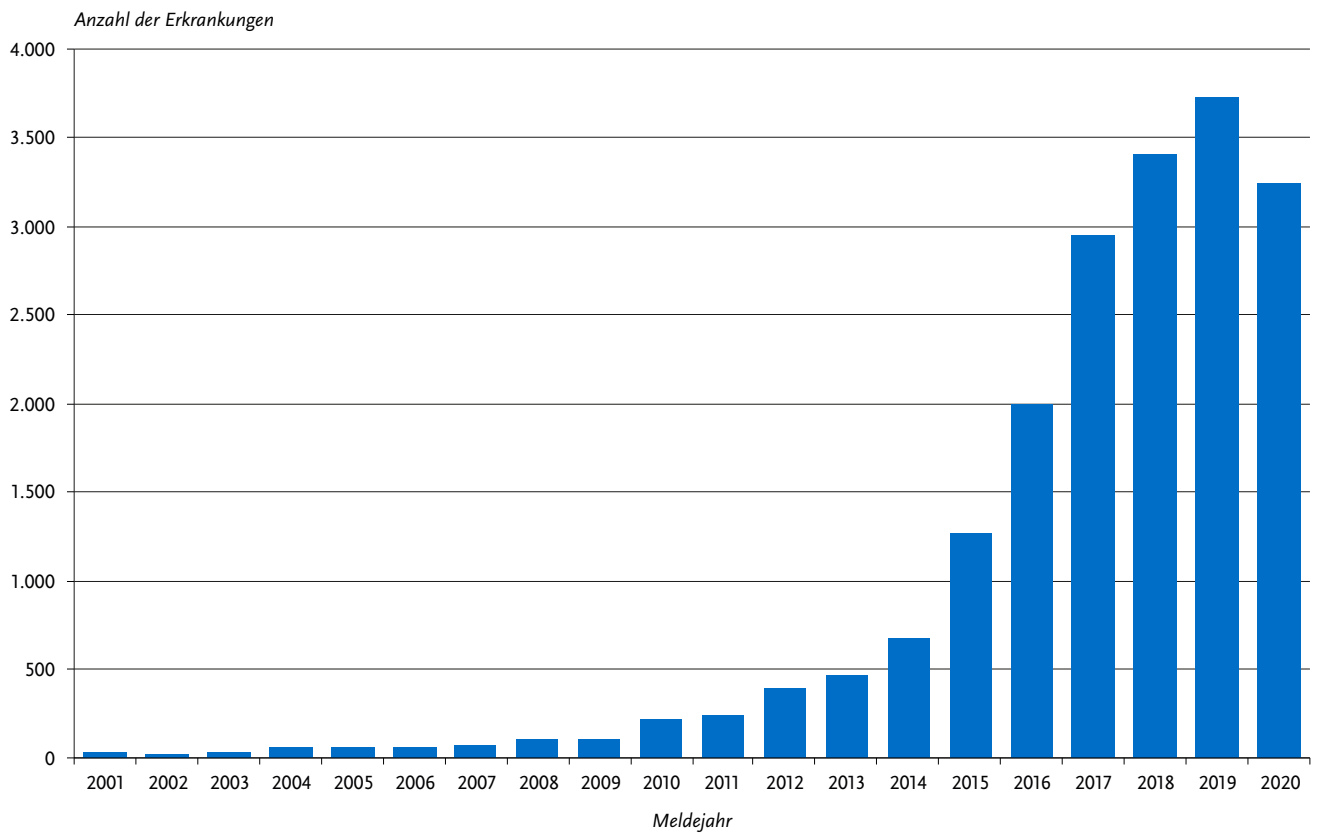
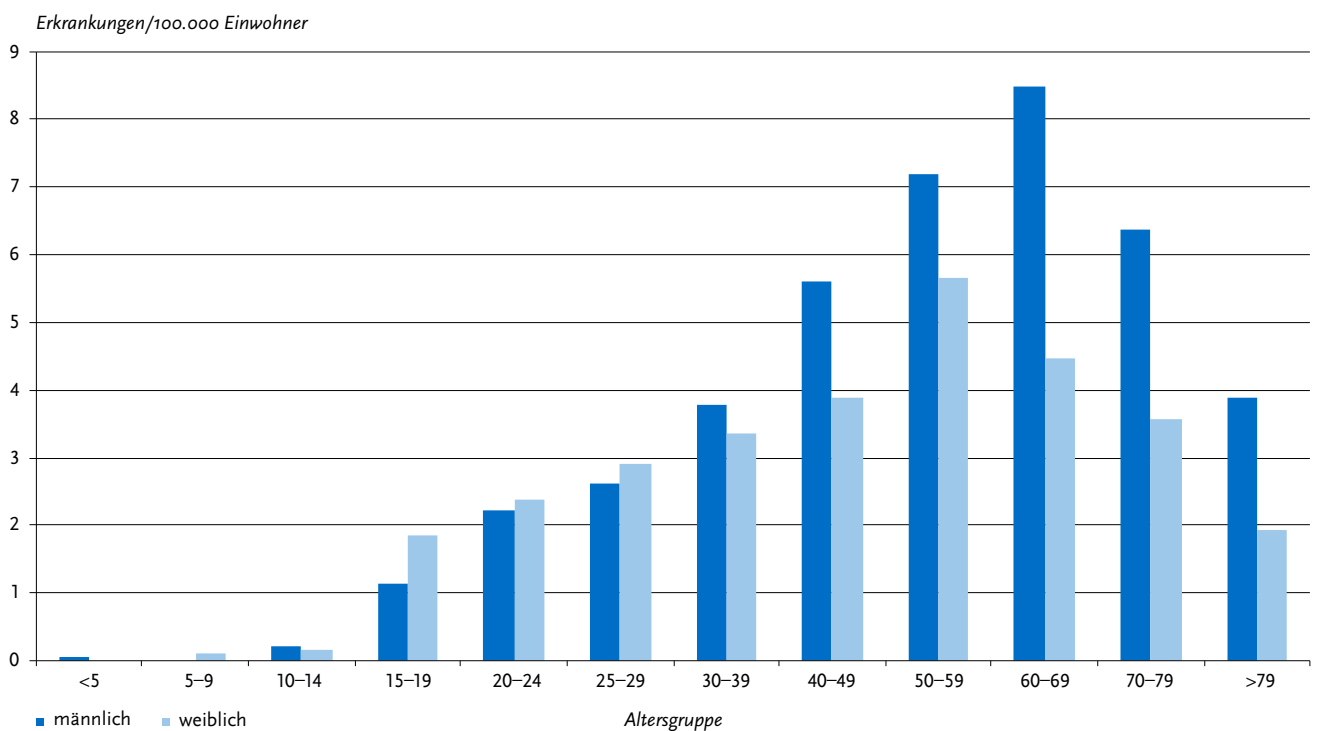


Abb. 6.27.2:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2020 (n=3.239)



1.868 Erkrankungen waren Männer (58%) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (8,5 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.27.2).

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 823 (25%) der Erkrankungen angegeben, ein leichter Rückgang im Vergleich zum Vorjahr (28%). Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 4 Todesfälle (Vorjahr: 8) übermittelt. Betroffen waren 2 Männer und 2 Frauen im Alter von 48 bis 74 Jahren.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 4 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 8 Erkrankungen übermittelt.

Datenqualität

Daten zur Inzidenz/Prävalenz der chronischen Hepatitis-E-Infektion liegen nicht vor.

Fazit

Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzteschaft und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen ist.

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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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

6.28 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2020: 2.454
- ▶ Rückgang der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 77% der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Diagnose-Inzidenzen in den Altersgruppen 25 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- ▶ Bei 90% der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon zwei Drittel bei Männern, die Sex mit Männern haben, ein Drittel bei Heterosexuellen

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) ist unbehandelt durch einen fortschreitenden Verlust der Immunabwehr gekennzeichnet. HIV führt zu einer chronischen Infektion, die lebenslang bestehen bleibt. Nach einer symptomarmen Latenzzeit, die bei Unbehandelten im Mittel 10 bis 12 Jahre dauert, treten gehäuft sogenannte opportunistische Infektionen und verschiedene Krebsarten auf, die das Vollbild des Acquired Immunodeficiency Syndrome (erworbenes Immundefektsyndrom, AIDS) kennzeichnen. Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregershaltigem 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 anti-retrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame anti-retrovirale 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.

Abb. 6.28.1:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2020

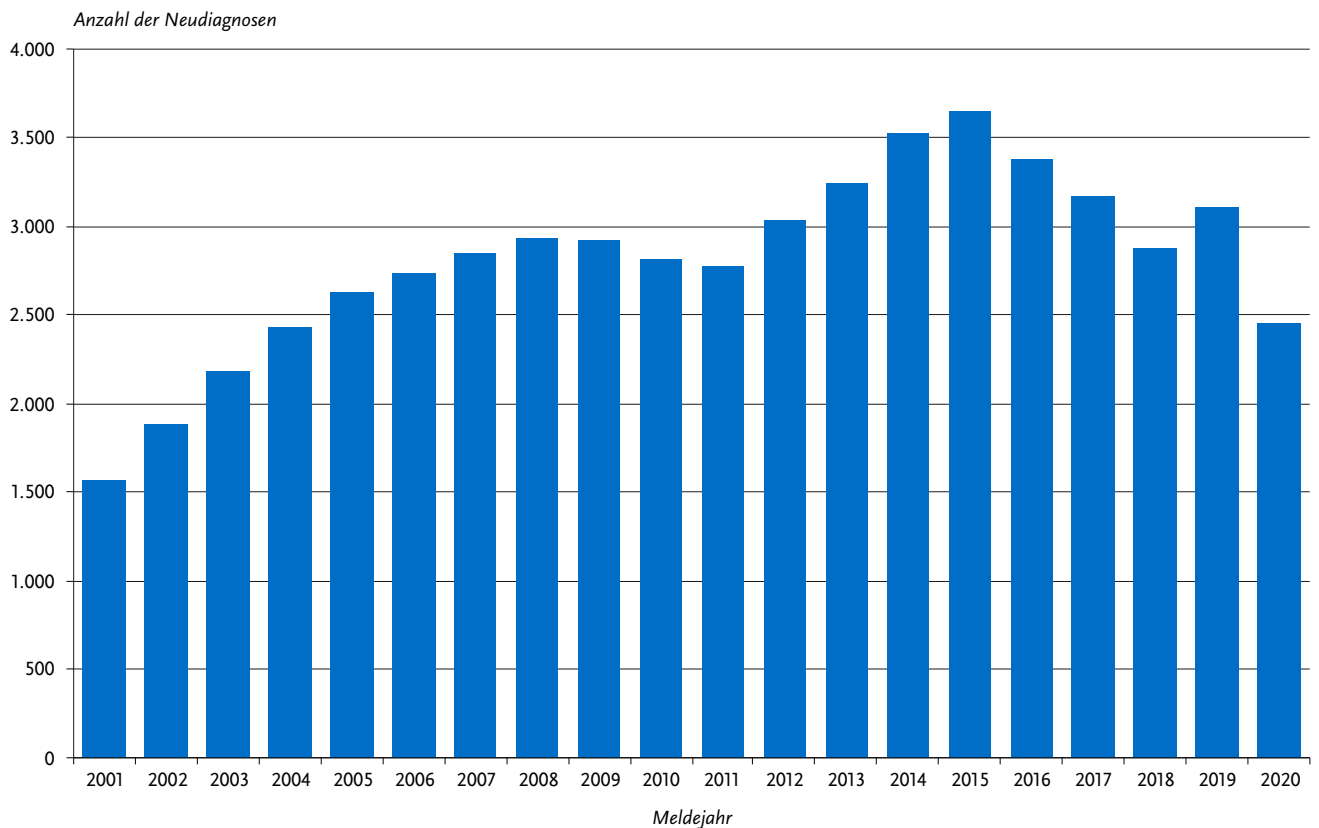
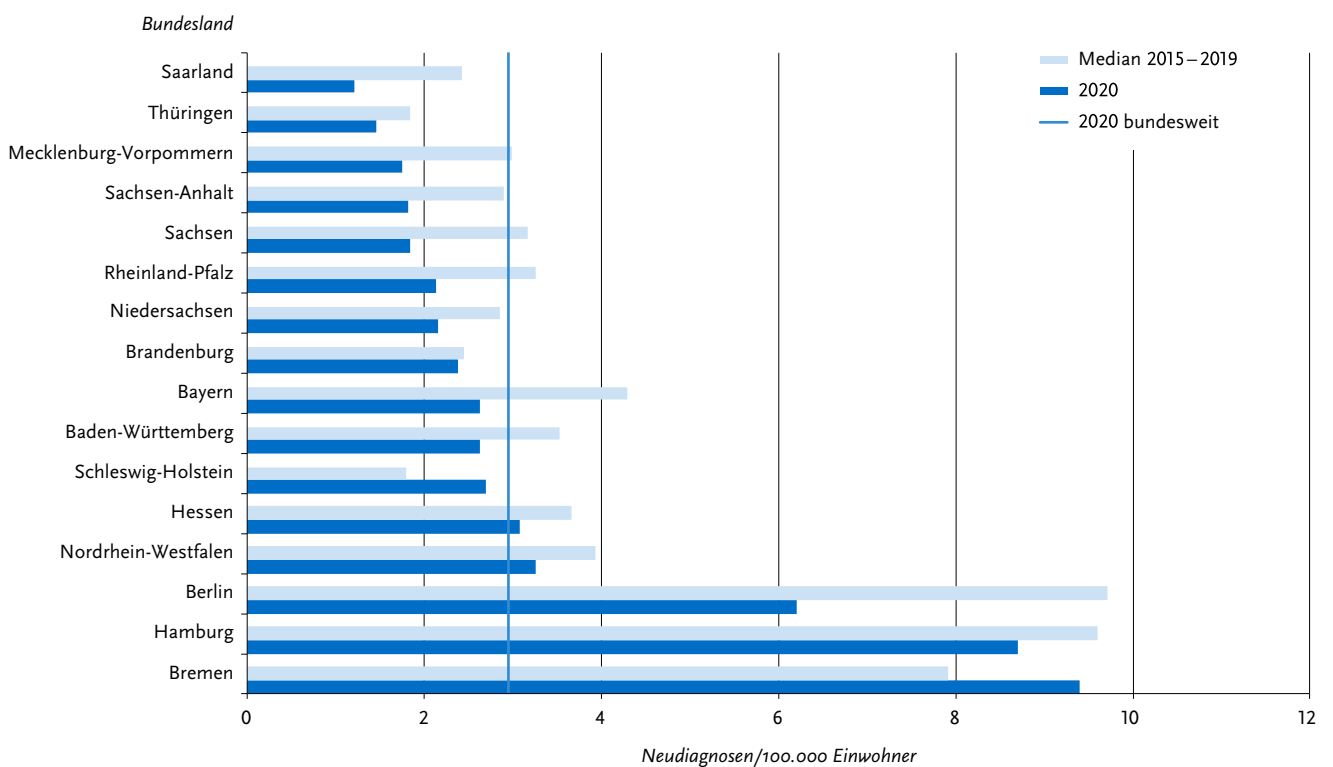


Abb. 6.28.2:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=2.454) im Vergleich mit den Vorjahren



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden dem RKI 2.454 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als Neudiagnosen identifiziert werden konnten. Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,0 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018, stieg im Jahr 2019 erneut leicht an, um im Jahr 2020 deutlich auf den niedrigsten Stand seit 2005 zurückzugehen. Gegenüber dem Vorjahr (3.111) fiel die Anzahl um 657 (21%) (s. Abb. 6.28.1).

Geografische Verteilung

Insgesamt gingen die Diagnosezahlen 2020 gegenüber dem Vorjahr deutlich zurück. Dieser Rückgang war am geringsten für Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte (725, 2019: 778), gefolgt von in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen (1.254; 2019: 1.624). Am deutlichsten zeigt sich der Rückgang bei wahrscheinlich im Ausland erworbenen HIV-Infektionen (475; 2019: 709).

Bundesweit lag die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen im Jahr 2020 bei 3,0 Fällen pro 100.000 Einwohner, ein deutlicher Rückgang gegenüber 2019 (3,7 Fälle pro 100.000 Einwohner). Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den beiden Stadtstaaten Bremen und Hamburg (9,4 bzw. 8,7 Fälle pro 100.000 Einwohner), gefolgt von Berlin (6,2) (s. Abb. 6.28.2).

Großstädte wie Köln, München, Frankfurt/Main, Wiesbaden und Düsseldorf, aber auch mittelgroße Städte wie z.B. Kassel, Kiel, Ulm und Freiburg wiesen ähnlich hohe oder sogar höhere Inzidenzen als die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.28.3). Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz nur in Bremen und Schleswig-Holstein an, in allen anderen Bundesländern ging sie zurück.

Demografische Verteilung

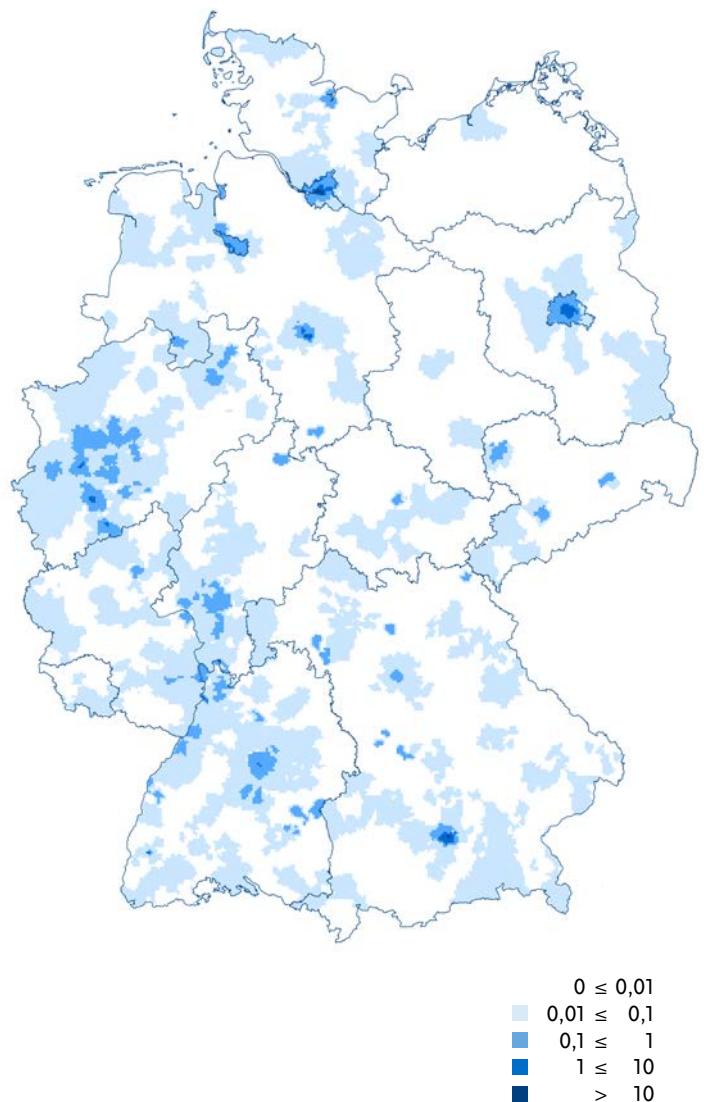
Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag bei der männlichen Bevölkerung mit 4,6 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Frauen (1,3). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (23 %) stieg gegenüber dem Vorjahr um 1 % an. Bei Männern und Frauen wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (10,6 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, 3,7 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen). In den Altersgruppen mit der nächsthöheren Inzidenz (25 bis 29 Jahre) lag die Inzidenz bei Männern bei 9,4, bei Frauen bei 3,4. Bei beiden Geschlechtern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am dritthäufigsten betroffen (Inzidenz 7,8 bei Männern, 2,3 bei Frauen), gefolgt von der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (6,1 bei Männern, 2,2 bei Frauen) (s. Abb. 6.28.4).

Mit Ausnahme der 60- bis 69-Jährigen ging die Inzidenz bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM) in 2020 im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen zurück. Die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Heterosexuellen ist ebenfalls im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen zurückgegangen.

Intravenös Drogen konsumierende Personen waren im Jahr 2020 die einzige Gruppe mit einer ansteigenden Inzidenz: diese stieg in den Altersgruppen zwischen 20 und 40 Jahre an, in den anderen Altersgruppen ging die Inzidenz zurück. Der Anstieg war insbesondere bei Drogenkonsumentinnen zu beobachten, deren Anzahl sich von 19 (2019) auf 42 (2020) mehr als verdoppelte.

Abb. 6.28.3:

Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2020 (n=2.454)



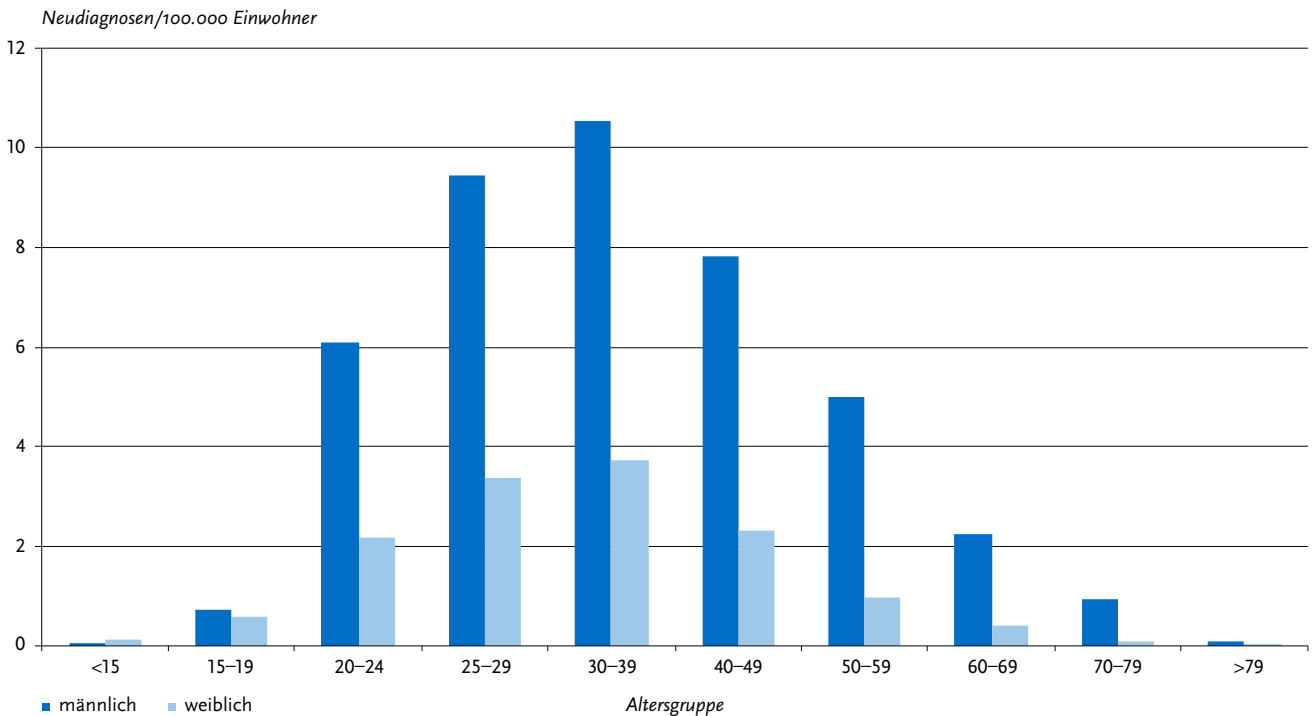
Nachgewiesene Erreger

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

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 2.113 Neudiagnosen (86 %) lagen Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 1.563 davon wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit bekanntem Herkunftsland, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, stieg von 69 % auf 72 %. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands reduzierte sich entsprechend auf 28 %. Der Anteil der Neudiagnosen mit unbekanntem Infektionsland stieg auf 30 %.

Abb. 6.28.4:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=2.438)



Für 376 von 427 (88 %) der im Jahr 2020 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 38 % aus Subsahara-Afrika, 19 % aus West- oder Zentraleuropa, 19 % aus Osteuropa oder Zentralasien, 12 % aus Lateinamerika oder der Karibik, 6 % aus der Region Asien/Pazifik, und 5 % aus dem Nahen Osten oder Nordafrika. Von den 241 im Jahr 2020 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nicht-deutscher Herkunft stammten 39 % aus West- oder Zentraleuropa, 10 % aus Osteuropa oder Zentralasien, 12 % aus Subsahara-Afrika, 11 % aus Asien/Pazifik, 14 % aus Lateinamerika oder der Karibik und 13 % aus Nordafrika oder dem Nahen Osten.

Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für 1.710 der 2.454 HIV-Neudiagnosen (70 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Neudiagnosen mit Angaben hatten sich 59 % (1.003) wahrscheinlich über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 31 % (528) über heterosexuelle Kontakte und 10 % (167) bei i.v.-Drogenkonsum. Bei 1 % (11) der Neudiagnosen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren. Fünf dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Für 988 (79 %) der 1.254 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, lagen Angaben zum Infektionsweg vor. Von diesen wurden 737 (75 %) durch gleichge-

schlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 141 (14 %) wurden heterosexuelle Kontakte und bei 105 (11 %) i. v.-Drogenkonsum als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (1.047) gesunken, die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden ist ebenfalls deutlich gesunken (Vorjahr 197), die Zahl der Infektionen durch i.v.-Drogengebrauch blieb nahezu unverändert (Vorjahr 108).

Unter den 1.254 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 241 Personen, die nicht aus Deutschland stammten. Davon hatten sich wahrscheinlich 145 (60 %) über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 42 (17 %) über heterosexuelle Kontakte und 23 (10 %) 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 2020 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=372) fehlten bei 65 (17 %) der Neudiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 187 (50 %) wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 77 (21 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern und 36 (10 %) 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 er-

kannt und einander zugeordnet werden. Die Berechnungen schließen auch länger zurückliegende Meldungen ein. Dadurch kann die Zahl der HIV-Neudiagnosen für vorhergehende Jahre von der in früheren Berichten abweichen. Neben den dargestellten 2.454 gesicherten HIV-Neudiagnosen werden dem RKI weitere HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Neudiagnosen handelt. Diese Meldungen finden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den Meldungen, die weder explizit als Neudiagnose noch als Mehrfachmeldung gekennzeichnet sind, muss noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 2.454 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen ging im Jahr 2020 deutlich zurück. Wahrscheinlich hat die COVID-19-Pandemie wesentlich zu diesem Rückgang beigetragen. Verschiedene Faktoren dürften dabei eine Rolle gespielt haben:

1. ein Rückgang der Zahl der Sexualpartner, insbesondere während des ersten Lockdowns im April/Mai 2020. Wie sich das Sexualverhalten im weiteren Verlauf des Jahres 2020 entwickelt hat ist aber derzeit weitgehend unklar.
2. ein Rückgang von Testangeboten und Testnachfrage. Derzeit liegen allerdings noch keine Zahlen zu den im Jahr 2020 durchgeführten HIV-Testen vor. Es ist anzunehmen, dass die routinemäßige Testung von Schwangeren und die Testung von symptomatischen Personen in Kliniken und Praxen nur wenig beeinträchtigt war, die Zahl der Screening-Untersuchungen bei symptomlosen Personen vermutlich stärker.
3. ein Rückgang der Mobilität sowohl zwischen verschiedenen Ländern als auch innerhalb Deutschlands. Dies dürfte vor allem zu einem Rückgang von durch Migration und Tourismus importierten Infektionen geführt haben.

Ein weiterer Faktor, der zu einem Rückgang der HIV-Neudiagnosen beigetragen haben könnte, ist die vermehrte Nutzung der HIV-Präexpositionsprophylaxe (PrEP), die seit September 2019 zu Lasten der Krankenkassen verschrieben werden kann. Mit den vorliegenden Daten sind COVID-19-Effekte und PrEP-Effekte allerdings schwer auseinanderzuhalten. Der vergleichbare Rückgang von HIV-Neudiagnosen bei MSM und bei Heterosexuellen spricht eher gegen einen starken PrEP-Effekt, weil die PrEP-Nutzung bei MSM sehr viel stärker verbreitet ist als bei Heterosexuellen, aber dies schließt vor allem lokale und regionale PrEP-Effekte nicht aus. So ist der Rückgang der HIV-Neudiagnosen in Berlin besonders ausgeprägt, wo auch der PrEP-Gebrauch am weitesten verbreitet ist.

Die absolute und prozentuale Zunahme von HIV-Neudiagnosen bei intravenös Drogen konsumierenden Personen ist schon seit 2013 zu beobachten und hat sich auch unter den Bedingungen der COVID-19-Pandemie weiter fortgesetzt.

Es ist zu befürchten, dass der Rückgang bei der HIV-Testung im Jahr 2020 zu einer steigenden Zahl noch nicht diagnostizierter HIV-Infektionen geführt haben könnte. Bei einer Normalisierung des Sexualverhaltens nach Abflauen der COVID-19-Pandemie könnte dies zu einer wieder steigenden Zahl von HIV-Neuinfektionen führen.

Literaturhinweise

- Marcus U, Beck N: *Infektionen mit dem humanen Immundefizienzvirus bei Kindern in Deutschland, 1999–2016*. Monatsschr Kinderheilkd 2020. <https://doi.org/10.1007/s00112-020-00865-4>
- Marcus U: *HIV infections and HIV testing during pregnancy, Germany, 1993 to 2016*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.1097/QAI.0000000000001519>
- 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. <https://doi.org/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-Hövenner 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.25646/6423.2>
- Marcus U, Günsenheimer-Bartmeyer B, Kollan C, Bremer V: *HIV-Jahresbericht 2017/2018*. Epid Bull 2019; 46:493–501. <https://doi.org/10.25646/6411>
- an der Heiden M, Marcus U, Kollan C, et al.: *Schätzung der Zahl der HIV-Neuinfektionen im Jahr 2019 und der Gesamtzahl von Menschen, die Ende 2019 mit HIV in Deutschland leben, Stand Ende 2019*. Epid Bull 2020; 48:3–16. <https://doi.org/10.25646/7213>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.29 HUS (Hämolysisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 60
- ▶ 89 % der Erkrankungen in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Ausbruchserkennung durch Nicht-Bestimmung oder Nicht-Übermittlung von Erreger-Serogruppen erschwert

Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolysisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.16) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.54) 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 komplementvermitteltes HUS, das in erster Linie auf genetischen Störungen der Komplementregulation beruht und vom enteropathischen HUS abzugrenzen ist.

Falldefinition

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. 6.29.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 60 HUS-Erkrankungen übermittelt. Dies liegt deutlich unter der Fallzahl des Vorjahres ($n=73$) und auch unter dem Median der Jahre 2015 bis 2019 ($n=71$). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen ($n=38$; 63 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.29.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,07 (2019: 0,09) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Mit Abstand die meisten Fälle

wurden aus Bayern (19 Fälle; 0,14 Erkr./100.000 Einw.) übermittelt, gefolgt von den übrigen bevölkerungsreichen Bundesländern Nordrhein-Westfalen (8; 0,04), Baden-Württemberg (6; 0,05) und Niedersachsen (5; 0,06). Aus 3 Bundesländern (dem Saarland, Sachsen-Anhalt, Thüringen) wurden keine Erkrankungen übermittelt. Die übrigen Bundesländer übermittelten jeweils ein bis 4 Fälle. Die höchste Inzidenz wurde in Hamburg verzeichnet (4 Fälle; 0,22 Erkr./100.000 Einw.). Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 47 Erkrankungen wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Deutschland wurde 42-mal genannt (89 % der Nennungen). Je einmal wurden Bosnien und Herzegowina, Frankreich, Italien, Österreich und Ägypten genannt.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 1,0 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 41 (68 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 8 HUS-Erkrankungen (13 %) bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 11 HUS-Erkrankungen (18 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. In der Altersgruppe der < 15-Jährigen war das Geschlechterverhältnis ausgeglichen (23 Mädchen, 25 Jungen, 1 Fall ohne Angabe des Geschlechts), während von den 11 erkrankten Personen in der Altersgruppe ab 15 Jahren 9 weiblich waren (s. Abb. 6.29.2).

Nachgewiesene Erreger

Bei 49 Erkrankungen (82 %; 2019: 74 %) lag ein vollständiger labordiagnostischer Nachweis einer EHEC-Infektion vor. Darüber hinaus wurden bei weiteren 2 Erkrankungen nähere Angaben zum Erreger gemacht. Bei insgesamt 24 Erkrankungen (47 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Wie im Vorjahr wurde die Serogruppe O157 am häufigsten angegeben (10-mal). Je 3-mal wurden die Serogruppen O26, O111 und O145, je einmal O8, O80, O114, O172 und Ont (nicht typisierbar) angegeben.

Klinische Aspekte

Es wurden 3 HUS-bedingte Todesfälle übermittelt. Es handelte sich um einen Mann und 2 Frauen im Alter von 67, 75 und 89 Jahren. Die Serogruppe des Erregers wurde bei den übermittelten Todesfällen nicht angegeben.

Tab. 6.29.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	13	18 %	10	17 %
klinisch-epidemiologisch (B)	6	8 %	1	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	55	74 %	49	82 %
alle	74	100 %	60	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	73	99 %	60	100 %

Abb. 6.29.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020

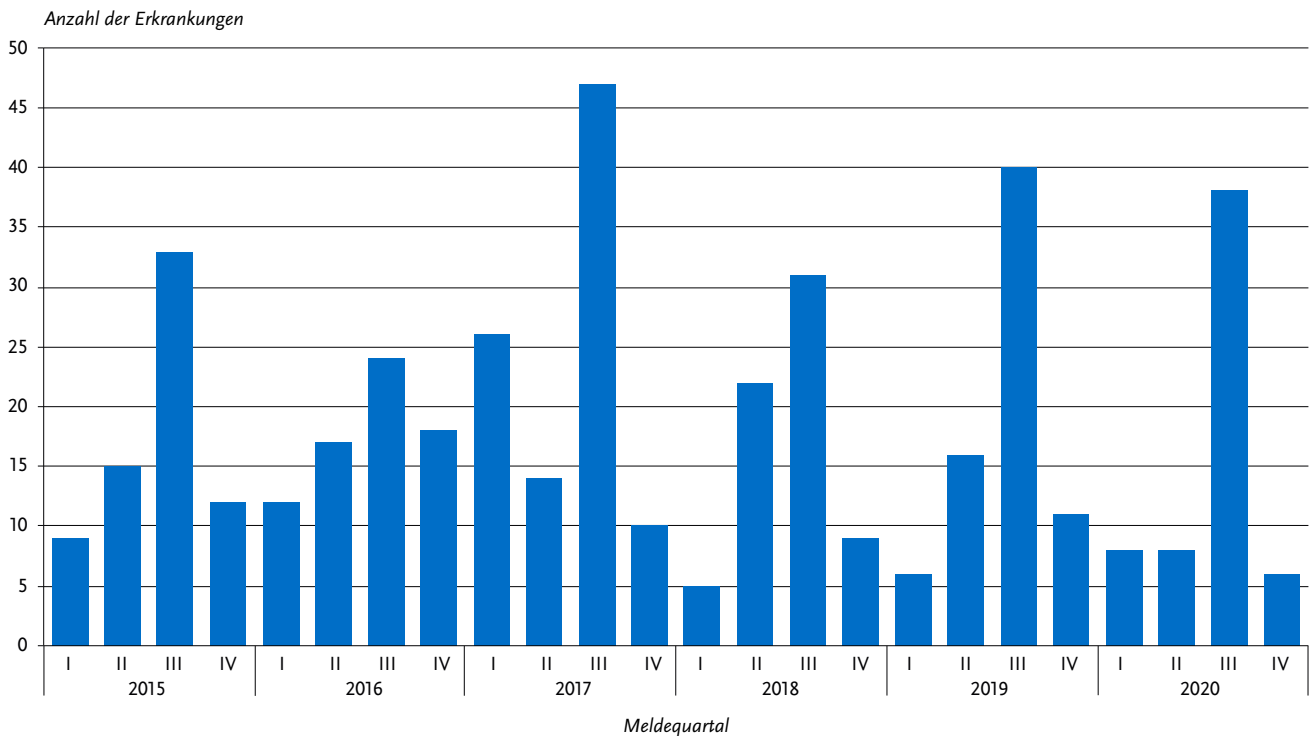
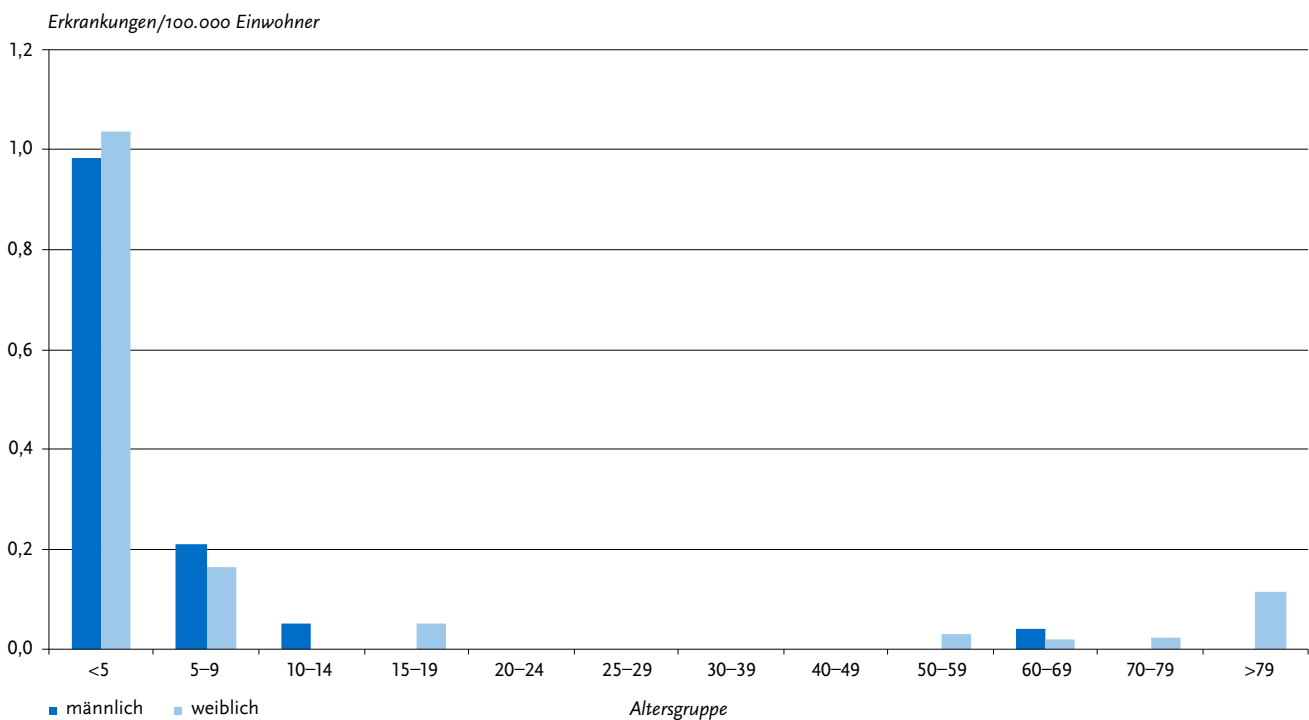


Abb. 6.29.2:
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=59)



Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 3 Ausbrüche mit insgesamt 8 Erkrankungen (3 HUS-Erkrankungen und 5 EHEC-Enteritiden) übermittelt. Die Ausbrüche umfassten jeweils einen HUS-Fall und ein bis 2 Fälle mit EHEC-Enteritis. Alle 3 Ausbrüche ereigneten sich in privaten Haushalten. Bei einem Ausbruch mit 3 Erkrankungen (2 Erwachsene, ein Kind) wurde rohe Eselsmilch, die während eines Familienurlaubs in Frankreich getrunken wurde, als Infektionsquelle verdächtigt. Bei einem Ausbruch mit 3 erkrankten Geschwistern hatte der erste Fall Kontakt zu Schafen; die beiden Geschwister steckten sich vermutlich per Schmierinfektion innerhalb der Familie an. Zu dem dritten Ausbruch mit 2 erkrankten Geschwistern wurden keine Angaben zum Infektionsweg übermittelt.

Aufgrund gehäufte Übermittlungen von HUS-Fällen im August 2020 hat sich das RKI aktiv um Einsendung von EHEC-Isolaten an das NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger oder an das KL für HUS bemüht. Die Feintypisierung der EHEC-Stämme inklusive Ganzgenomsequenzierung zeigte, dass es keine enge Verwandtschaft zwischen Stämmen verschiedener HUS-Fälle gab. Ein Ausbruchsgeschehen durch eine gemeinsame Infektionsquelle konnte dadurch ausgeschlossen werden.

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-Fällen entsprechende Übermittlungen im Meldesystem.

Fazit

Der Rückgang übermittelter HUS-Erkrankungen von 72 Fällen im Jahr 2019 auf 60 Fälle liegt am Rückgang der im Ausland erworbenen Erkrankungen, während die Zahl der in Deutschland erworbenen Erkrankungen mit 42 Fällen (2019: 41 Fälle) nahezu konstant blieb. Der Anteil der Fälle mit Angabe eines labordiagnostischen Nachweises einer EHEC-Infektion stieg von 74 % auf 82 %. Allerdings wurde, wie im Vorjahr, nur bei etwa der Hälfte der EHEC-Nachweise eine Serogruppe übermittelt. In Einzelfällen wurden Serogruppen im Freitext angegeben, was im Rahmen dieser Auswertung nicht berücksichtigt werden konnte. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

- Vygen-Bonnet S, Rosner B, Wilking H, et al.: *Ongoing haemolytic uraemic syndrome (HUS) outbreak caused by sorbitol-fermenting (SF) Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) O157, Germany, December 2016 to May 2017*. Euro Surveill 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.21.30541>
- Szk-Leitlinie Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter (in Überarbeitung). <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/Anmeldung/1/1/166-002.html>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6414>

6.30 Influenza

Saisonale Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 194.726
- ▶ Dominantes Virus: Influenza A, mit Influenza A(H1N1)pdm09 und Influenza A(H3N2) zu gleichen Teilen
- ▶ Moderater Verlauf der Grippewelle
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern bis 4 Jahren
- ▶ Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 3.458 Ausbrüche mit 16.252 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 2020 wurden von den Gesundheitsämtern 194.726 Influenza-Fälle übermittelt, welche alle der Referenzdefinition entsprachen (s. Tab. 6.30.1). 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 Falldefinitions-kategorien D und E (und damit auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle) erweitert (zuvor ausschließlich B und C), zum anderen wurden die klinischen Kriterien akuter Krankheitsbeginn, Fieber, Muskel-, Glieder-, Rücken- oder Kopfschmerzen und Husten zu einem

Kriterium »grippetypische Symptome« zusammengefasst. Die nachfolgende Auswertung für das Jahr 2020 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

Zeitlicher Verlauf

Regulär wird für die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs der Influenza in Influenzasaison und Influenzawelle unterschieden. In das Jahr 2020 fallen das Ende der Saison 2019/20 und der Beginn der Saison 2020/21. Die Influenzasaison 2019/20 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2019 und endete mit der 20. MW 2020. Die Grippewelle begann gemäß der Definition der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI in der 2. MW 2020 und endete mit der 12. MW 2020 und fiel damit vollständig in das Jahr 2020. Die Grippewelle der Saison 2019/2020 war mit 11 Wochen kürzer als in den letzten 5 Saisons (13–15 Wochen). Bundesweit erreichten die übermittelten Fälle 2020 in der 10. MW mit 27.037 Fällen ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.30.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Fälle für das Jahr 2020 betrug 234 Infektionen pro 100.000 Einwohner, und war damit ähnlich hoch der Inzidenz des Vorjahres (233).

Von der 40. MW 2020 an wurden 281 Influenza-Fälle an das RKI übermittelt, die zur Grippesaison 2020/21 gerechnet werden und in das Jahr 2020 fallen.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Infektionen 2020 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (insgesamt 720 Fälle/100.000 Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel sowohl bei Jungen (899/100.000) als auch bei Mädchen (824/100.000) im Alter von 3 Jahren (s. Abb. 6.30.2). 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 im Kindes- und Jugendalter bei Jungen größer als bei Mädchen war, kehrte sich dieser Parameter im Erwachsenenalter um: In der Bevölkerung zwischen 20 und 69 Jahren war die Inzidenz bei Frauen stets höher als bei Männern. Erst ab der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen wendete sich dieser Trend und Männer waren erneut stärker betroffen. Insgesamt war die Inzidenz der Influenza-Infektionen im Jahr 2020 bei beiden Geschlechtern gleich hoch (230/100.000).

Der Altersmedian aller übermittelten Influenza-Fälle des Jahres 2020 lag bei 31 Jahren und war damit bedeutend niedriger als in den beiden Vorjahren 2019 (40 Jahre) und 2018 (45 Jahre). Zum einen wurden deutlich mehr Fälle im Alter zwischen 0 und 19 Jahren übermittelt, wobei insbesondere die Altersgruppen der

5- bis 9-Jährigen (593 Fälle/100.000 Personen), 10- bis 14-Jährigen (359/100.000) und 15- bis 19-Jährigen (301/100.000) im Vergleich zum Vorjahr deutlich stärker betroffen waren. Zum anderen wurden im Jahr 2020 weniger Fälle im Alter zwischen 50 und 79 übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Die beim Menschen relevanten Virustypen werden mit den Buchstaben A und B bezeichnet. Hierbei wird der Typ A in Subtypen unterteilt, die nach den Oberflächenproteinen Hämagglutinin (H) und Neuraminidase (N) benannt werden, wie zum Beispiel A(H3N2). Influenza-B-Viren werden dagegen in 2 sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- und Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Es wird jeweils ein Influenza-Impfstoff mit A(H3N2)-, A(H1N1)- und B-Komponente verwendet (trivalenter Influenza-Impfstoff). Seit der Saison 2013/14 sind auch quadrivalente Impfstoffe mit einer zusätzlichen B-Virus-Variante in Deutschland verfügbar, sodass jeweils eine Komponente für die Yamagata- und eine Komponente für die Victoria-Linie enthalten sind.

Von den 194.726 übermittelten Fällen des Meldejahres 2020 wurde der Erreger bei 187.464 Fällen näher charakterisiert. Darunter fielen 186.665 in den Zeitraum der 1. bis 22. Meldewochen 2020 und damit in die Saison 2019/20. Unter diesen wurde für 162.207 Fälle (86,9 %) eine Infektion mit Influenza A und für 23.003 Fälle (12 %) eine Infektion mit Influenza B angegeben. Ein geringer Anteil der Fälle ($n=1.444$; 0,8 %) wurde als »Influenza A/B, nicht näher differenziert« übermittelt. Unter den 13.098 gemeldeten Influenza-A-Infektionen der Saison 2019/20 mit bekanntem Subtyp dominierte der Subtyp A(H1N1)pdm09 ($n=10.034$, 77 %) deutlich vor Influenza A(H3N2) mit 19 % ($n=2.554$). 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. Auch im Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) wurden für die (gesamte) Saison 2019/20 hauptsächlich Influenza-A-Viren nachgewiesen. Im Gegensatz zu den Meldedaten wurde hier jedoch Influenza A(H3N2) mit 45 % und Influenza A(H1N1)pdm09 mit 41 % in ähnlichem Umfang gemessen. Im Unterschied zur Vorsaison wurde auch Influenza B (Victoria-Linie) mit 14 % detektiert.

Tab. 6.30.1:
Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6.979	4 %	7.682	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	136.986	71 %	137.515	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6.892	4 %	5.512	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	43.049	22 %	44.017	23 %
alle	193.906	100 %	194.726	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	193.906	100 %	194.726	100 %

Klinische Aspekte

Im Jahr 2020 war der Anteil von hospitalisierten Patienten an allen übermittelten Fällen mit 21 % wesentlich niedriger als im Vorjahr (28 %). Wie bereits in den Vorjahren, wurden insbesondere Kinder unter 5 Jahren (26 %) und Erwachsene ab 60 Jahren (60 bis 69 Jahre: 34 %, ab 70 Jahre: 63 %) hospitalisiert. Jugendliche und Erwachsene jungen und mittleren Alters wurden dagegen zu einem geringeren Anteil stationär aufgenommen (zwischen 10 % bei 10- bis 14-Jährigen bis zu 17 % bei 50- bis 59-Jährigen).

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 verlaufen. 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 2020 wurden insgesamt 556 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt und damit trotz in etwa gleichbleibender Fallzahl wesentlich weniger als im Vorjahr (1.010). Von den übermittelten Todesfällen wurden 543 (98 %) mit einem Todeszeitpunkt zwischen der 1. bis 22. MW 2020 (Saison 2019/20) übermittelt.

Unter den 556 Fällen des Jahres 2020 wurde für 370 Fälle angegeben, dass die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe. In dieser Gruppe lag der Altersmedian der Verstorbenen bei 80 Jahren und damit ähnlich zum Vorjahr (79 Jahre). Fast drei Viertel (73 %, 270 Fälle) waren 70 Jahre oder älter, 12 % (45 Fälle) fielen auf die Gruppe zwischen 60–69 Jahre, 11 % (39) auf die Gruppe zwischen 40 und 59 Jahren und 4 % (16) der Verstorbenen waren 39 Jahre oder jünger.

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 Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Seit dem Jahr 2018 empfiehlt die STIKO einen quadrivalenten Impfstoff (Vierfach-Impfstoff) als Standardimpfung für alle Personen ab 60 Jahren bzw. mit entsprechender Indikation empfohlen. 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.

Abb. 6.30.1:
Übermittelte Influenza-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2020

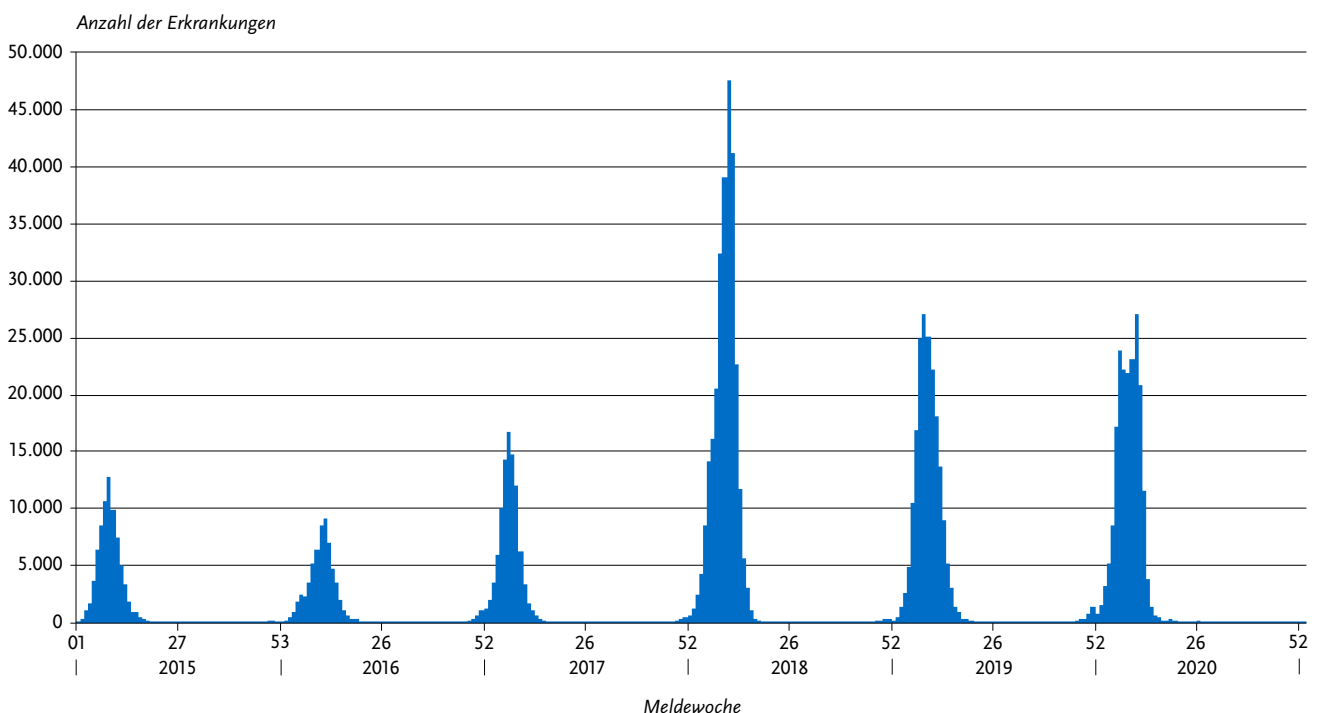
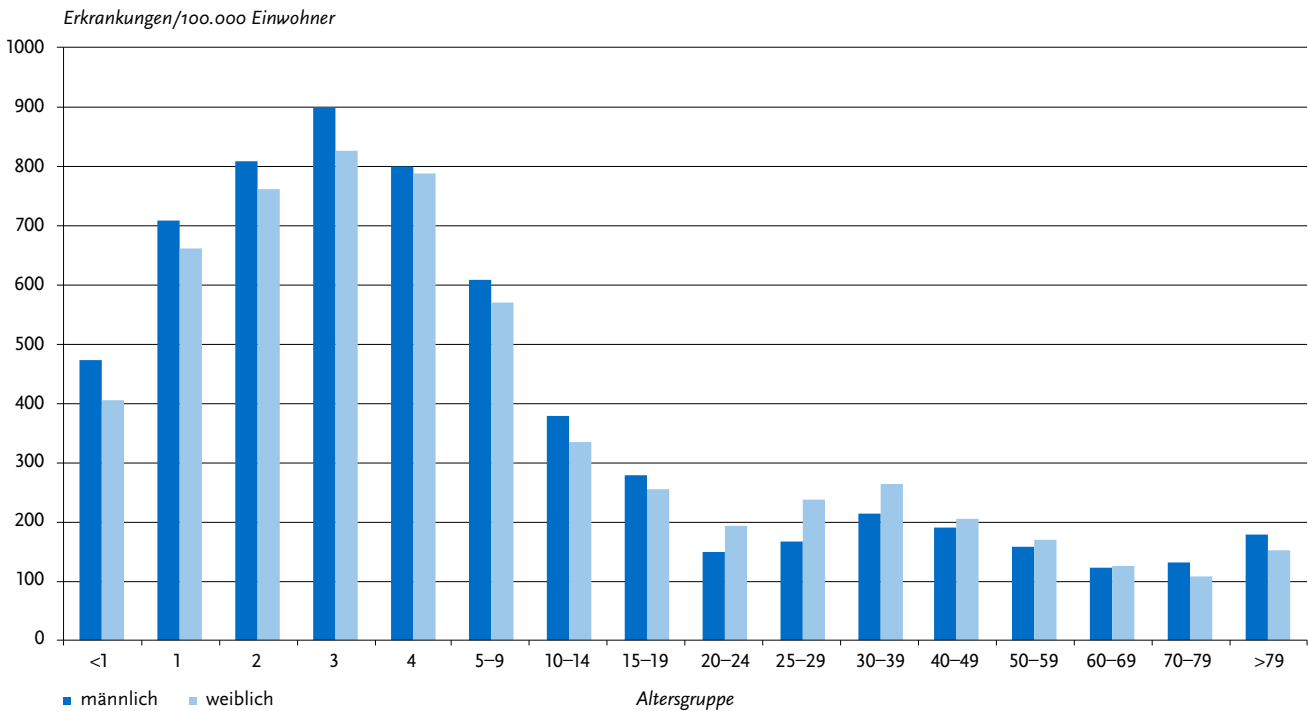


Abb. 6.30.2:
Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=191.024)



Für die Saison 2019/20 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- ▶ A/Brisbane/02/2018 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus;
- ▶ A/Kansas/14/2017 (H3N2)-ähnliches Virus;
- ▶ B/Colorado/06/2017-ähnliches Virus der B/Victoria-Linie;
- ▶ B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus der B/Yamagata-Linie.

Von den insgesamt 197.726 für das Jahr 2020 übermittelten Influenza-Fällen waren 105.002 labordiagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. MW 2020. Bei 73.594 Fällen (70 %) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 69.296 (94 %) als nicht geimpft und 4.298 (6 %) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.30.3).

Um den Impfschutz bewerten zu können, müssen zusätzlich zum Impfstatus noch Angaben zum Datum der Impfung und zum Datum des Beginns der Erkrankung vorliegen. Für Kinder unter 9 Jahren, die zum ersten Mal eine saisonale Influenza-Impfung erhalten, wird in den Fachinformationen der Impfstoffe eine zweimalige Grippeimpfung empfohlen. Da seit Januar 2016 die Anzahl der Impfungen nicht mehr erfasst wird, kann nicht festgestellt werden, wie viele der Kinder unter 9 Jahren zweimal geimpft wurden. Daher ist für 291 Influenza-Fälle mit Angaben zum Impfstatus in dieser Altersgruppe keine Aussage zur Vollständigkeit der Impfung möglich und sie können nicht zur Bewertung des Impfschutzes herangezogen werden. Für die Bewertung des Impfschutzes wurden deshalb im Folgenden Personen ab dem Alter von 9 Jahren berücksichtigt, die zwischen dem 01.07.2019 und 30.06.2020 eine saisonale Impfung für die Saison 2019/20 erhalten haben und mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. MW übermittelt wurden (n=3.157). Bei Personen ab 9 Jahren hingegen wird ein

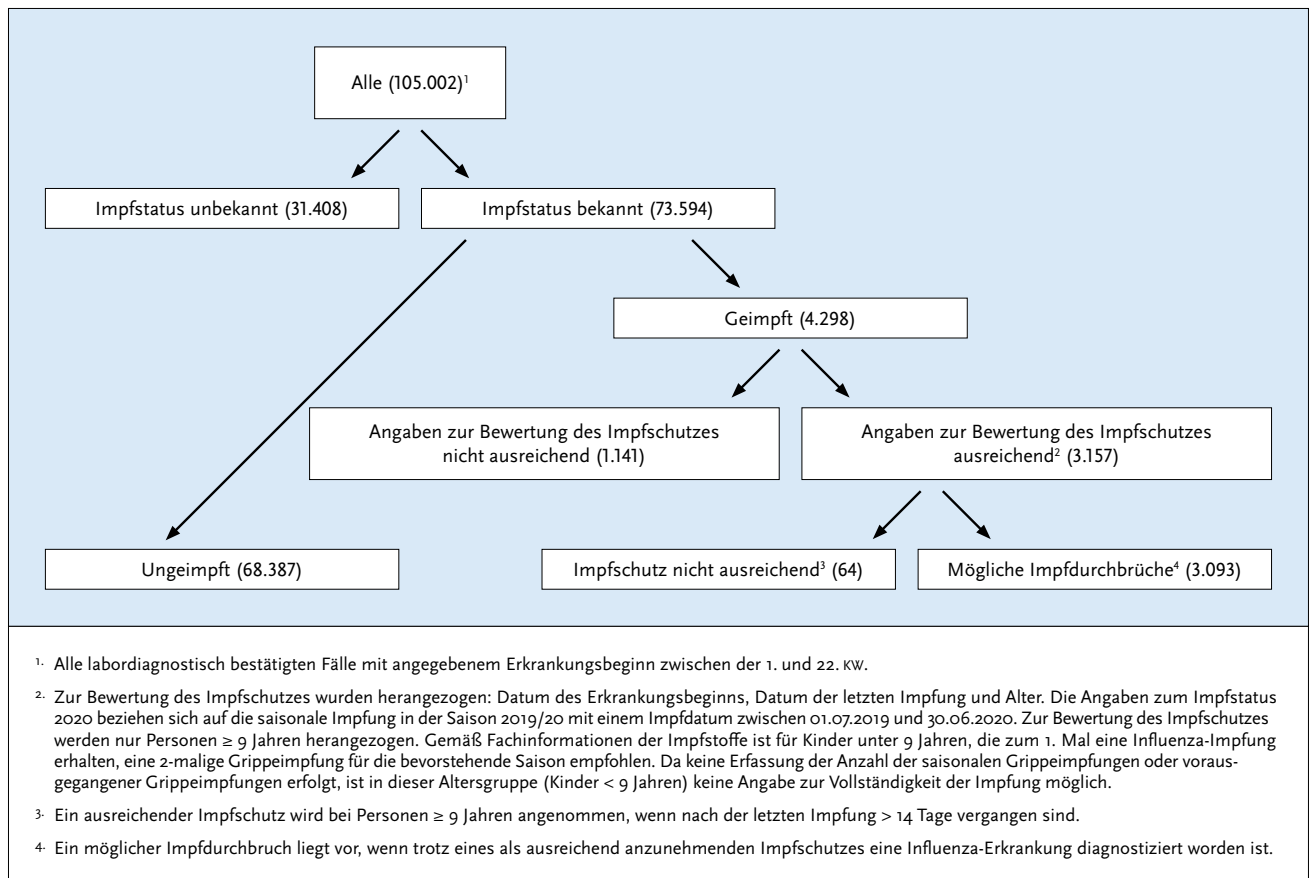
ausreichender Impfschutz bereits nach einer Impfdosis und nach 14 Tage nach der Impfung angenommen. Diese Kriterien trafen auf 3.093 der übermittelten Fälle zu und sie müssen somit als mögliche Impfdurchbrüche gewertet werden.

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 geschätzte Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza-Erkrankung basiert auf den Daten der virologischen Surveillance der AGI. Insgesamt wurde für die Saison 2019/20 mit 62 % (95 %-Konfidenzintervall: 44 bis 73 %) eine zu den Vorsaisons vergleichsweise hohe Wirksamkeit des Impfstoffes geschätzt. Der Effekt wurde dabei für Geschlecht, Altersgruppe, Vorliegen einer Grunderkrankung und Erkrankungswoche adjustiert. Die Punktschätzwerte für die Altersgruppen bis 14 Jahre (69 %; 95 %-KI: 33 % – 85 %), 15–59 Jahre (70 %; 95 %-KI: 43 % – 84 %) und 60 Jahre und älter (43 %; 95 %-KI: 6 % – 69 %) deuten auf eine abnehmende Wirksamkeit der Impfung mit zunehmendem Alter hin, die Konfidenzintervalle sind aber aufgrund der kleinen Zahlen in den einzelnen Altersgruppen sehr groß und überschneiden sich größtenteils. Mit Blick auf die Subtypen war die Impfung gegen jeden der 3 zirkulierenden Influenzatyphen wirksam.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 3.458 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 16.252 Fällen übermittelt. Im Median waren pro Ausbruch zwei

Abb. 6.30.3:
Labordiagnostisch bestätigte Influenza-Fälle nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=105.002)



Fälle beteiligt. Mit 9.245 Fällen (57%) stammte etwas mehr als die Hälfte der Ausbruchsfälle von größeren Ausbrüchen mit jeweils mindestens 5 Fällen. Von den übermittelten Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet wurden, war für 15.496 Fälle das Alter bekannt und reichte von 0 bis 117 Jahren. Der Altersmedian lag bei 10 Jahren und damit deutlich unter dem Altersmedian aller Fälle (31 Jahre, s. o.). Insgesamt 58% aller Ausbruchsfälle waren 0 bis 17 Jahre alt und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bildeten 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. Insgesamt waren 1.673 (10%) der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt. Aus dieser Gruppe wurden 919 Fälle hospitalisiert (64%) und 46 Personen (3%) verstarben. Im Vergleich zum Vorjahr (42% aller Ausbruchsfälle im Kindesalter, 18% aller Ausbruchsfälle über 69 Jahren) wurden im Jahr 2020 mehr Ausbruchsfälle in den jüngeren und jüngsten Altersgruppen übermittelt.

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza-Infektionen an den labordiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippeperiode 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 nur bedingt.

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 übermit-

telt 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 geographische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinel-surveillance 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 2019/20 wurde nach Auswertungen der AGI als moderat eingestuft.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2019/20 spiegeln einen moderaten Verlauf der Grippewelle wider. Mit einer Dauer von insgesamt 11 Wochen verlief die Grippewelle im Jahr 2020 im Vergleich zu vorangegangenen Saisons kürzer. Dies wird vor allem auf die bundesweiten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie in Deutschland zurückgeführt, die auch eine Übertragung anderer respiratorisch übertragbarer Erreger verhindert haben könnte.

Der Erkrankungsgipfel lag im beobachteten Zeitraum erneut bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren. Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil von Kindern und Jugendlichen sowohl unter allen übermittelten Influenza-Fällen als auch bei der Beteiligung an Ausbruchsgeschehen deutlich gestiegen. Insgesamt sank dadurch das mediane Alter aller übermittelten Fälle auf 31. In der Saison 2019/20 wurden neben Influenza-A-Viren auch Influenza-B-Viren nachgewiesen. Dabei zirkulierten die Subtypen Influenza A(H1N1)pdm09 und Influenza A(H3N2) zu gleichen Teilen. Im Vergleich zur Vorjahressaison wurde ein niedrigerer Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenza-Erkrankungen verzeichnet (21%). Insbesondere wurden Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren und Erwachsene ab 60 Jahren hospitalisiert.

Insgesamt wurden 556 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, darunter waren wie in den Vorjahren die meisten Fälle älter als 69 Jahre.

Insgesamt wurde der diesjährige Impfstoff als hoch wirksam gegen laborbestätigte Influenza-Erkrankungen der drei zirkulierenden Subtypen geschätzt. Impfdurchbrüche wurden mehrheitlich in der Altersgruppe der ab 60-Jährigen verzeichnet.

Literaturhinweise

- WHO: *Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2019 – 2020 northern hemisphere influenza season* (updated on 21 March 2019). https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/recommendations/201902_recommendation.pdf?ua=1
- Buda S, Preuß U, Wedde M, Dürrwald R: *Wirksamkeit der saisonalen Influenzaimpfung bei ambulant behandelten Patienten in der Saison 2019/20 in Deutschland*. *Epid Bull* 2020; 45:3–6. <https://doi.org/10.25646/7159>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2020/2021*. *Epid Bull* 2020;34:1–68. <https://doi.org/10.25646/7083>
- STIKO: *Bestätigung der aktuellen Empfehlungen zur saisonalen Influenza-impfung für die Influenzasaison 2020/21 in Anbetracht der Auswirkungen der COVID-19-Pandemie*. *Epid Bull* 2020; 32/33:28–30. <https://doi.org/10.25646/7040>
- Goerlitz L, Dürrwald R, an der Heiden M, et al.: *Erste Ergebnisse zum Verlauf der Grippewelle in der Saison 2019/20: Mit 11 Wochen vergleichsweise kürzere Dauer und eine moderate Anzahl an Influenza-bedingten Arztbesuchen*. *Epid Bull* 2020; 16:3–6. <https://doi.org/10.25646/6674>

- Buchholz U, Buda S, Prahm K: *Abrupter Rückgang der Raten an Atemwegserkrankungen in der deutschen Bevölkerung*. *Epid Bull* 2020; 16:7–9. <https://doi.org/10.25646/6636>
- 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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-046>
- 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. 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. In Russland wurden humane Fälle mit aviärer Influenza A(H5N8), die im Jahr 2020 infiziert worden waren, weltweit erstmals berichtet. Zoonotische Übertragungen von porcinen Influenzaviren auf den Menschen sind in verschiedenen Ländern identifiziert worden. In Jahr 2020 wurde in Deutschland eine humane Infektion mit einem porcinen Influenzavirus als Influenza-A(H1N1)v-Fall identifiziert.

Aviäre Influenza A(H5N1)

Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel) hoch pathogenen aviären Influenza (HPAI) 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. Es ist allerdings wahrscheinlich, dass vereinzelt Übertragungen von Mensch zu Mensch stattgefunden haben.

Im Jahr 2020 wurde ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H5N1) aus Laos an die WHO berichtet. Die WHO bestätigte, dass seit 2003 bei 862 Personen aus 17 Ländern aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen wurde und davon 53% (455 Fälle) verstarben (Datenstand: 29.01.2021).

Aviäre Influenza A(H7N9)

Im April 2013 wurde in China bei Geflügel 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. Im Februar 2017 wurde erstmals von Nachweisen eines neuen Influenza-A(H7N9)-Virus in China berichtet, das für Geflügel hochpatho-

gen ist. In der Saison 2016/17 wurden 25 humane Fälle mit dem HPAI A(H7N9)-Virus in China identifiziert. Unterschiede in der Krankheitsschwere der humanen Fälle zwischen niedrig und hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Viren wurden bisher nicht gezeigt. Das Risiko einer Übertragung zwischen Menschen wird als gering bewertet.

Im Jahr 2020 wurden keine humanen Fälle mit aviärer Influenza A(H7N9) gemeldet. Seit 2013 wurden der WHO insgesamt 1.568 humane Fälle gemeldet, darunter 616 (39 %) Todesfälle (Datenstand: 16.04.2021).

Aviäre Influenza A(H5N6)

Im Jahr 2020 wurden 2 humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) Influenza A(H5N6) in China gemeldet. Seit 2014 wurden insgesamt 31 humane Fälle identifiziert, darunter 8 (26 %) Todesfälle (Datenstand: 16.04.2021).

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

Im Jahr 2020 wurden von China 13 humane Fälle, von Senegal ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H9N2) gemeldet. Seit Dezember 2015 wurden insgesamt 54 humane Fälle an die WHO berichtet (Datenstand: 16.04.2021).

Aviäre Influenza A(H5N8)

Im Februar 2021 wurden von Russland 7 humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) Influenza A(H5N8) gemeldet. Dies ist der erste gemeldete Nachweis von humanen Fällen mit Infektion durch diesen Subtyp der aviären Influenza. Die Fälle waren Arbeiter in einem großen Geflügelbetrieb. Sie haben sich im Dezember 2020 während eines Ausbruchs von HPAI A(H5N8) beim Geflügel in diesem Betrieb, wahrscheinlich nach einer starken Exposition, infiziert. Übertragungen von Mensch zu Mensch wurden nicht beobachtet. Die Infektion verlief bei diesen Fällen asymptomatisch oder sehr mild.

Porcine Influenza

Die in Schweinen nachgewiesenen Influenza-A-Viren (porcine Viren) gehören zu den gleichen Subtypen, die auch bei Menschen zirkulieren. Um deutlich zu machen, dass ein Mensch mit einem porcinen Virus infiziert wurde, werden Schweine-Influenzaviren aus menschlichen Proben mit dem Kürzel »v« für Variante gekennzeichnet: A(H1N1)v, A(H1N2)v, A(H3N2)v. Die Krankheitsschwere ist oft mit einer saisonalen Grippeerkrankung vergleichbar.

Seit den 1950er Jahren wurden weltweit mehr als 500 Fälle von porciner Influenza bei Menschen registriert, der Großteil davon seit 2005 in den USA. Viele der Patienten hatten Kontakt zu Schweinen.

Im Jahr 2020 wurden jeweils 2 Influenza-A(H1N1)v-Fälle in den Niederlanden und in China, ein Influenza-A(H1N1)v-Fall in Deutschland, 2 Influenza-A(H1N2)v-Fälle in Brasilien, ein Influenza-A(H1N2)v-Fall in Kanada und ein Influenza-A(H3N2)v-Fall in den USA berichtet. Im Januar 2021 wurden 5 Influenza-A(H1N1)v-Fälle in China und ein A(H3N2)v-Fall in den USA gemeldet (Datenstand: 29.01.2021).

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. Ein Influenza-A(H1N1)v-Fall (IC.2.2 H1N1) wurde im Juni 2020 vom Nationalen Referenzzentrum für Influenza bestätigt und im Juli 2020 der WHO gemeldet. Die Infektion wurde bei einem 2-jährigen Jungen festgestellt, der am 9. Juni 2020 eine Influenza-typische Symptomatik entwickelte. Er hatte zwei Tage vor Krankheitsbeginn engen Kontakt zu Schweinen in einem landwirtschaftlichen Betrieb mit Schweinehaltung gehabt. Der Krankheitsverlauf war mild.

Literaturhinweise

- EFSA, ECDC, EURL, et al. (2021): *Scientific report: Avian influenza overview February– May 2021*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/avian-influenza-overview-february-may-2021>
- WHO (2021): *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface*. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary>
- WHO (2021): *Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO*. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary>
- WHO Western Pacific Region (2021): *Avian Influenza Weekly Update Number 788*. <https://iris.wpro.who.int/handle/10665.1/14460>
- RKI: *Zoonotische Influenza*. <https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html>
- RKI-Ratgeber (2018). *Influenza (Teil 2): Erkrankungen durch zoonotische Influenzaviren* https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Influenza_zoonotisch.html
- Dürrwald R, Wedde M, Biere B, et al. *Zoonotic infection with swine A/H1avN1 influenza virus in a child, Germany, June 2020*. *Euro Surveill* 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.42.2001638>
- FLI (2021): *Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland, Stand 25.03.2021*. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00036488/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5N8_2021-03-25-bf.pdf

6.31 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 3.462
- ▶ Abnahme der Erkrankungszahlen um 66 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern und Jugendlichen mit einem Maximum bei Säuglingen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 70 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 105 Ausbrüche mit 297 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 7.083 im Jahr 2020 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 3.621 (51 %) nicht die Referenzdefinition, da Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren. Dieser Anteil ist im Vergleich zum Vorjahr (40 %) angestiegen und ist mit 56 % (3.112 von 5.569 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 34 % (509 von 1.514 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 3.462 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.31.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 66 % ab (2020: 3.462; 2019: 10.315). In den

Vorjahren traten die Keuchhusten-Erkrankungen ohne größere saisonale Schwankungen im gesamten Jahresverlauf auf. Im Jahr 2020 dagegen nahm die Fallzahl gegen Ende des 1. Quartals mit einigen Schwankungen kontinuierlich bis zur Meldewoche 34 ab, mit nur einer leichten Zunahme ab dem Herbst und geringen Schwankungen bis zum Jahresende (s. Abb. 6.31.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 4,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 12 Erkr./100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in 4 der 5 östlichen Bundesländern (Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Thüringen) sowie Bayern, Bremen und Hamburg über diesem Wert und in allen anderen Bundesländern darunter (s. Abb. 6.31.2). Im Vergleich zum jeweiligen Median der jährlichen Inzidenz der Vorjahre nahm die Inzidenz 2020 in allen Bundesländern ab.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 1.978 Erkrankungen (57 %) vor (1.987 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (98 % der Nennungen).

Demografische Verteilung

Im Jahr 2020 traten die höchsten Inzidenz mit 15 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen auf (Abb. 6.31.3). Bei den Kindern unter 5 Jahren lag die Inzidenz bei 2-Jährigen am niedrigsten. Bei den älteren Kindern war die Inzidenz bei 10- bis 14-Jährigen am höchsten. In den Altersklassen ab 20 Jahren lag die Inzidenz zwischen 2 und 4 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 5 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Jungen und Männern (4 Erkr./100.000 Einw.). Nur bei Kindern unter 5 Jahren waren männliche Personen etwas stärker betroffen (s. Abb. 6.31.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 3.184 (92 %) der 3.462 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 91 %). Davon waren 92 % *B. pertussis* (Vorjahr: 91 %) und 8 % *B. parapertussis* (Vorjahr: 9 %). Damit hat der Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr leicht abgenommen.

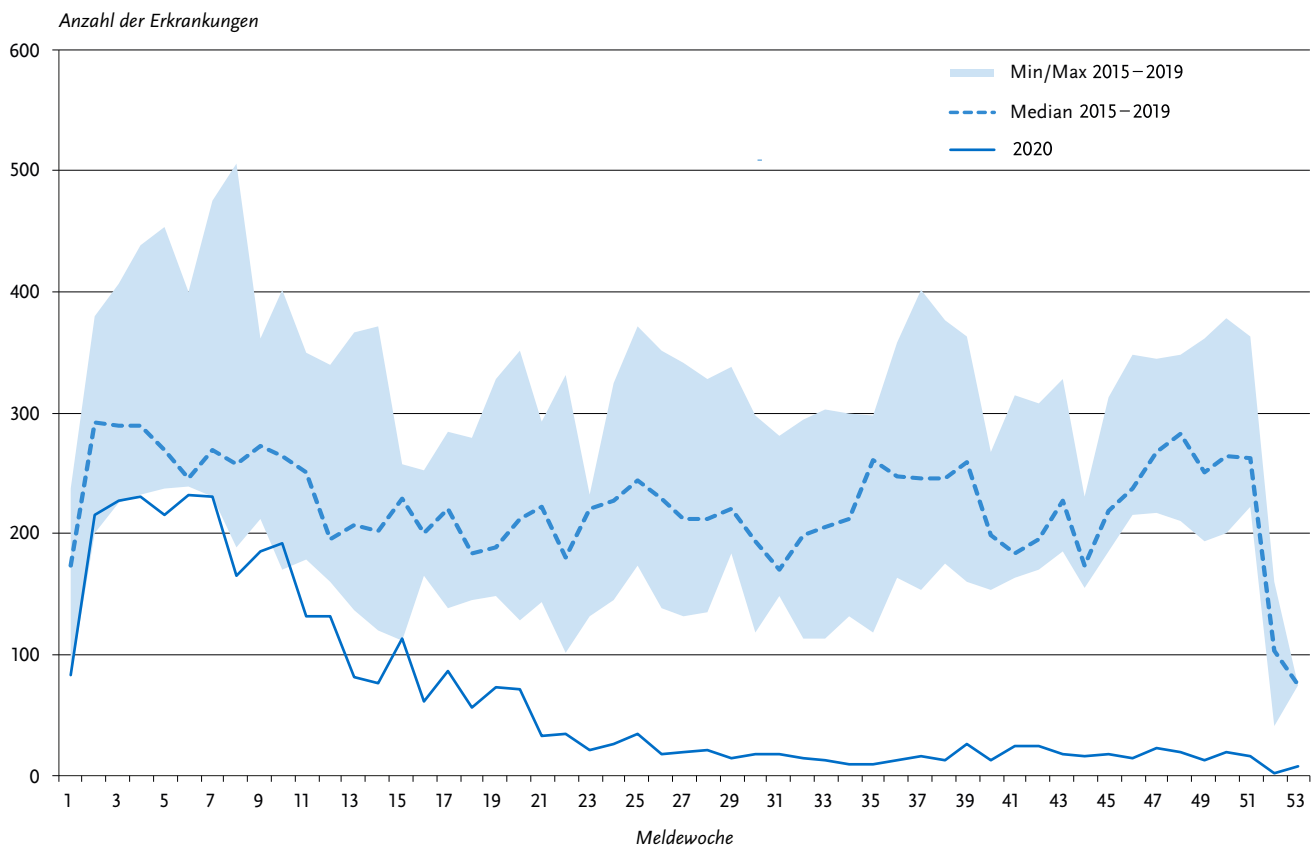
Klinische Aspekte

Für 3.057 Erkrankte (88 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 173 (6 %) im Zusammenhang mit

Tab. 6.31.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	332	2 %	66	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	9.983	58 %	3.396	48 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5.097	30 %	2.340	33 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.771	10 %	1.281	18 %
alle	17.183	100 %	7.083	100 %
Referenzdefinition (B+C)	10.315	60 %	3.462	49 %

Abb. 6.31.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2020 (n=3.462) im Vergleich mit den Vorjahren



ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 40 % (42 von 106) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er bei 8 %, bei 2- bis 59-Jährigen zwischen 0 und 4 %, bei 60- bis 69-Jährigen bei 7 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 11 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 16 %. Apnoen wurden bei 14 (12 %) der 114 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. 6.31.2 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 6.31.2 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 (3.098 Erkrankungen) (s. Abb. 6.31.4). 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 (364 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungsfällen lag für 2.446 (79 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 1.126 (46 %) nicht geimpft und 1.320 (54 %) 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 591 (45 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur von 729 (55 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 1.855 Erkrankten bewertbar (1.126 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 729 Erkrankte mit vollständigen

Abb. 6.31.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=3.462)

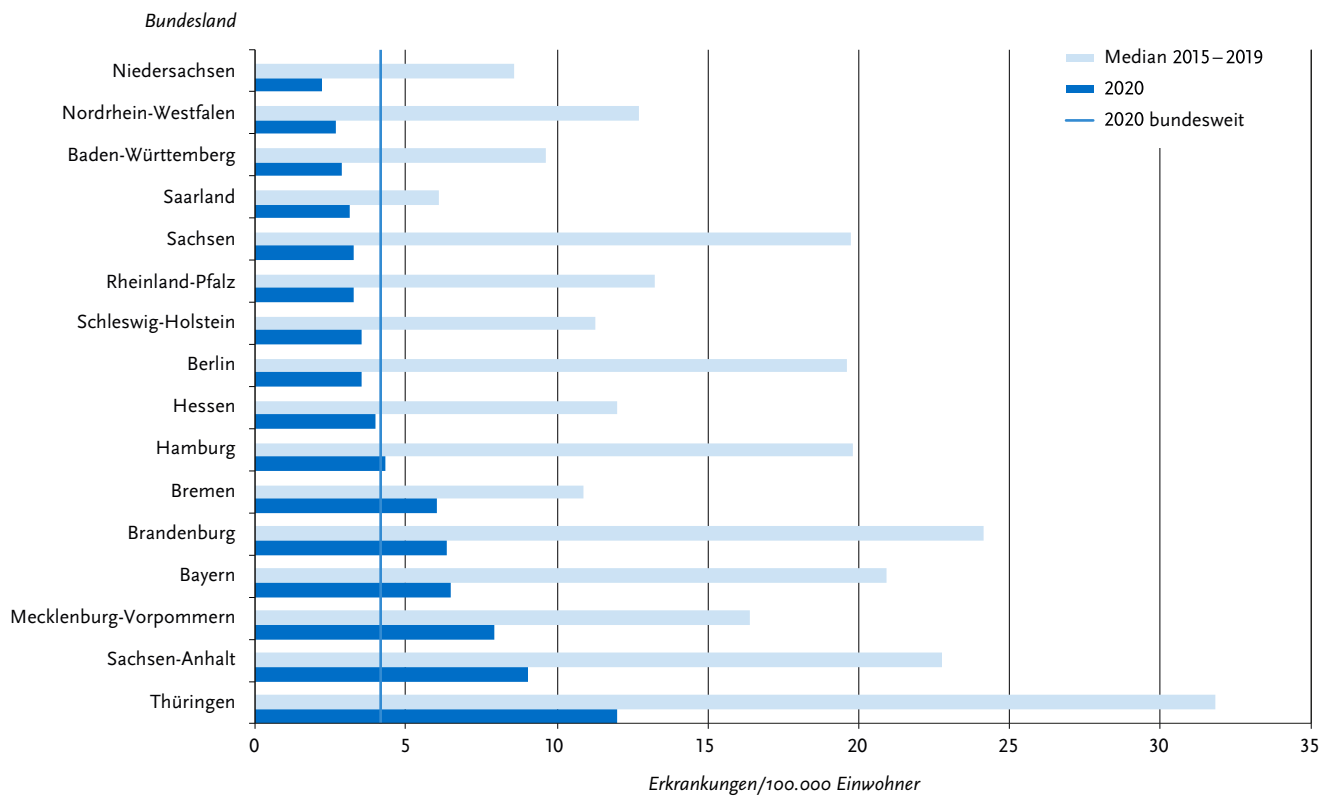
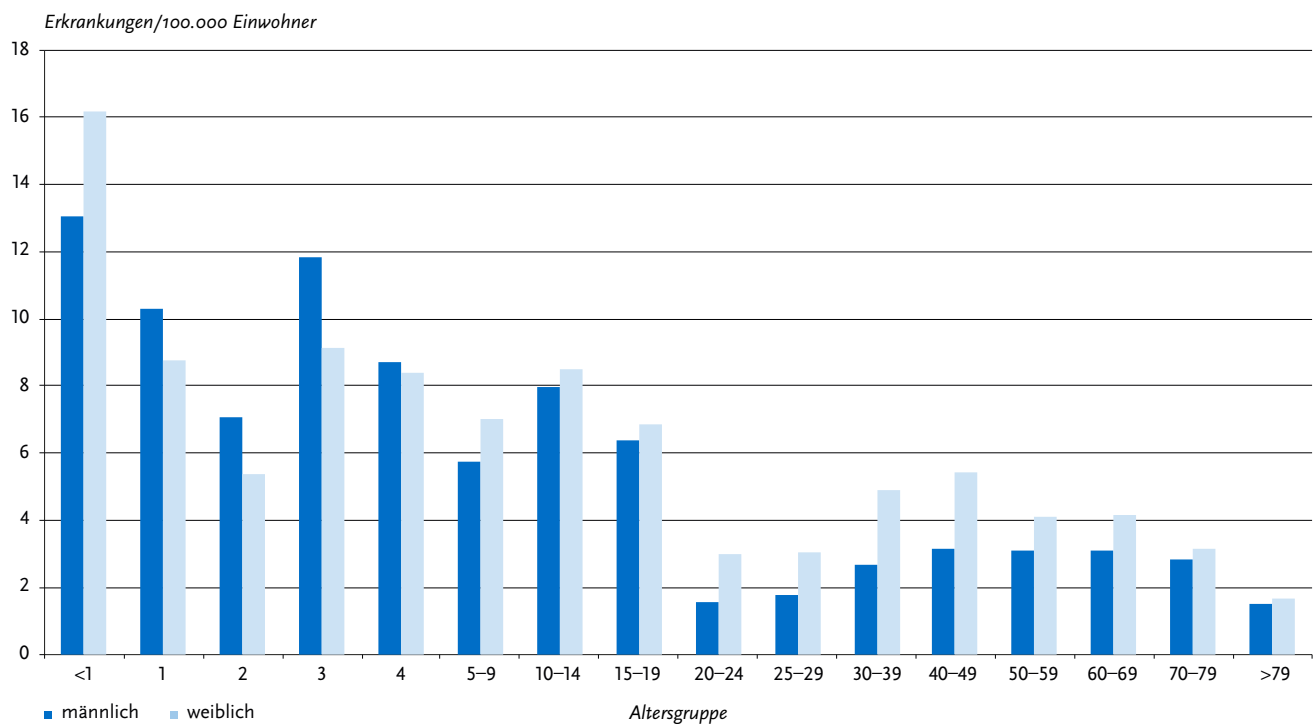


Abb. 6.31.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=3.447)



Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von den bewertbaren als geimpft übermittelten Erkrankten hatten 442 (61 %) einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz; bei diesen Personen ist ein möglicher Impfdurchbruch anzunehmen (Abb. 6.31.4).

Ausbrüche

Insgesamt traten 297 der 3.462 (9 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 105 Ausbrüchen auf. Von diesen Ausbrüchen umfassten 100 weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 247 Erkrankungen) und 5 mindestens 5 Erkrankungen (insgesamt 50 Erkrankungen). Bei den 5 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag für 4 (80 %) eine Angabe zum

Umfeld vor: Diese traten in der Schule (2), in einem Verein o. ä. (1) und in einem Privathaushalt (1) auf. Bei den 100 Ausbrüchen mit weniger als 5 Erkrankungen wurden unter den 91 mit Angaben zum Infektionsumfeld (91 %) vor allem Privathaushalte (78; 86 %), Schulen (7; 8 %) und Kindergärten oder Horteinrichtungen (5; 6 %) häufig genannt.

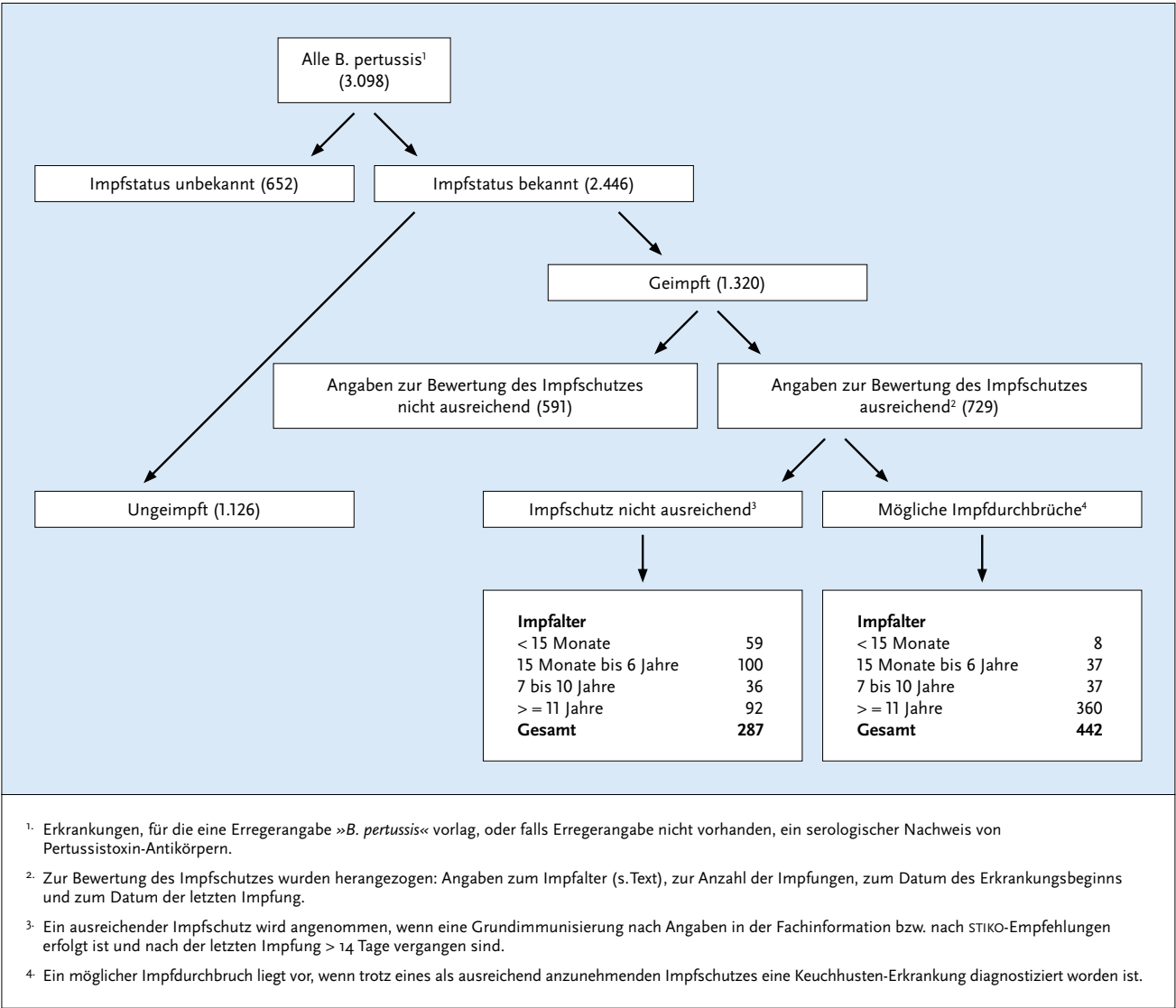
Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, der die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition nicht erfüllte (s. Tab. 6.31.1), liegt mit 51 % noch höher als im Vorjahr (40 %). In den 5 östlichen Bundesländern und Berlin lag er jedoch mit

Tab. 6.31.2: 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. 6.31.4: Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=3.098, s. Text)



34 % deutlich niedriger als in den westlichen mit 56 %. Möglicher Grund ist, dass eine regelgerechte Meldung gemäß IfSG durch Labore häufiger erfolgt als bei der Ärzteschaft. 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, der 2020 ggf. auch infolge der COVID-19-Pandemie nicht immer geleistet werden konnte. Schließlich könnte es sich bei serologischen Nachweisen ohne Symptomanzeige möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen und nicht um akute Erkrankungen handeln.

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 8 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; hier besteht noch Verbesserungsbedarf.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei einem hohen Anteil (21 %) der übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 45 % 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 67 (15 %) der 442 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

Mit 4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Jahr 2020 ist die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland zum 3. Mal in Folge zurückgegangen. Der Rückgang fiel deutlich stärker aus als in den beiden Vorjahren und ist mit hoher Wahrscheinlichkeit den Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie geschuldet, wie z. B. das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und die generellen Kontaktbeschränkungen. Zusätzlich wurde bei leichteren Verläufen möglicherweise seltener ein Arzt oder eine Ärztin aufgesucht und damit weniger Diagnosen gestellt. Inwieweit hierdurch das bekannte zyklische Auftreten dieser Erkrankung mit Höhepunkten alle ca. 5 Jahre beeinflusst wird, bleibt abzuwarten. Besonders stark betroffen sind weiterhin Säuglinge (15 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 51 % der übermittelten Keuchhusten-Fälle zwar labordiagnostisch gesichert waren, jedoch die Kriterien des klinischen Bildes – und daher die Referenzdefinition nicht erfüllten.

Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Erkrankungen durch *B. parapertussis* mit 8 % einen vergleichbar hohen Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus wie im Vorjahr (9 %), jedoch deutlich mehr als in früheren Jahren.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen (61 %) 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 (70 %) 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. <https://doi.org/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) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- 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. <https://doi.org/10.25646/70274>
- STIKO: *Überprüfung der Impfempfehlung für eine einmalige Pertussis(ap)-Impfung im Erwachsenenalter (Stand: 15.3.2019)*. Epid Bull 2019; 15:125–127. <https://doi.org/10.25646/60452>
- 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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-029>
- Schönfeld V, Hellenbrand W: *Untersuchung eines Keuchhusten-Ausbruchs bei Kindern mit hohen Impfquoten in Kiel*. Epid Bull 2017; 6:55–60. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-006>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.32 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.190
- ▶ Abnahme der Inzidenz um 36 % im Vergleich zum Median der Jahre 2015–2019
- ▶ Anteil der in Deutschland erworbenen Erkrankungen mit 91 % höher als in den Vorjahren
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren, insbesondere bei Ein- bis 3-Jährigen
- ▶ 13 Ausbrüche mit 32 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. 6.32.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 1.190 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Abnahme um 40 % gegenüber dem Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 1,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (2,2) um 36 % niedriger.

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2020 trat die höchste Zahl von Erkrankungen im August und September auf (s. Abb. 6.32.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während das Saarland (0,1 Erkrankungen/100.000 Einwohner), Baden-Württemberg (0,6), und Schleswig-Holstein (0,7) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (8,5), Sachsen-Anhalt (3,1) und Sachsen (2,6) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In allen Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2020 unter dem Median der 5 Vorjahre. Die relative Abnahme der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahren war im Saarland (90 %), in Hamburg (68 %) und Berlin (57 %) am größten. In Nordrhein-Westfalen, Berlin, Thüringen, Brandenburg, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern lag die Inzidenz im Jahr 2020 über der bundesweiten Inzidenz (1,4 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.32.2).

Bei 692 Erkrankungen (58 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 698 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 90 % der Nennungen auf Deutschland (630 Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Österreich (9), Italien (8) und Frankreich (6).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (5,3 bzw. 5,6 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 52 % der Erkrankten waren weiblich (s. Abb. 6.32.3). Bei den unter Einjährigen war die Inzidenz bei Jungen (2,3) um 76 % höher als bei Mädchen (1,3). Dagegen war die Inzidenz bei 4-Jährigen Mädchen (5,3) um 112 % höher als bei gleichaltrigen Jungen (2,5). Auch bei Erwachsenen zwischen 20 und 39 Jahren war die Inzidenz bei Frauen (2,3) deutlich höher als bei Männern (1,6).

Klinische Aspekte

Bei allen übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 91 % der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 71 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2020 wurde kein Todesfall aufgrund einer Kryptosporidiose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 13 Ausbrüche mit insgesamt 32 Erkrankungen übermittelt (2019: 26 Ausbrüche mit 67 Erkrankungen), das entspricht 2,7 % der übermittelten Kryptosporidiosen. Der größte Ausbruch betraf 4 Erkrankungen. Die übrigen Ausbrüche wurden mit 2 (8 Ausbrüche) oder 3 Erkrankungen (4 Ausbrüche) übermittelt.

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	16	1 %	15	1 %
klinisch-laboriagnostisch (C)	1.961	86 %	1.175	81 %
laboriagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	78	3 %	62	4 %
laboriagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	214	9 %	201	14 %
alle	2.269	100 %	1.453	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.977	87 %	1.190	82 %

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2020 (n=1.190) im Vergleich mit den Vorjahren

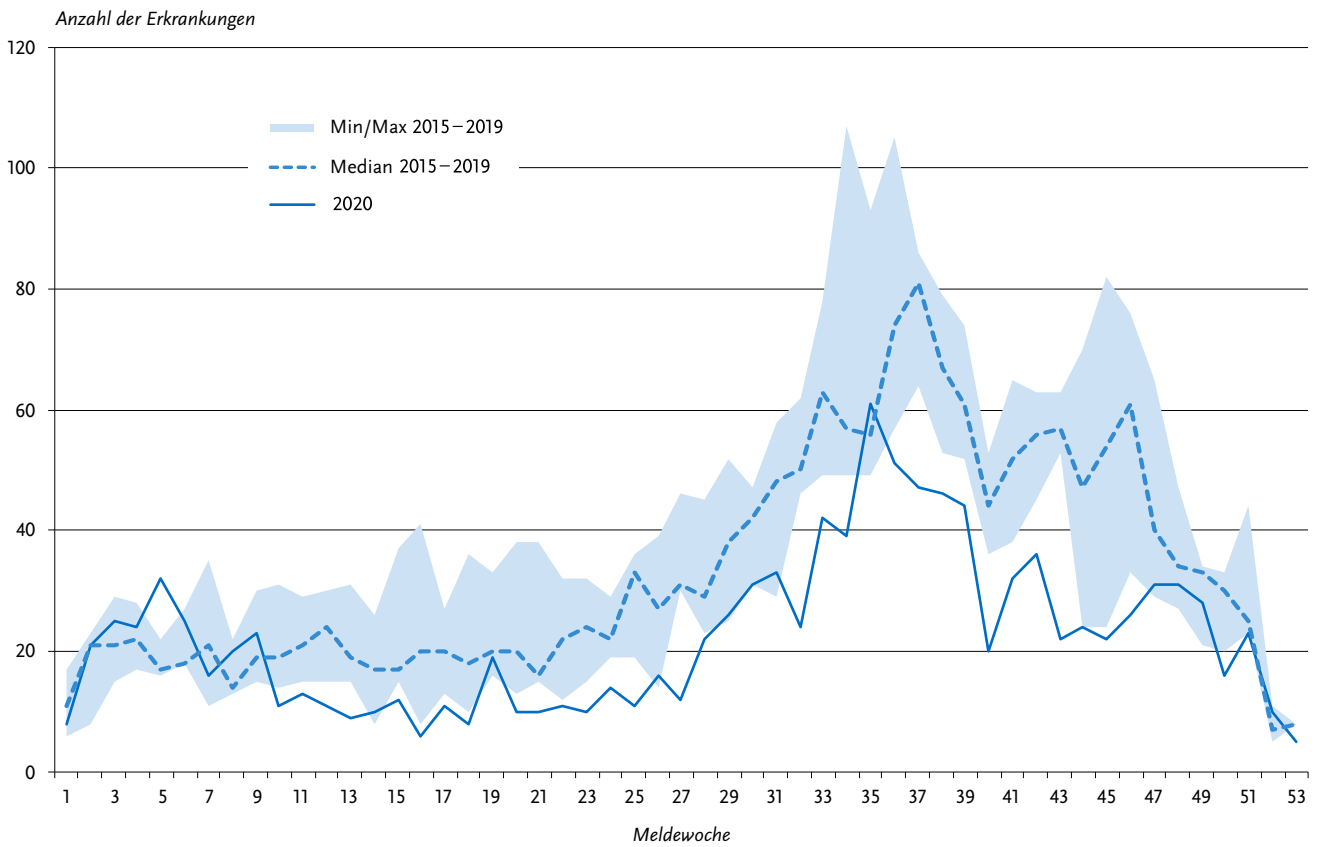


Abb. 6.32.2:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.190) im Vergleich mit den Vorjahren

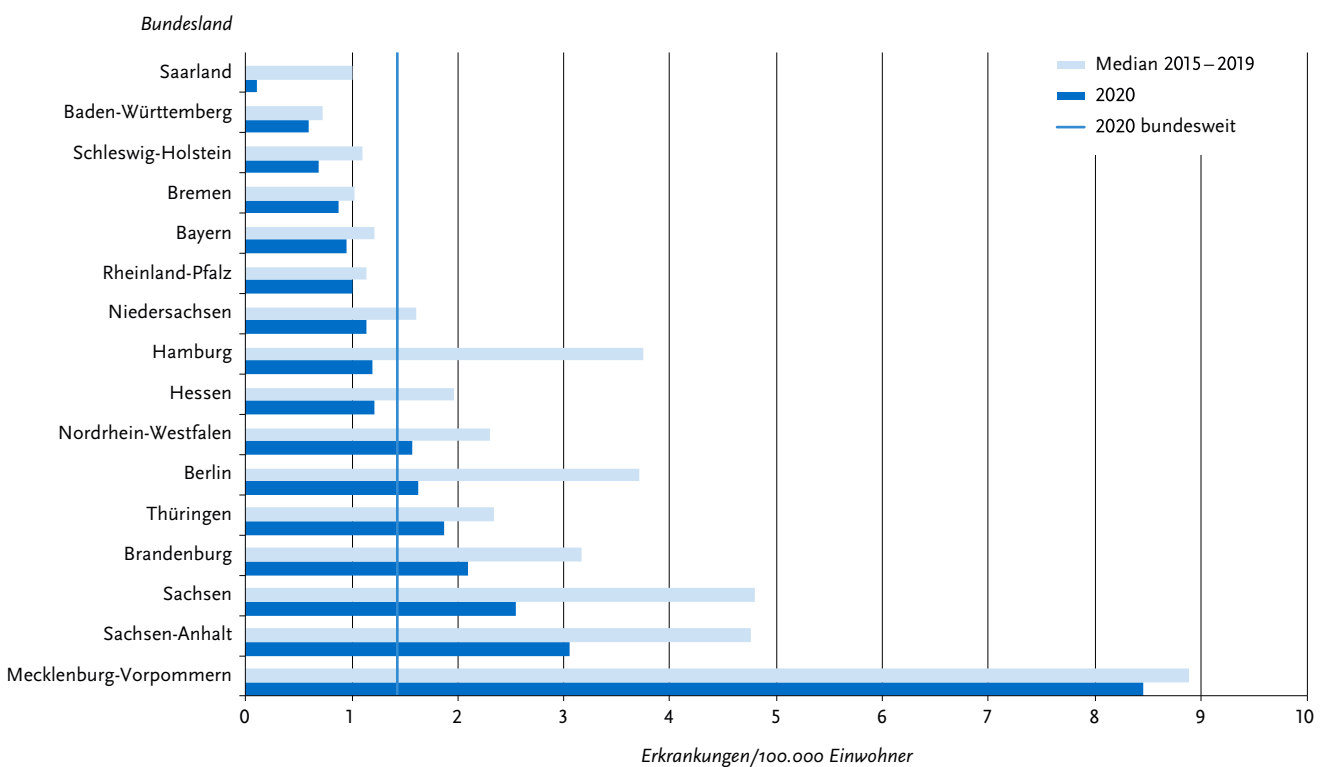
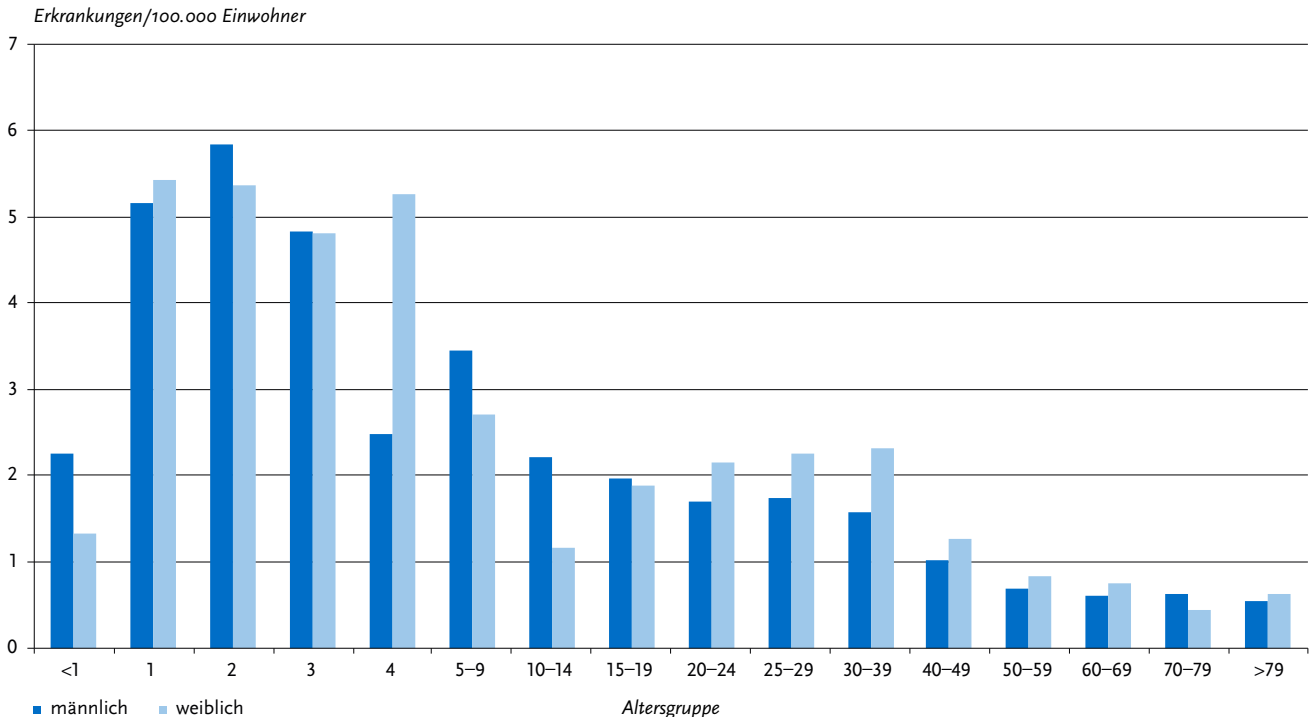


Abb. 6.32.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=1.187)



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

Während in den Jahren 2015 bis 2019 zwischen 1.707 und 1.977 Fälle übermittelt worden waren (Median: 1.809), war im Jahr 2020 ein deutlicher Rückgang auf 1.190 Fälle zu verzeichnen. Es ist zu vermuten, dass dieser Rückgang, zumindest teilweise, mit der COVID-19-Pandemie in Zusammenhang stand. Der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen war 2020 deutlich niedriger als in den Vorjahren.

Literaturhinweise

- Cacciò SM, Chalmers RM: *Human cryptosporidiosis in Europe*. Clin Microbiol Infect 2016. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2016.04.021>
- 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

6.33 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 2020 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Im Jahr 2016 waren es 5, im Jahr 2015 45 Erkrankungen; dabei 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 in den Jahren nach 2016 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. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004522>
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al.: Louse-borne relapsing fever (*Borrelia recurrentis*) diagnosed in 15 refugees from northeast Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015. Euro Surveill 2015. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.42.30046>

6.34 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.281
- ▶ Nach langjähriger kontinuierlicher Zunahme der gemeldeten Erkrankungszahlen – 2020 erstmals Rückgang um 17 % gegenüber Vorjahr
- ▶ 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 erregershaltiger 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. 6.34.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 1.281 Legionellosen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.548 Erkrankungen) wurden somit 267 Erkrankungen weniger erfasst, was einem Rückgang der Fallzahl um 17 % entspricht. Dies könnte im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie zu sehen sein, da es im Rahmen der bundesweiten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zu erheblichen Mobilitäts- und Reiseeinschränkungen und infolge dessen auch zu weniger reiseassoziierten Erkrankungen kam.

Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.34.1). Das Maximum im III. Quartal war dabei im Jahr 2020 besonders stark ausgeprägt. So waren die Fallzahlen im Vergleich zum II. und IV. Quartal annähernd doppelt so hoch. Die niedrigeren Fallzahlen im II. und IV. Quartal dürften dabei vor allem im Zusammenhang mit dem Lockdown im Frühjahr und im Herbst zu sehen sein.

Die generell höheren Erkrankungszahlen in den Sommermonaten 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 Sommerferien und die damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Aufenthalte in Hotels oder anderen Reiseunterkünften).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei rund 1,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 1,9). Die höchste Inzidenz wurde dabei mit 3,2 Erkr./100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.34.2). Hier ist die Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre (3,1) erneut leicht angestiegen. Die niedrigste Inzidenz mit jeweils 0,7 Erkr./100.000 Einw. wurde in den Bundesländern Schleswig-Holstein, Niedersachsen und Brandenburg be-

Tab. 6.34.1:
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.547	87 %	1.281	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	141	8 %	203	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	94	5 %	157	10 %
alle	1.783	100 %	1.641	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.548	87 %	1.281	78 %

Abb. 6.34.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020

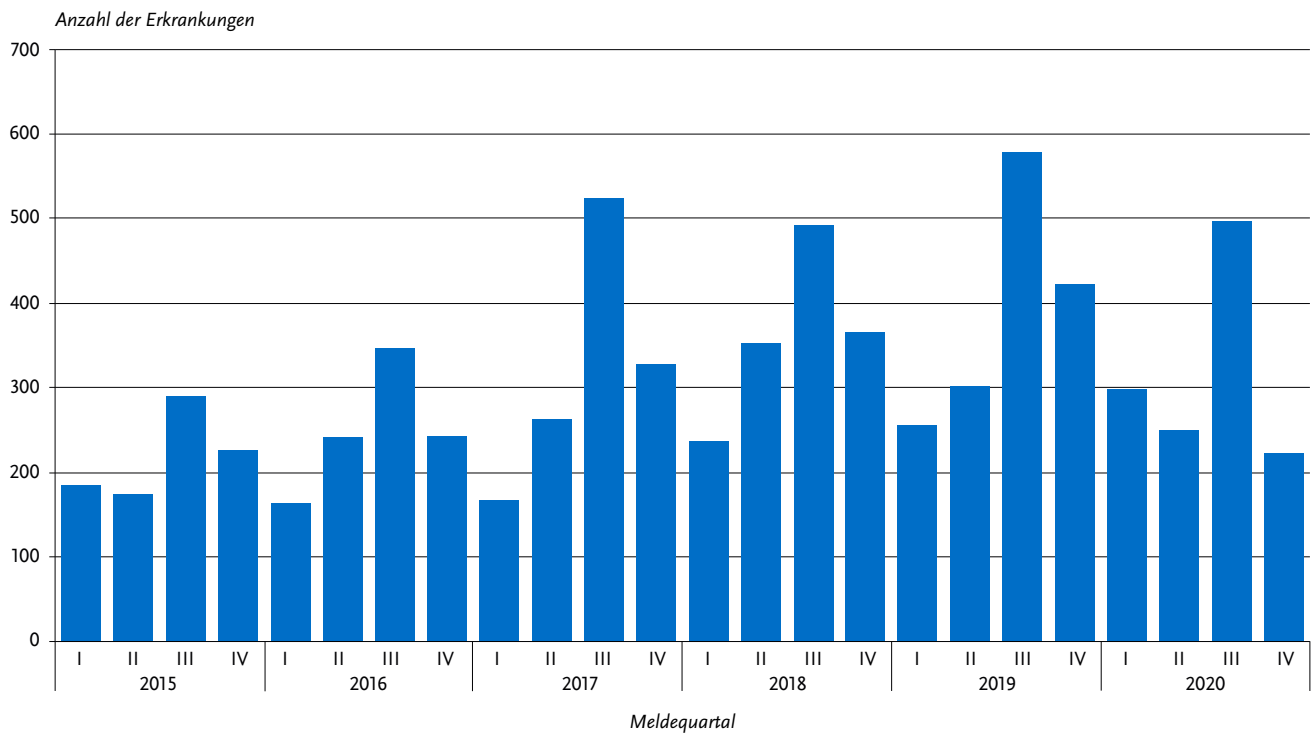
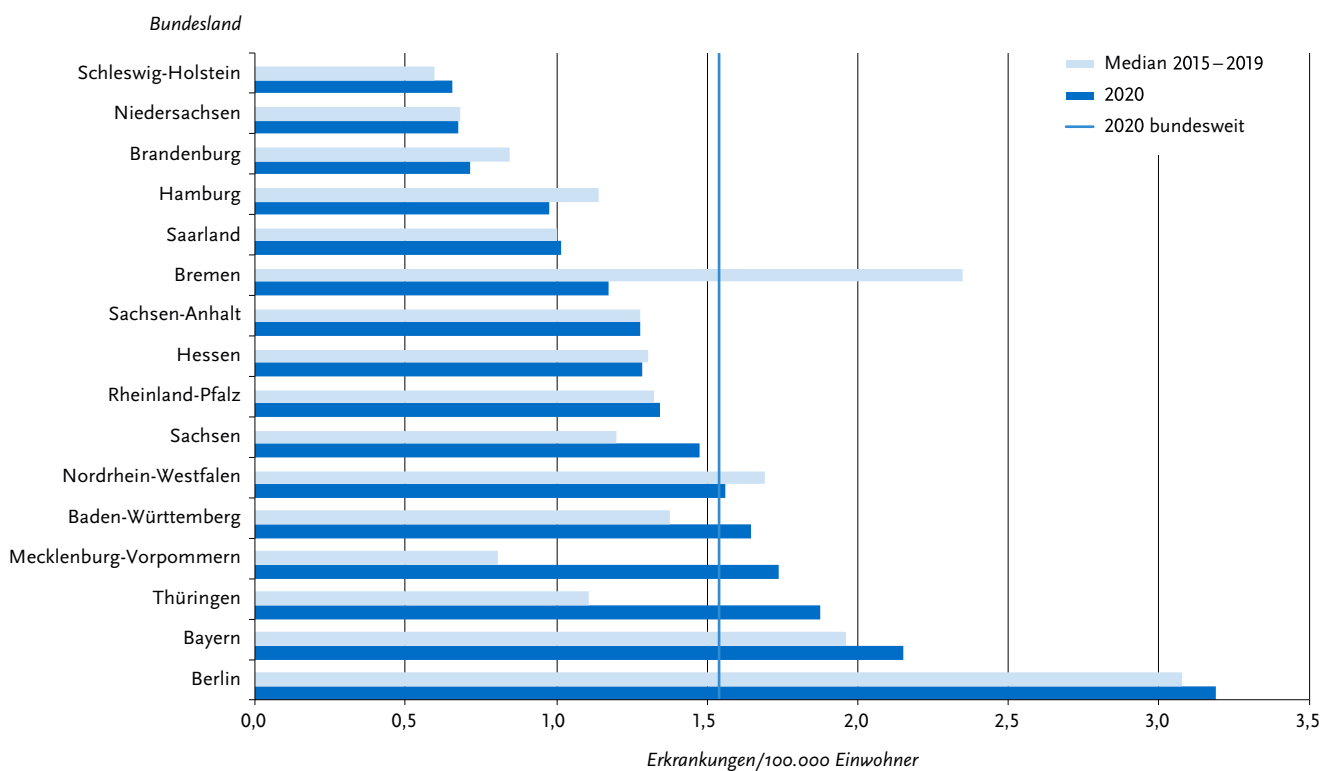


Abb. 6.34.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.281) im Vergleich mit den Vorjahren



obachtet. In der Hälfte der Bundesländer war die Inzidenz 2020 weitgehend unverändert oder niedriger als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre. Nennenswert höhere Inzidenzen wurden dagegen in Sachsen, Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen verzeichnet, wobei sich insbesondere in Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen die Inzidenz gegenüber den Vorjahren fast verdoppelt hat (s. Abb. 6.34.2). Der vergleichsweise hohe Median der Vorjahre in Bremen lässt sich auf ein größeres Ausbruchsgeschehen in den Jahren 2015 und 2016 zurückführen.

Bei 798 (62 %) der 1.281 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 88 % (728 von 823) der Nennungen entfielen – im Vergleich zum Vorjahr (69 %) ein deutlich höherer Anteil. Dies lässt sich vermutlich auf die bereits erwähnten Reisebeschränkungen ins Ausland zurückführen. Ferner wurde – aufgrund der unsicheren Lage und schwierigen Planbarkeit von Auslandsreisen – als Alternative wohl eher ein Urlaub in Deutschland vorgezogen. Das nach Deutschland am häufigsten angegebene Land war Italien mit insgesamt 27 Nennungen, gefolgt von Österreich (12) und Spanien (7) (s. Tab. 6.34.2).

Tab. 6.34.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 798 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	728	88 %
Italien	27	3 %
Österreich	12	1 %
Spanien	7	1 %
Türkei	5	1 %
Ägypten	4	0 %
Griechenland	3	0 %
Polen	3	0 %
Tschechische Republik	3	0 %
Andere	31	4 %
Summe	823	100 %

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere im höheren Alter – übermittelt, während Kinder und Erwachsene bis zu einem Alter von 39 Jahren nur geringfügig betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg bei Männern mit zunehmendem Alter an, bei Frauen war aber ab 80 Jahren wieder ein leichter Rückgang zu beobachten. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 64 Jahren.

Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern fast 3-mal so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 2,3 vs. 0,8) (s. Abb. 6.34.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.253 (98 %) der 1.281 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 345 (28 %) Erkrankungen wurde

lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 908 der 1.253 Erkrankungen (72 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 903 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Jeweils eine Erkrankung wurde von der Spezies *L. bozemanai* (< 1 %) bzw. *L. longbeachae* (< 1 %) verursacht. Für 3 weitere Erkrankungen (< 1 %) wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt. Von den 903 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 434 (48 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 408 Erkrankungen (94 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppen 6 und 9 wurden jeweils 2-mal und die Serogruppen 7, 10 und 16 jeweils einmal genannt. Bei 19 Erkrankungen (4 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (18 Fälle mit einem Serumpool inklusive Serogruppe 1; ein Fall mit einem Serumpool exklusive Serogruppe 1).

Klinische Aspekte

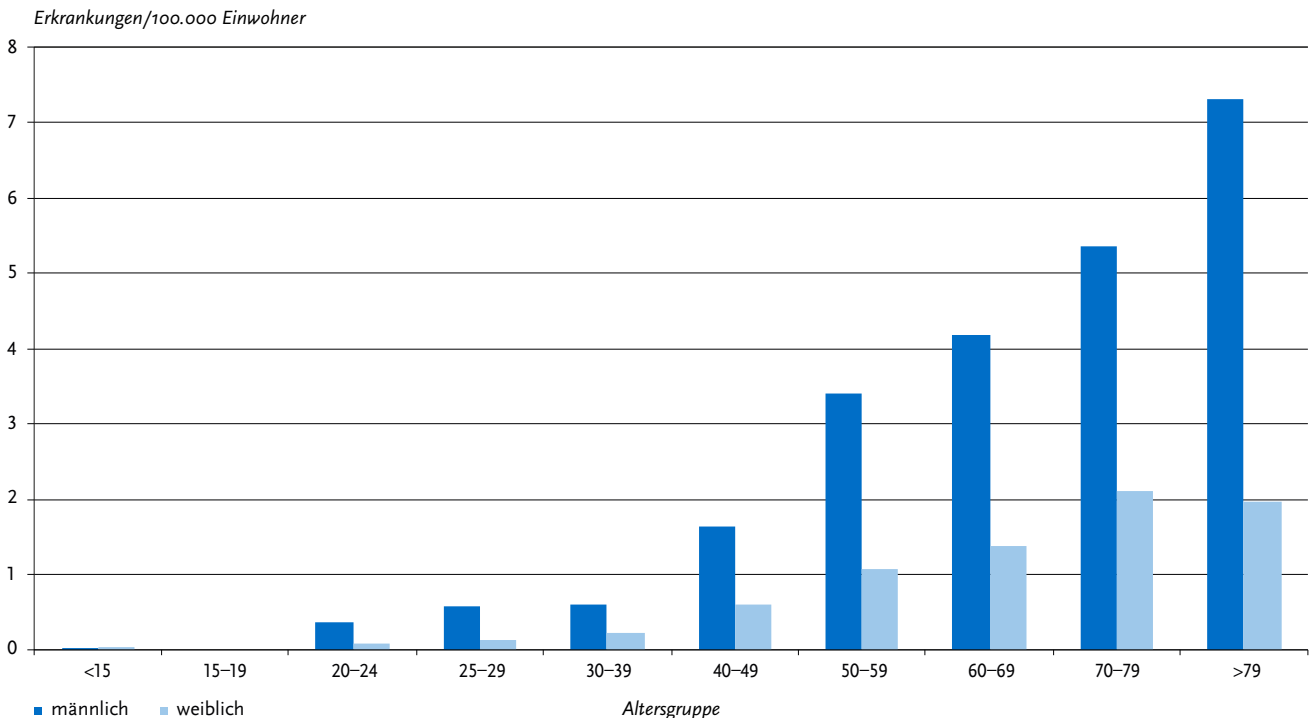
Von 1.280 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 61 Patienten (40 Männer, 21 Frauen) an den Folgen der Legionärskrankheit. Dies entspricht einer Letalität von 4,8 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität leicht gesunken (2019: Letalität 5,4 %; 84 Todesfälle unter 1.544 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Von insgesamt 1.281 Erkrankungen konnten 640 (50 %) 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 641 der 1.281 Erkrankungen (50 %) 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 422 Fälle (33 %) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.063 Fällen (83 %) 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 (126 Erkrankungen; 10 %). Bei 37 Erkrankungen (3 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben bzw. bei 7 weiteren Erkrankten (< 1 %) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 39 Erkrankungen (3 %) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 9 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 13 Prozentpunkte gestiegen (2019: 1.085 Fälle; 70 %), wobei die absoluten Fallzahlen 2020 aber geringfügig niedriger waren (1.063 Fälle s. o.). Deutliche Änderungen gegenüber dem Vorjahr konnten insbesondere bei den reiseassoziierten Fällen beobachtet werden. Hier haben sich sowohl die Erkrankungszahlen als auch der Anteil von 349 Fällen (23 %) auf 126 Fälle (10 %) mehr als halbiert. Dieser deut-

Abb. 6.34.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=1.278)



liche Rückgang ist dabei – wie bereits weiter oben erwähnt – wahrscheinlich auf die eingeführten bundesweiten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie mit Mobilitäts- und Reiseeinschränkungen und daraus resultierender verringerter Reiseaktivitäten zurückzuführen.

Der Anteil der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist mit rund 3 % (2,9 % bzw. 3,2 %) weitgehend unverändert geblieben, wenngleich die absoluten Fallzahlen mit 37 Fällen etwas niedriger waren als im Vorjahr (50 Fälle). Erkrankungen im Zusammenhang mit einem Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung – wie beispielsweise Reha-Klinik – waren im Vergleich zum Vorjahr – bei insgesamt kleinen Fallzahlen – rückläufig und haben sich praktisch halbiert (2019: 19 Fälle; 2020: 7 Fälle). Auch hier spielt möglicherweise die COVID-19-Pandemie eine Rolle, so wurden vermeidbare Operationen und Reha-Behandlungen herunter priorisiert bzw. verschoben, was zu einem Rückgang der absoluten Zahl an Personen in ärztlicher Behandlung geführt hat. Allerdings muss auf die insgesamt keinen Fallzahlen hingewiesen werden, was eine eindeutige Interpretation der Daten schwierig macht.

Demgegenüber sind Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung annähernd gleichgeblieben (2019: 42 Fälle; 2020: 39 Fälle) auch wenn der Anteil mit 2,7 % im Jahr 2019 geringfügig niedriger war als 2020 (3,0 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden dem RKI 3 Häufungen mit insgesamt 10 Fällen übermittelt: Hierbei handelte es sich bei 2 Häufungen um kleine Cluster mit jeweils 2 Erkrankungen. Nähere Angaben zum möglichen Infektionsumfeld wurden jedoch nicht übermittelt. Eine weitere Häufung war mit sechs Erkrankungsfällen assoziiert. Hierbei handelte es sich um ein überregionales Aus-

bruchsgeschehen, bei dem als wahrscheinliche Infektionsquelle der Aufenthalt in einem Krankenhaus vermutet wurde.

Datenqualität

Es ist nach wie vor davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen 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 somit zu einer hohen Untererfassung kommt. Das deutsche Kompetenznetzwerk für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) schätzt 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.

Lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier wurden 2020 nur bei rund 50 % 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 Mög-

lichkeit, Ergebnisse von Wasseruntersuchungen und Nachweise zum Erreger aus vermuteten Infektionsquellen zu übermitteln, so dass ein Abgleich zwischen Erkrankten 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 bei gleichzeitig nicht erfülltem bzw. unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorien D und E) ist mit insgesamt 22 % (360 Fälle) im Jahr 2020 vergleichsweise hoch und gegenüber dem Vorjahr deutlich angestiegen (2019: 13 %; 235 Fälle). Als Ursache für diesen Anstieg könnte möglicherweise die pandemiebedingte starke Belastung bei gleichzeitig knappen Ressourcen in den Gesundheitsämtern vermutet werden.

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt insbesondere 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 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 2020 ist die Zahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr erstmals gesunken und es ist anzunehmen, dass hier die COVID-19-Pandemie eine maßgebliche Rolle gespielt hat – insbesondere bei den reiseassoziierten Erkrankungen. Die Alters- und Geschlechtsverteilung sowie auch die saisonale Verbreitung blieben hierbei aber weitgehend unverändert.

Auch in Zeiten der COVID-19-Pandemie sollte bei einer Lungenentzündung immer auch die Legionärskrankheit in Betracht gezogen und eine entsprechende Diagnostik veranlasst werden – das gilt insbesondere auch für die im Krankenhaus erworbenen Pneumonien. Denn nur so ist eine adäquate und frühzeitig Antibiotika-Therapie möglich, um schwere Verläufe zu verhindern.

Ferner sollte prinzipiell immer versucht werden, die Infektionsquelle 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. Zum Nachweis der Infektionsquelle ist ein epidemiologischer Abgleich der klinischen Isolate mit den entsprechenden Umweltproben notwendig. Aus diesem Grunde sollten Legionellen aus klinischem Material (tiefe Atemwegsprobe, z. B. Sputum oder Trachealsekret) in Kultur angezüchtet werden. Bei vorliegenden und aussagekräftigen Patientenproben ist es sinnvoll, auch in den in Frage kommenden Wassersystemen vermuteter Infektionsquellen nicht nur die Legionellen-Konzentration zu bestimmen, sondern auch eine Typisierung anzustreben. Denn nur durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es möglich, die ursächliche Infektionsquelle zweifelsfrei zu identifizieren.

Literaturhinweise

- Buchholz U, Jahn HJ, Brodhun B, et al: *Source attribution of community-acquired cases of Legionnaires' disease—results from the German LeTriWa study; Berlin, 2016–2019*. PLoS One 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241724>
- Buchholz U, Altmann D, Brodhun B: *Differential seasonality of Legionnaires' disease by exposure category*. Int J Environ Res Public Health 2020. <https://doi.org/10.3390/ijerph17093049>
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.
- Brodhun B, Buchholz U: *Entwicklung der Fallzahlen von Legionärskrankheit vor dem Hintergrund der COVID-19-Pandemie, Januar bis Juli 2020*. Epid Bull 2020; 44:3–9. <https://doi.org/10.25646/7195>
- Buchholz U, Dullin J, Lück C, et al.: *Ausbruch ambulant erworbener Legionellose in Bremen 2015 und 2016 – Erfahrungen, Ergebnisse, Entscheidungen*. Epid Bull 2019; 28:251–257. <https://doi.org/10.25646/6199>
- Buchholz U, Reber F, Lehfeld AS, et al.: *Wahrscheinlicher Fall einer Reinfektion durch Legionella pneumophila*. Epid Bull 2019; 1:1–5. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2019-001.1>
- Brodhun B, Prahm K, Lück C, Haas W, Buchholz U: *Deutschland spielt eine wichtige Rolle in der Prävention reiseassoziiierter Fälle von Legionärskrankheit – Teilnahme Deutschlands am ELDSNet*. Epid Bull 2018; 36:391–399. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-044>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.35 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 2020 wurde keine Erkrankung an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im Vorjahr 2019 wurde ein Fall von Borderline-Lepra verzeichnet.

Literaturhinweise

- Dietrich S, Kasang C: *Lepra 2020 – COVID-19 beeinträchtigt Lepraaktivitäten weltweit*. Epid Bull 2021; 4:10–2. <https://doi.org/10.25646/7844>
- Kasang C, Kreibich S, Dietrich S: *Lepra, nicht was Du denkst*. Epid Bull 2020; 4:3–6. <https://doi.org/10.25646/645>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.36 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 118
- ▶ Abnahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um etwa 26 %
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 25 und 39 Jahren
- ▶ Etwa 83 % 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. 6.36.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 118 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit um 26 % geringer als im Vorjahr. Die Anzahl variiert stark von Jahr zu Jahr, langfristig scheint es jedoch tendenziell eine Zunahme der Erkrankungen zu geben. Die Jahre 2007 und 2014 waren von je einem größeren Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.36.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern traten Erkrankungen auf, wobei die Inzidenzen zwischen 0,04 Erkr./100.000 Einw. in Brandenburg und 0,25 Erkr./100.000 Einw. in Berlin lagen. Für 86 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 89 Nennungen). Deutschland wurde bei 83 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2019:

64 %). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Asien (6 Nennungen) und Europa (4) erworben.

Demografische Verteilung

Insgesamt 76 Erkrankte (64 %) waren männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen mit einer Inzidenz von 0,3 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Inzidenz in allen Altersgruppen vergleichbar. Im Jahr 2020 wurden 4 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (3 Mädchen und ein Junge) übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei 18 Erkrankungen (15 %) lagen Angaben zu einem Serovar vor. Bei 2 dieser Erkrankungen wurde *Leptospira interrogans* Serovar Sejroe und bei einer Erkrankung Serovar Icterohaemorrhagiae genannt. Bei den übrigen 15 Erkrankungen wurde als Serovar »andere/sonstige« angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 118 Leptospirose-Erkrankungen (100 %) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 304 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (86 % der Erkrankungen) und Fieber (62 %). Bei 46 % der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 19 % Ikterus und bei 16 % Husten übermittelt. Des Weiteren wurden bei 5 % der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 6 % Hämorrhagien, bei 14 % Dyspnoe und bei 3 % eine Myokarditis übermittelt. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 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.

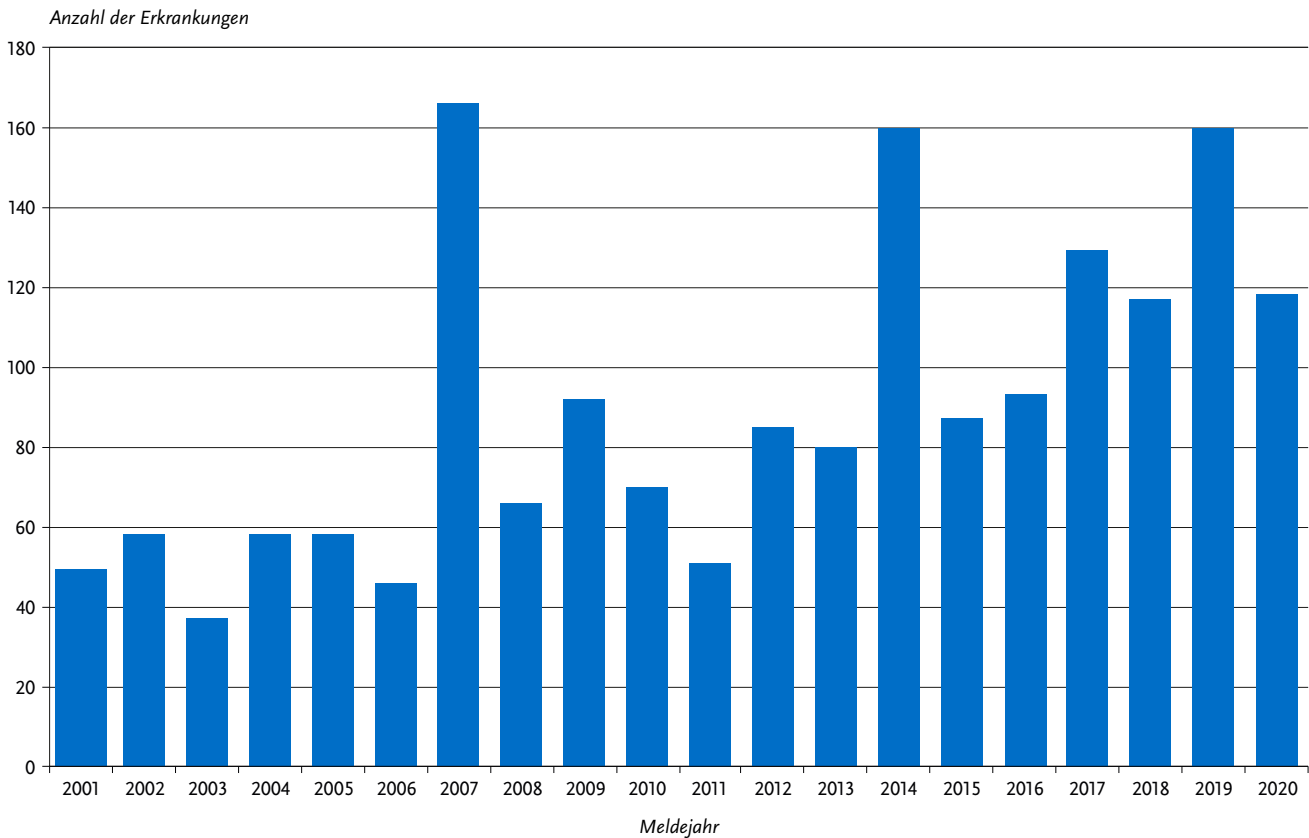
Fazit

Alle Erkrankungen traten sporadisch auf, keine Erkrankung wurde einem Ausbruch zugeordnet. Die Anzahl der übermittel-

Tab. 6.36.1:
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	160	81 %	118	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12	6 %	13	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	13 %	23	15 %
alle	198	100 %	154	100 %
Referenzdefinition (B+C)	160	81 %	118	77 %

Abb. 6.36.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



ten Erkrankungen zeigt, dass es bei Leptospirose-Erkrankungen in Deutschland starke und schwache Jahre gibt. Seit 2017 schwanken die Zahlen zwischen 117 und 160 Erkrankungen pro Jahr (Median 124 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

Die geringe Anzahl von Meldungen reiseassoziiierter Leptospirose-Erkrankungen in 2020 ist sicherlich vom starken Rückgang der (Fern-)Reisen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

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. <https://doi.org/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. <https://dx.doi.org/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. <https://dx.doi.org/10.3201/eid1107.041172>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.37 Listeriose

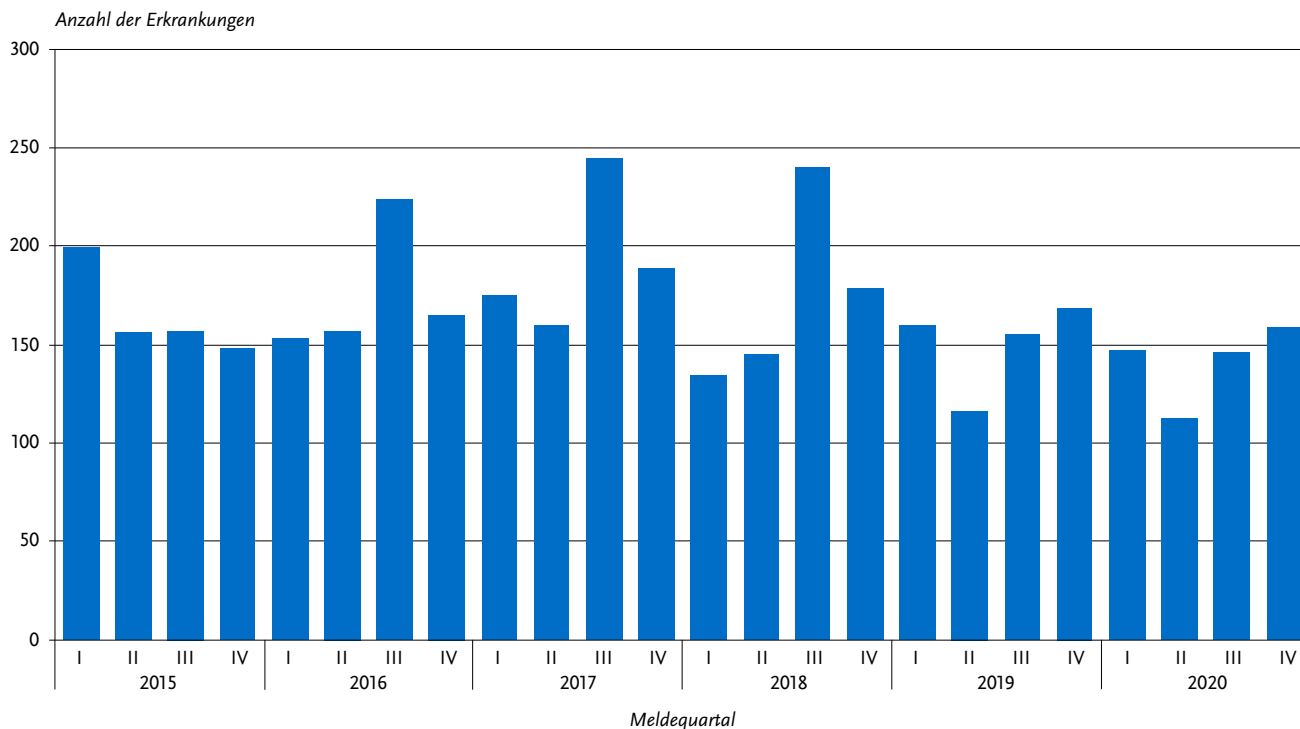


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 575
- ▶ Fallzahlen sind weiter leicht rückläufig
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassoziierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern ab 80 Jahren

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.

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020



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. 6.37.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 575 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,7 Fällen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Seit dem Jahr 2018 nehmen die Fallzahlen wieder leicht ab.

Gegenüber dem Vorjahr 2019 (592 Fälle) ist die Zahl der Listeriosen um 3% zurückgegangen (s. Abb. 6.37.1). Im Jahr 2020 kann ein möglicher Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die geringeren Listeriose-Meldungen nicht ausgeschlossen werden.

Geografische Verteilung

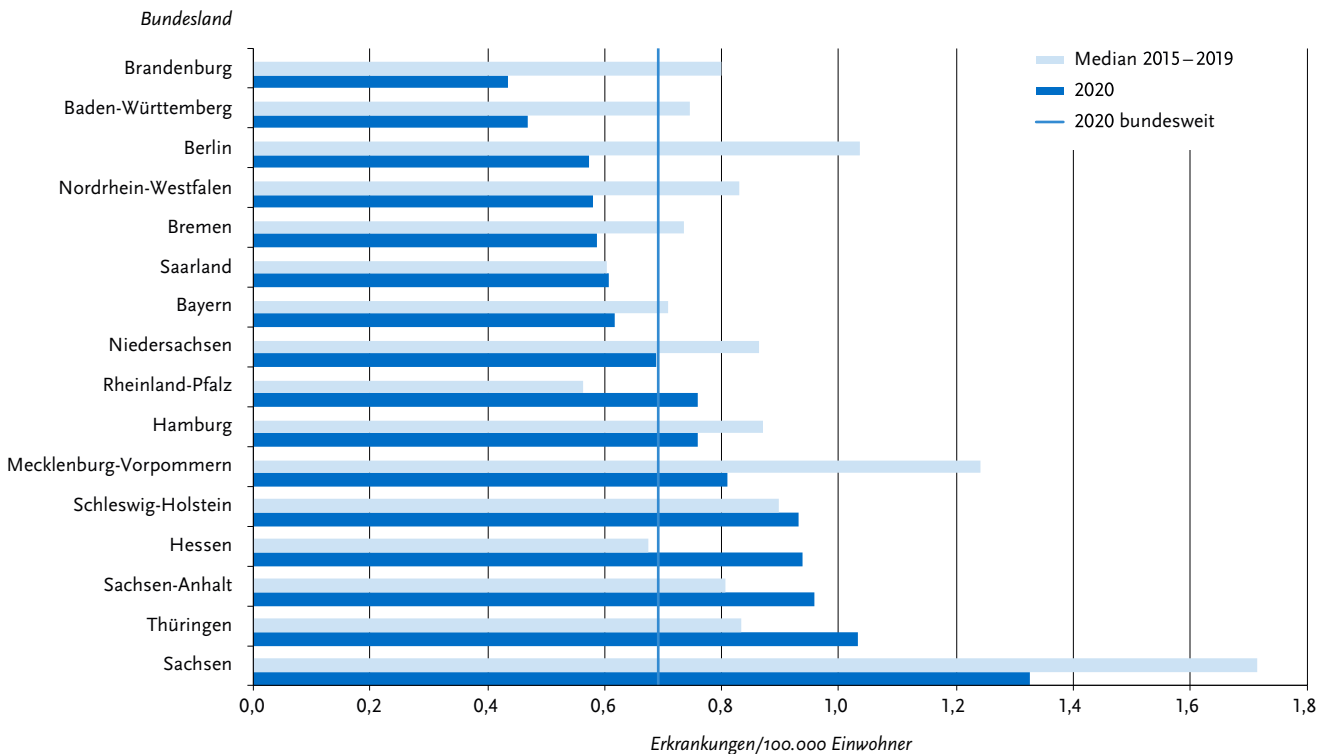
Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,4 Erkr./100.000 Einw. in Brandenburg und die höchste Inzidenz mit 1,3 in Sachsen verzeichnet. Die Inzidenzen in Rheinland-Pfalz, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Hessen, Sachsen-Anhalt, Thüringen und Sachsen lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.37.2). Vier Bundesländer verzeichneten im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz: Thüringen, Sachsen-Anhalt, Hessen und Rheinland-Pfalz.

Tab. 6.37.1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition*, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	499	84 %	449	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	34	6 %	35	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	58	10 %	90	16 %
alle	593	100 %	575	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	592	100 %	575	100 %

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

Abb. 6.37.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=575)



Für 282 Erkrankungen (49 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2020 wurden 523 Fälle von nicht-schwangerschafts-assoziierten, invasiven Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschafts-assoziierten, invasiven Listeriosen betrafen 214 Frauen (41 %) und 309 Männer (59 %). Die Inzidenz stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,3 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen bis auf 3,7 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.37.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 22 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 30 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 12 Mutter-Kind-Paare, davon eine Mutter mit Zwillingen identifiziert werden, 10 Mütter wurden ohne Meldung eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und 17 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von 34 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 19 und 50 Jahren waren 22 Schwangerschafts-Listeriosen (63 %).

Nachgewiesene Erreger

Für 261 (45 %) der übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; darunter wurde 118-mal (45 %) das Serovar 1/2a, 75-mal (29 %) das Serovar 4b und 16-mal (6 %) das Serovar 1/2b angegeben. Für die übrigen 51 (20 %) wurde ‚andere/sonstige‘ übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 137 (26 %) der 523 nicht-schwangerschafts-assoziierten, invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 48 (9 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

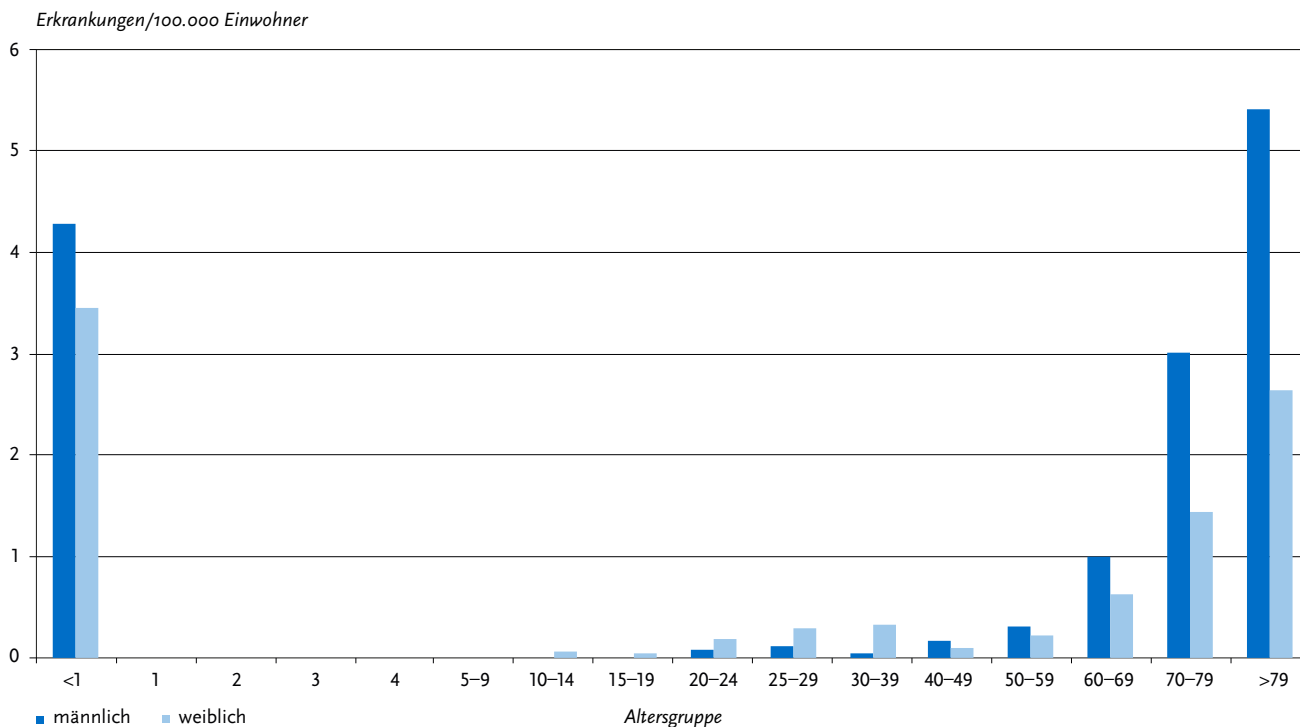
Sechzehn der 22 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (73 %) gaben grippeähnliche Symptome oder Fieber an. Drei Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose hatten eine Sepsis. Unter den 22 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurde bei 2 Fällen eine Totgeburt, bei 2 Fällen eine Fehlgeburt und bei 10 eine Frühgeburt angegeben. Eine symptomatische Listerien-Infektion lag bei 15 Neugeborenen vor: 12 (40 %) zeigten ein septisches Krankheitsbild, 4 (13 %) eine Atemstörung und ein Neugeborenes (3 %) hatte eine Meningitis oder Enzephalitis (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 31 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2019: 40). Unter diesen waren 26 nicht-schwangerschafts-assoziierte Listeriosen und 5 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2020 bei 5 %. Die Listeriose ist damit die meldepflichtige Krankheit mit der dritthöchsten Letalität, nach der *Clostridioides-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf und Meningokokken.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 konnte durch Untersuchung der Genomsequenzen der Listerien-Isolate ein bundeslandübergreifender Listeriose-Ausbruch mit dem internen RKI-Namen Ny9 identifiziert werden. Insgesamt 42 Isolate von gemeldeten Fällen waren so nah verwandt, dass davon auszugehen ist, dass die Patienten sich an einer gemeinsamen Quelle infiziert haben. Es waren 19 Frauen und 23 Männer im Alter von 0 bis 93 Jahren (Median 80) betroffen. Es lagen 2 schwangerschafts-assoziierte Listeriosen

Abb. 6.37.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=575)



vor. Drei Personen wurden als verstorben übermittelt. Durch systematische Befragungen der Ausbruchsfälle und den Abgleich von Genomsequenzen von Listerien-Isolaten zwischen dem Nationalen Referenzlabor am BfR und dem Konsiliarlabor am RKI konnte geräuchertes Forellenfilet eines Produzenten als wahrscheinliches Lebensmittelvehikel identifiziert werden. Nach einem Produktrückruf ist die Fallzahl seit Dezember 2021 sehr deutlich zurückgegangen.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Die Inzidenz der im Jahr 2020 übermittelten Listeriosen ist das dritte Jahr in Folge nach einem jahrelang ansteigenden Trend, rückläufig. Allerdings kann die Inzidenz in Relation zu den Fallzahlen seit 2001 weiterhin als hoch bewertet werden.

Literaturhinweise

- Lüth S, Halbedel S, Rosner B, et al.: *Backtracking and forward checking of human listeriosis clusters identified a multiclonal outbreak linked to Listeria monocytogenes in meat products of a single producer.* Emerg Microbes Infect 2020. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1784044>
- 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. <https://doi.org/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. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2310.161623>

Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: *Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015.* Euro Surveill 2015. <http://dx.doi.org/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

6.38 Malaria

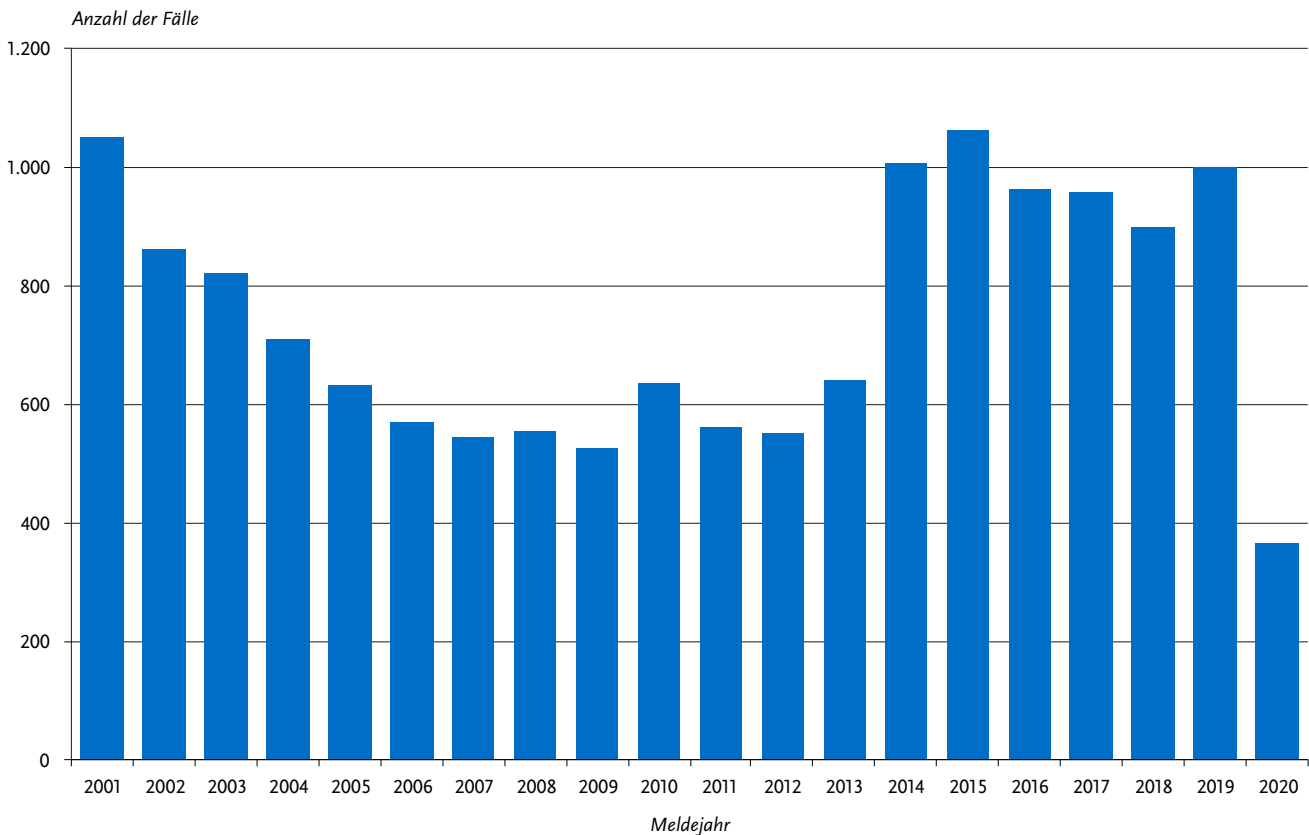


- Fälle 2020: 366
- Markanter Rückgang der Fallzahlen ab dem II. Quartal 2020 infolge der Reisebeschränkungen bedingt durch die COVID-19-Pandemie
- 94 % der Infektionen in Afrika erworben

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

Abb. 6.38.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



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 2020 insgesamt 366 Malaria-Fälle (0,4 Fälle pro 100.000 Einwohner; Vorjahr: 999 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 war die Fallzahl relativ konstant (s. Abb. 6.38.1). Im I. Quartal 2020 wurden mit 187 mehr Erkrankungen gemeldet als im I. Quartal 2019 (154 Erkrankungen); ab dem II. Quartal kam es zu einem Einbruch auf ca. 60 Erkrankungen pro Quartal.

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.38.2). Wie in den Vorjahren hatten die Stadtstaaten Hamburg (1,8 Fälle/100.000 Einw.; 33 Fälle), Bremen (0,9; 6 Fälle) und Berlin (0,7; 24 Fälle) die höchsten Inzidenzen. Die niedrigsten Inzidenzen traten in Thüringen (0,04; 1 Fall) und Sachsen-Anhalt (0,1; 2 Fälle) auf.

Tab. 6.38.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2020 (n=272)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kamerun	36	13 %
Nigeria	31	11 %
Kenia	26	10 %
Uganda	22	8 %
Ghana	21	8 %
Togo	16	6 %
Kongo, Demokratische Republik	13	5 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	10	4 %
Tansania	10	4 %
Sierra Leone	8	3 %
Benin	8	3 %
Andere	71	26 %
Summe	272	100 %

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 272 Fälle (74 %, Vorjahr: 69 %) angegeben. Der weitaus größte Teil der Nennungen (256; 94 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.38.1). Am häufigsten genannt wurden Kamerun, Nigeria, Kenia, Uganda, Ghana und Togo. Diese Länder waren, in anderer Reihenfolge, auch 2019 am häufigsten genannt worden. Infektionsländer in Asien wurden bei 10 Fällen (2019: 16) angegeben. Infektionsländer außerhalb Afrikas und Asiens wurden bei 6 Fällen (2019: ebenfalls 6) angegeben.

Ein Fall einer *P. vivax*-Infektion trat im Sommer bei einer Frau in Baden-Württemberg auf, die seit vielen Jahren nicht außerhalb von Deutschland verreist und nie zuvor an einer Malaria erkrankt war. Der Infektionsweg konnte nicht zweifelsfrei ermittelt werden. Eine Übertragung durch einheimische *Anopheles*-Mücken in den heißen Sommermonaten 2020 ist denkbar.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wiesen die mittleren Altersgruppen von 20 bis 49 Jahren auf. Jungen und Männer hatten mit insgesamt 0,6 Fälle/100.000 Einw. eine 2-mal höhere Inzidenz als Mädchen und Frauen mit 0,3 Fälle/100.000 Einw. Bei Kindern unter 10 Jahren war das Geschlechterverhältnis nahezu ausgeglichen (s. Abb. 6.38.3).

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.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 346 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (95 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 240 Fällen (69 %; 2019: 820 Fälle, 85 %) am häufigsten diagnostiziert. An zweiter Stelle lag *P. ovale* mit 38 Fällen (2019: 32 Fälle), gefolgt von *P. vivax* mit 33 Fällen (2019: 39 Fälle), *P. malariae* mit 20 Fällen (2019: 34 Fälle) und Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) mit 7 Fällen (2019: 17 Fälle). Bei 6 Fällen wurde eine Mischinfektion angegeben (s. Tab. 6.38.2) und bei 2 Fällen, beide mit Infektionsland Thailand, eine *P. knowlesi*-Infektion (2019: 0 Fälle). Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen am deutlichsten (um 71 %) zurückgegangen. Bei *P. malariae*-Infektionen betrug der Rückgang 41 %, bei M. tertiana (Fälle mit Angabe *P. vivax* oder *P. ovale* oder ohne weitere Differenzierung) nur 11 % (von 88 auf 78 Fälle).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2020 wurde ein Malaria-Fall mit tödlichem Verlauf berichtet. Es handelt sich um einen Mann Anfang 20, der nach einem Aufenthalt in Tansania an Malaria tropica erkrankt war. Ein zweiter Mann ist in zeitlichem Zusammenhang mit einer *P. ovale*-Infektion gestorben. Es lagen gleichzeitig andere Erkrankungen vor, so dass die Malaria sehr wahrscheinlich nicht die Todesursache war.

Datenqualität

Für 256 Fälle (70 %; Vorjahr: 68 %) lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 109 Fälle nur der Laborbogen, für einen Fall nur der Arztbogen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland sind in der Regel nur im Arztbogen vorhanden.

Tab. 6.38.2:

Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2020 (n=346)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	240	69,4 %
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	38	11,0 %
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	33	9,5 %
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	20	5,8 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	7	2,0 %
Mischinfektion	6	1,7 %
<i>Plasmodium knowlesi</i>	2	0,6 %
Summe	346	100,0 %

Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle lag 2020 bei nur 37 % des Vorjahreswertes. Der Einbruch der Fallzahlen setzte im II. Quartal mit Beginn der pandemiebedingten Reisebeschränkungen ein. Am stärksten war der Rückgang bei Malaria tropica, mäßig bei Malaria quartana und am geringsten bei Malaria tertiana. Aufgrund der längeren Inkubationszeiten der beiden letztgenannten Malariaformen wurden 2020 noch Erkrankungen gemeldet, die vermutlich auf Reisen im Jahr 2019 erworben wurden, bei M. tertiana zusätzlich Rezidiverkrankungen.

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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.38.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=366)
im Vergleich mit den Vorjahren

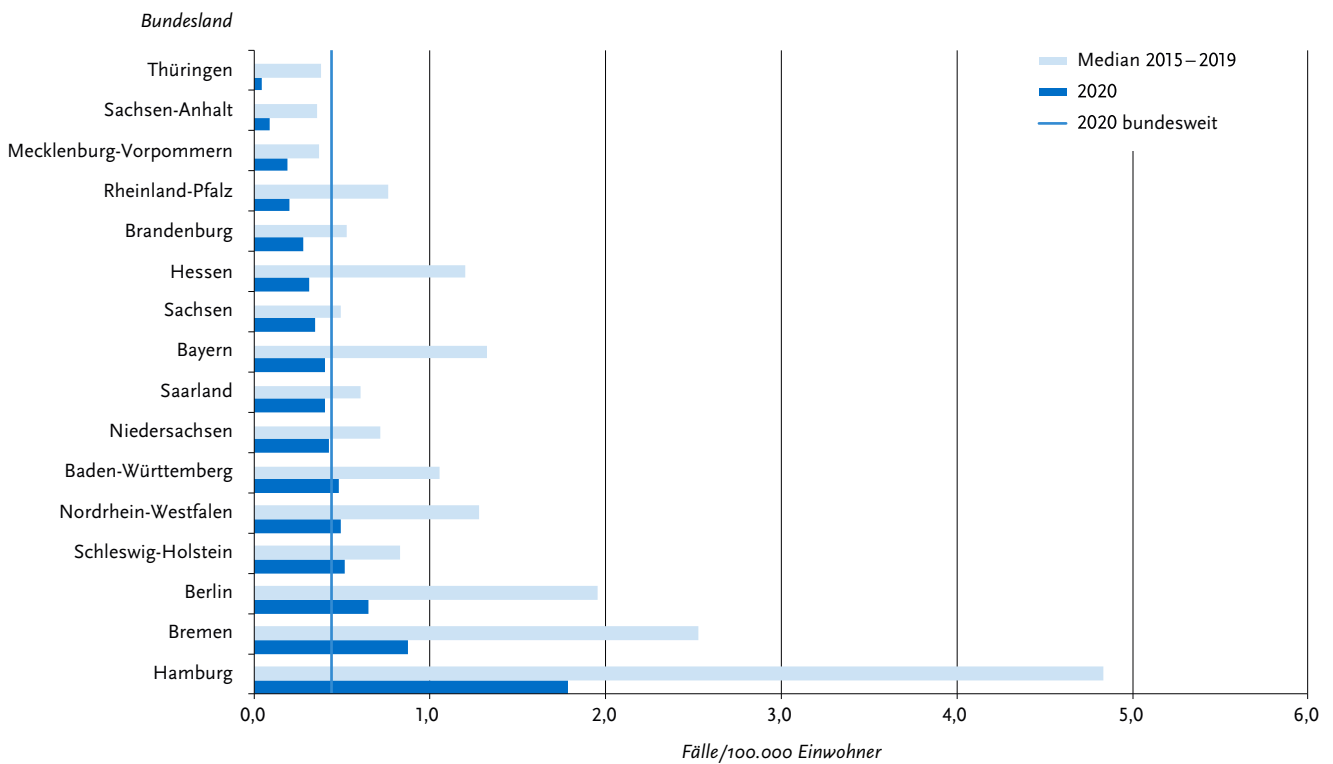
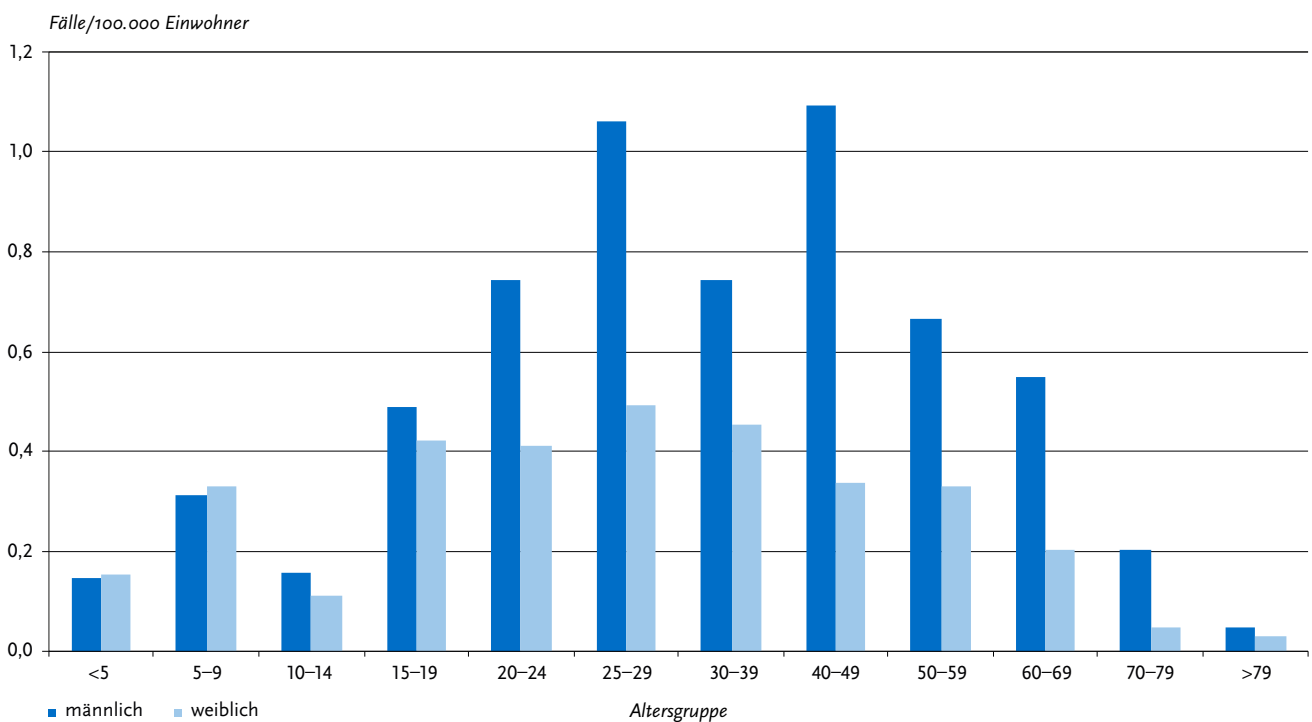


Abb. 6.38.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=363)



6.39 Masern



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 76
- ▶ Inzidenz: 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Weiterhin höchste Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren
- ▶ 8 Ausbrüche mit 48 Erkrankungen
- ▶ Starker Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2020, höchstwahrscheinlich aufgrund der Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie

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. Seit März 2020 gilt in Deutschland das Masernschutzgesetz, das eine Nachweispflicht einer ausreichenden Immunität (in der Regel durch Impfungen) gegen Masern bei bestimmten Bevölkerungsgruppen vorsieht.

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. 6.39.1). Im Jahr 2020 wurden 157 Fälle übermittelt, von denen 76 der Referenzdefinition entsprachen. Ein Teil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischem Bild könnte z. B. auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und abgeschwächter Symptomatik, die nicht der Falldefinition entspricht, zurückzuführen sein. Das RKI diskutiert eine entsprechende Änderung der Falldefinition, um die Inzidenz der Masern besser erfassen zu können.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2020 wurden 76 Masern-Erkrankungen und damit im Vergleich zu 2019 (n=515) weitaus weniger Fälle übermittelt. Angesichts einer in den Jahren 2018 und 2019 in der Europäischen Region wie auch global erheblich gestiegenen Fallzahl ist der Absturz der Fallzahlen der Masern in Deutschland wie auch in der Europäischen Region im Jahr 2020 beeindruckend. Dieser wurde höchstwahrscheinlich durch die globalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie (z. B. Kontaktverbote, Schließungen von Gemeinschaftseinrichtungen, Ein- und Ausreiseverbote) verursacht.

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 nach Referenzdefinition im Jahr 2020 übermittelten Masern-Erkrankungen die niedrigste seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2001. Im Jahr 2020 wurden Masern-Erkrankungen bis zur 15. Meldewoche übermittelt. Ab April gingen keine Fälle mehr am RKI ein. Eine Ausnahme bildet eine aus Pakistan importierte Masernerkrankung in der 45. Meldewoche (s. Abb. 6.39.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit deutlich niedriger als im Jahr 2019 (0,6) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,7). In Baden-Württemberg und dem Saarland lag die Inzidenz bei 0,2, in Rheinland-Pfalz, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Bayern und Berlin bei 0,1 Erkr./100.000 Einw. Aus 8 Bundesländern wurden gar keine Masernfälle übermittelt. Nur im Saarland lag (mit 2 übermittelten Fällen) die Inzidenz im Jahr 2020 über dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre. In allen anderen Bundesländern lag sie überwiegend weit darunter (s. Abb. 6.39.2). 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 im Jahr 2020 in 11 Bundesländern erreicht.

Rund 30 % der 76 Masern-Erkrankungen wurden aus Baden-Württemberg übermittelt (n= 23), gefolgt von Nordrhein-Westfalen mit 26 % (n=20) und Bayern mit 16 % aller Fälle (n=12). Alle anderen Bundesländer übermittelten dagegen im Jahr 2020 jeweils weniger als 10 oder gar keine Fälle.

Es lagen 67 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 66 Fälle mit

Tab. 6.39.1:
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	29	5 %	5	3 %
klinisch-epidemiologisch (B)	80	13 %	14	9 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	406	68 %	57	36 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	67	11 %	49	31 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	13	2 %	32	20 %
alle	595	100 %	157	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	515	87 %	76	48 %

Abb. 6.39.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2020

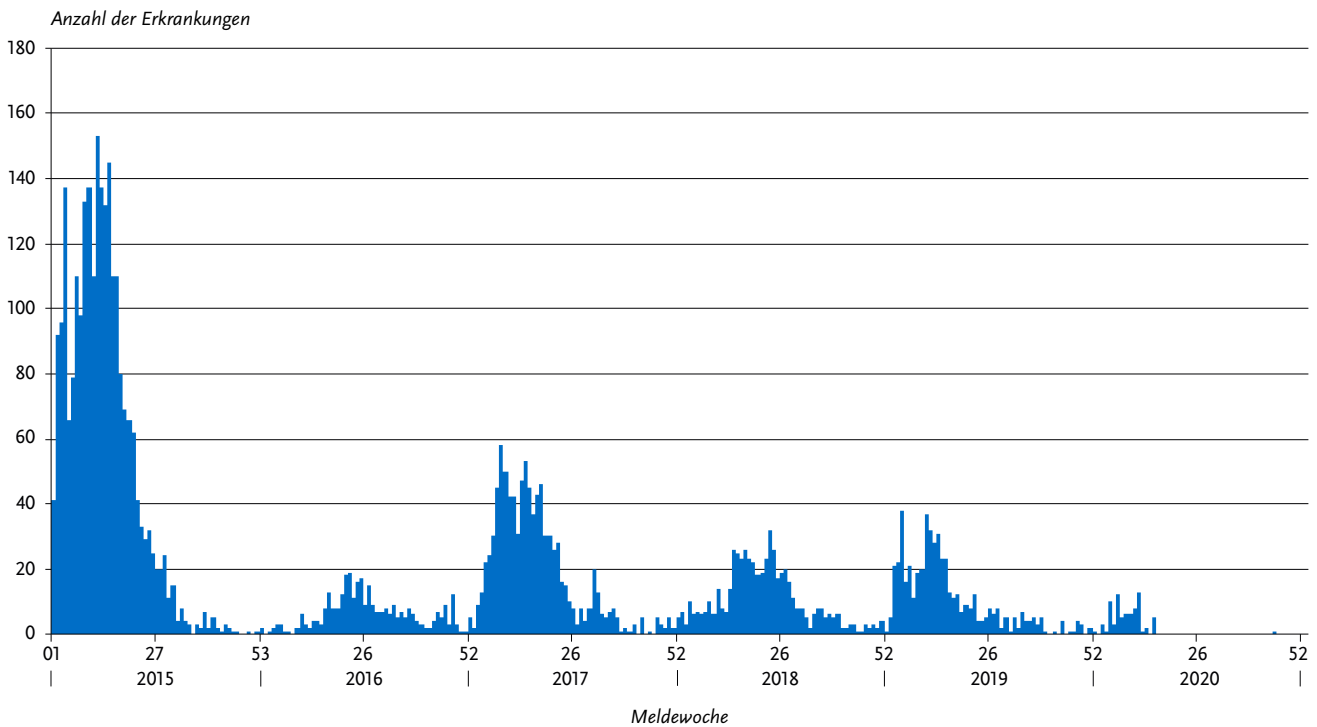
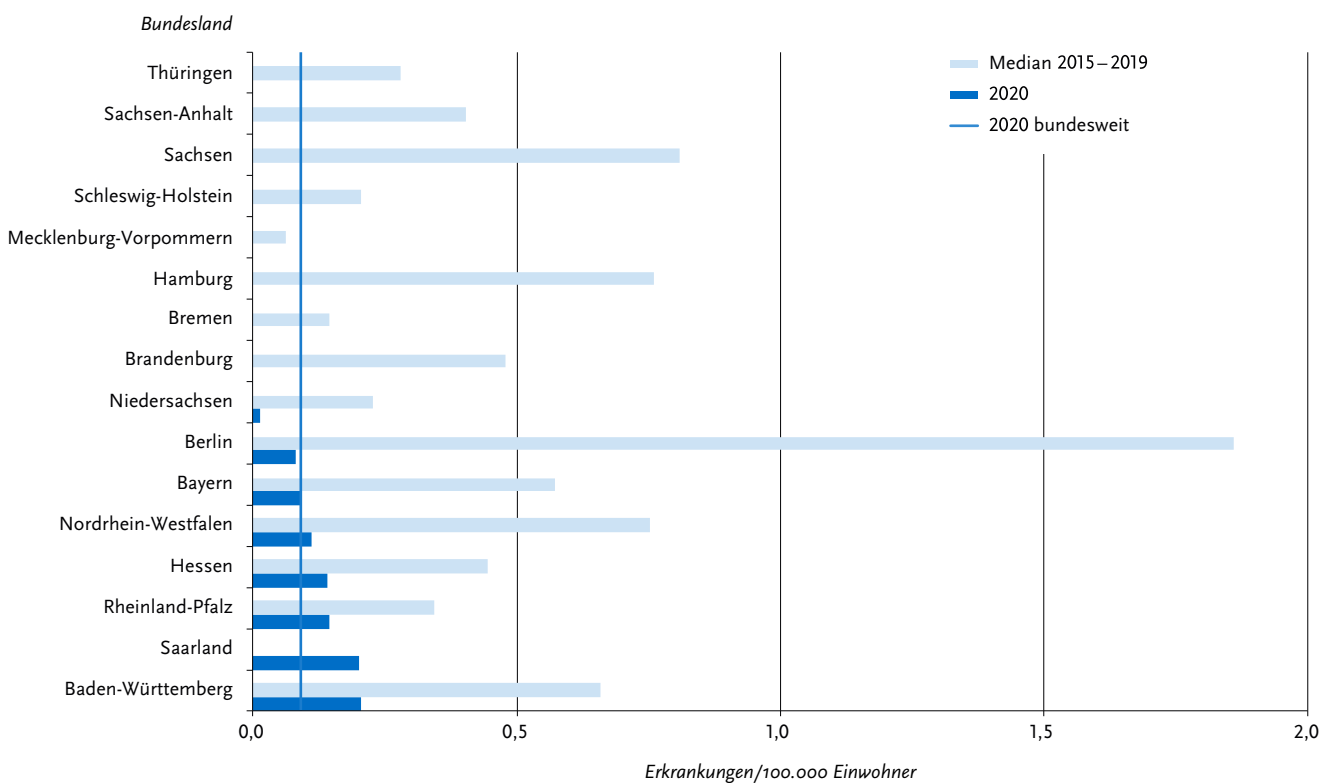


Abb. 6.39.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen/100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=76) im Vergleich zu den Vorjahren



Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (85 % der Nennungen; $n=57$). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden Rumänien ($n=4$) und Thailand ($n=2$) sowie Vietnam, Pakistan, Ägypten und Bulgarien (je $n=1$) angegeben.

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 und bei den Einjährigen bei jeweils 0,5 Erkr./100.000 Einw. Für die 2- und 3-Jährigen wurde eine Inzidenz von 0,2 und bei den 4-Jährigen eine Inzidenz von 0,1 berechnet. Für die 5- bis 9-Jährigen und für die 15- bis 19-Jährigen lag die Inzidenz bei 0,3. Für die anderen Altersgruppen bis zu einem Alter von 59 Jahren lag sie bei 0,1 oder darunter. Keiner der übermittelten Masernfälle war 60 Jahre oder älter.

In der Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen traten 30 % aller Erkrankungen auf (2019: 26 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 2-Jährigen bei rund 45 % (2019: 57 %). Weit über die Hälfte der Erkrankungen (70 %; 2019: 74 %) traten somit bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. In dieser Altersgruppe waren insbesondere die 15- bis 19-Jährigen (21 % von dieser Gruppe) und die 30- bis 39-Jährigen (26 %) betroffen.

Im Jahr 2020 bestand hinsichtlich der Gesamtinzidenz kein Unterschied zwischen den angegebenen Geschlechtern männlich und weiblich (je 0,1).

Die, laut Abbildung, vermeintlichen geschlechtsspezifischen Inzidenzunterschiede in den einzelnen Altersgruppen lassen sich aufgrund der geringen Fallzahlen nicht verallgemeinern.

Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung lag bei 36 % ($n=27$) und damit etwa gleich hoch wie im Jahr 2019. Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variiert nach Alter. So wurden im Jahr 2020 38 % (3 von 8) der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder bzw. 19 % (6 von 31) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren hospitalisiert (2019: 47 % bzw. 14 %). Unter Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 49 % (2019: 45 %).

Für 51 der 76 Erkrankten lagen im Jahr 2020 Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 46 Patienten (90 %, 2019: 91 %) keine Komplikationen angegeben. Bei 5 Masern-Erkrankungen wurden Komplikationen dokumentiert. Bei 4 Patienten war eine Lungenentzündung aufgetreten. Für einen weiteren Patienten mit einer Masern-Erkrankung wurde die aufgetretene Komplikation nicht näher spezifiziert. Es wurden keine Todesfälle aufgrund der Masern übermittelt.

Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) als Spätfolge einer Masern-Erkrankung wurde im Jahr 2020 im Rahmen des im März in Kraft getretenen Masernschutzgesetzes meldepflichtig. Es wurde kein SSPE-Fall übermittelt.

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 Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von

Abb. 6.39.3:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2020 ($n=76$)

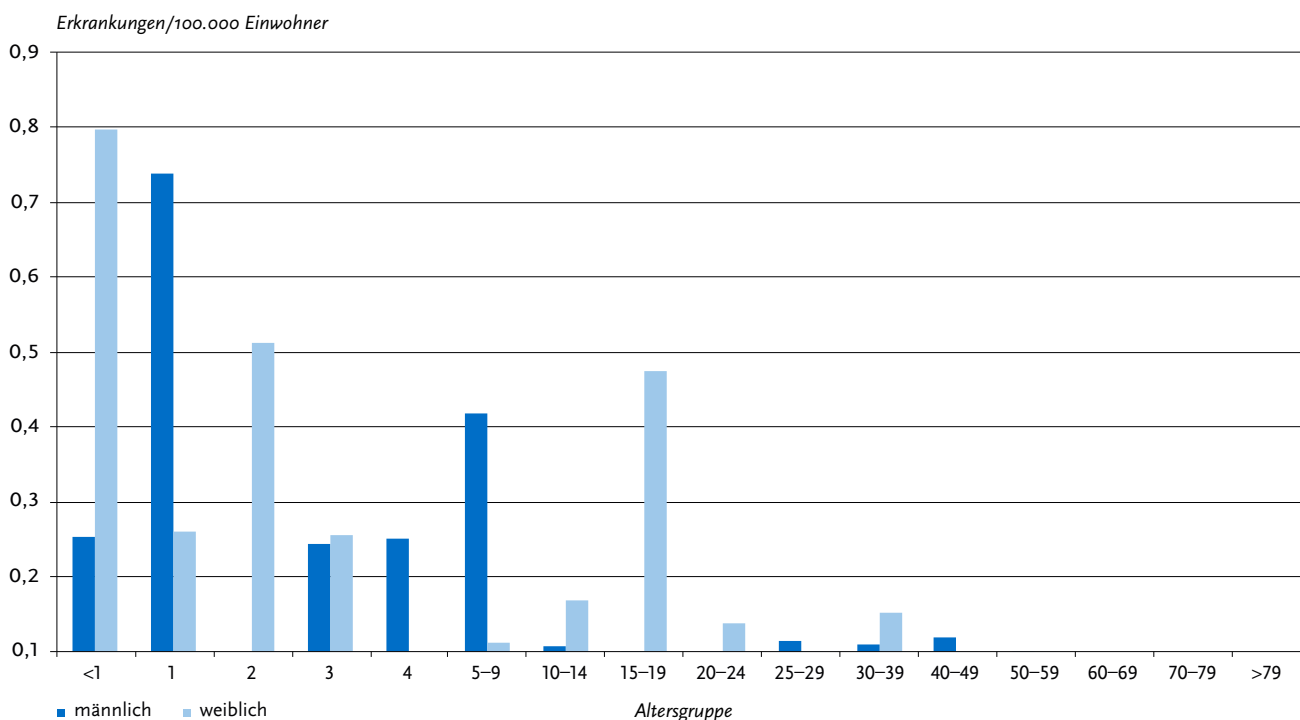
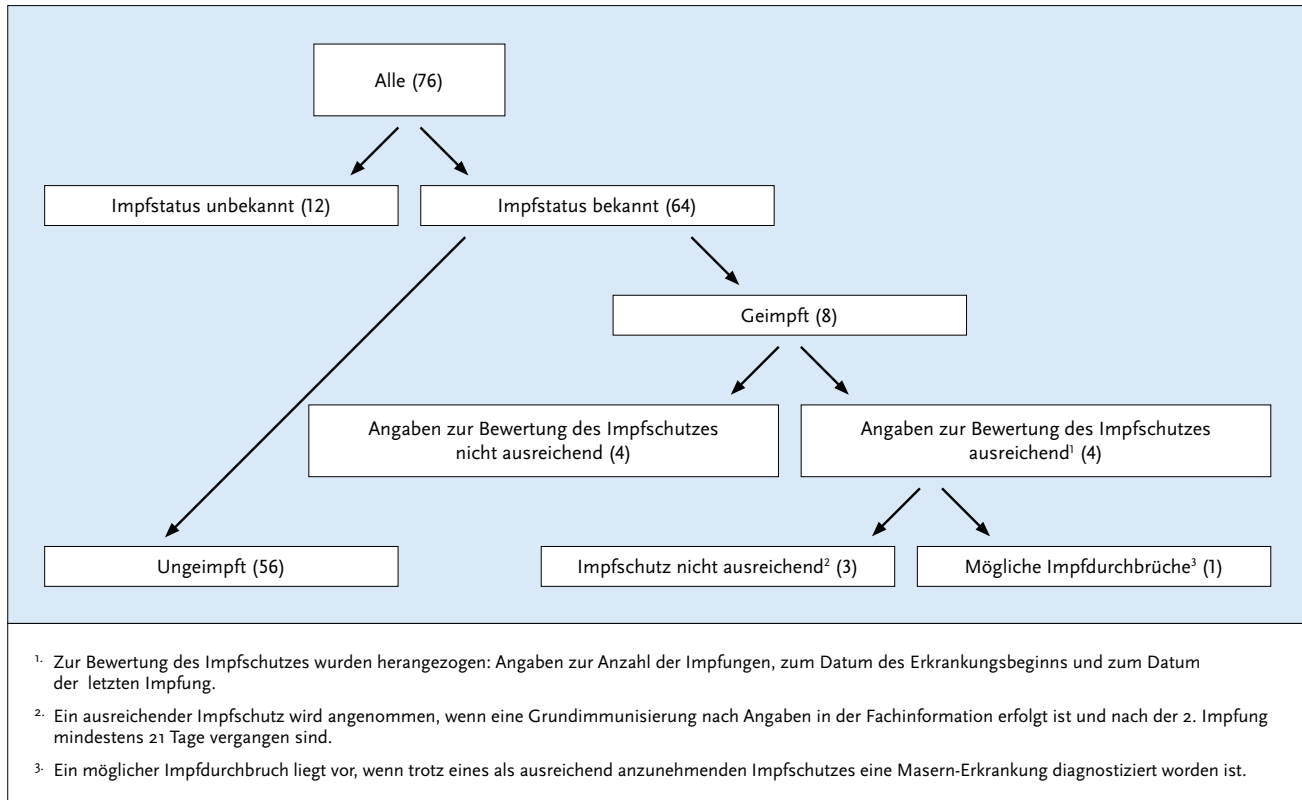


Abb. 6.39.4:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=76)



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 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 76 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 64 Fällen (84%) bekannt. Von diesen wurden 8 (12%) als geimpft und 56 (88%) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.39.4).

Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung herangezogen. Diese lagen bei 4 der 8 Geimpften vollständig vor. Bei 3 dieser 4 geimpften Personen kann ein unzureichender Impfschutz angenommen werden. Sie waren bisher nur einmalig zeitgerecht geimpft; 2 von ihnen hatten ihre erste Impfung wenige Tage vor Beginn der Erkrankung erhalten, was für postexpositionelle Impfungen zur Verhinderung des Ausbruchs der Erkrankung spricht. Zwei der 3 einmal geimpften Personen waren zum Zeitpunkt der

Impfung deutlich älter als 2 Jahre. Bei ihnen hätten die rechtzeitigen 2-maligen Impfungen gemäß STIKO-Empfehlung höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können. Ein Kind im ersten Lebensjahr war regelhaft einmalig geimpft. Bei einem 2-fach Geimpften mit Angabe des Impfdatums kann von einem möglichen Impfdurchbruch ausgegangen werden. Dieser Patient war 42 Jahre alt. Die letzte Impfung hatte im Jahr 1983 stattgefunden.

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 Masern Diagnose unsicher.

Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland war bis 2019 geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Wochen andauernden, auch bundeslandübergreifenden Transmissionsketten.

Im Jahr 2020 wurden 8 Ausbrüche mit 48 dazugehörigen Fällen (63% aller Fälle) übermittelt. Im Vorjahr wurden 65 Ausbrüche mit 311 Fällen verzeichnet (60% aller Fälle).

Im Jahr 2020 umfassten 5 Ausbrüche jeweils weniger als 5 Fälle und 3 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle (davon 2 Ausbrüche mit mehr als 10 Fällen). Ausbrüche wurden aus 6 Bundesländern (Baden-Württemberg [n=2], Bayern [n=1], Hessen [n=1], Nordrhein-Westfalen [n=2],

Rheinland-Pfalz [n=1] und dem Saarland [n=1]) übermittelt. Bundeslandübergreifende Ausbrüche sind nicht übermittelt worden.

Der größte Ausbruch mit insgesamt 16 Fällen nach Referenzdefinition begann im Januar 2020 in einem Landkreis in Baden-Württemberg nach einem Import aus Frankreich. Die letzte Erkrankung im Rahmen dieses Ausbruches trat Mitte Februar auf. Ein weiterer größerer Ausbruch mit 12 Fällen nach Referenzdefinition ereignete sich Ende Januar bis Mitte März in Nordrhein-Westfalen. Die Ausbrüche traten überwiegend im privaten Umfeld oder in medizinischen Behandlungszentren oder Krankenhäusern auf.

Datenqualität

Eine labordiagnostische Untersuchung von Verdachtsfällen ist sehr wichtig, da bei einer niedrigen Inzidenz der Masern in Deutschland und bei häufigem Auftreten von nur einigen oder sporadisch erfassten Fällen der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern Diagnose sehr niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte immer bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften erfolgen. Der Anteil an klinisch-laborbestätigten und epidemiologisch verlinkten Fällen lag mit 93 % erfreulicherweise hoch und übertrifft damit die von der WHO geforderten 80 %.

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 30 der 76 übermittelten Erkrankungen (40 %; 2019: 43 %) war eine Genotypisierung veranlasst worden, die bei 27 Fällen erfolgreich war. 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 (keine Zugehörigkeit zu einem Ausbruch) 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 Bundes-

länder!) 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.

Fazit

Für das Jahr 2020 wurde eine Masern-Inzidenz von 0,1 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2019: 0,6). 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 knapp erreicht. Die übermittelte Masernfallzahl ist momentan, höchstwahrscheinlich aufgrund der nicht-pharmazeutischen Infektionsschutzmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie (z. B. Kontaktverbote, Schließungen von Gemeinschaftseinrichtungen, Ein- und Ausreiseverbote), auf einem historisch tiefen Niveau.

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. Etwa 70 % der Erkrankungen wurde in den Altersgruppen der 10-Jährigen und älter erfasst, 26 % dieser Fälle waren zwischen 30 und 39 Jahre alt. Dieser Anteil hat in den letzten Jahren wieder 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.

Es ist nicht zu erwarten, dass die Masernfallzahlen in Deutschland und der Europäischen Region so niedrig bleiben, wenn die Maßnahmen gegen die COVID-19-Pandemie wieder gelockert werden. Weltweit sind weiterhin große Reservoirs der Masern vorhanden. Wichtig bleibt es, die Immunitätslücken in der Bevölkerung zu erkennen und so schnell wie möglich zu schließen.

Literaturhinweise

- Ullrich A, Schranz M, Rexroth U, et al.: *The impact of the COVID-19 pandemic and associated public health measures on other notifiable infectious diseases under national surveillance in Germany, week 1-2016 – week 32-2020.* Lancet Regional Health - Europe 2021. Preprint: <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3748410>
- Schmid-Küpke NK, Matysiak-Klose D, Siedler A, et al.: *Cancelled routine vaccination appointments due to COVID-19 pandemic in Germany.* Vaccine X 2021. <https://doi.org/10.1016/j.jvax.2021.100094>

- 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.17.1800529>
- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland – erste erfreuliche Ergebnisse erzielt*. Epid Bull 2021; 15:3–7. <https://doi.org/10.25646/8109>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- 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. <https://doi.org/10.25646/70274>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6447>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6212>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6213>
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe bei Risikopersonen*. Epid Bull 2017; 2:17–25. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-002.1>
- 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
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.40 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 138
- ▶ Abnahme der Fallzahlen im Jahr 2020 um 46 %
- ▶ Abfall der Todesfälle auf 16 (Vorjahr: 29)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern, gefolgt von Jugendlichen
- ▶ 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 die Serogruppe B am häufigsten vorkommt, gefolgt von den Serogruppen Y, W und C. 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 (Falldefinitions-kategorie A) die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist (s. Tab. 6.40.1). Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitions-kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 erfüllten insgesamt 138 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 46 % weniger als im Vorjahr. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem 69 % aller invasiven Meningokokken-Infektionen des Jahres 2020 auftraten (s. Abb. 6.40.1). Durch die starke Abnahme der Fälle in den nachfolgenden Quartalen durch die Implementierung nicht-pharmazeutischer Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie ist dieser Anteil jedoch deutlich höher als in den 5 Vorjahren, in denen 32 bis 40 %, insg. 36 % aller Infektionen im I. Quartal auftraten.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,3 Erkr./100.000 Einw.) und schwankte in den Bundesländern zwischen 0 (Bremen) und 0,3 Erkr./100.000 Einw. (Baden-Württemberg und Berlin). Gegenüber dem Median der 5 Vorjahre nahm die Inzidenz in allen Bundesländern ab (s. Abb. 6.40.2).

Von den 102 (74 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 101 (99 %) ausschließlich Deutschland, in einem Fall wurde die Republik Moldau als Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten 5 Lebensjahren auf, insbesondere bei Säuglingen (2,6 Erkr./100.000 Einw.) und Einjährigen (1,0 Erkr./100.000 Einw.). Ein zweiter, kleinerer Gipfel bestand in den Altersgruppen der 15- bis 19-Jährigen und der 20- bis 24-Jährigen (jeweils 0,3 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht nicht (jeweils 0,2 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.40.3). Allerdings waren besonders Säuglinge männlichen Geschlechts häufiger betroffen als Säuglinge weiblichen Geschlechts; Frauen waren ab dem Alter von 50 Jahren etwas häufiger betroffen als Männer (Abb. 6.40.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 97 (70 %) der 138 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 88 %). Die Tabelle 6.40.2 zeigt die Verteilung dieser

Tab. 6.40.2:
Serogruppen-Verteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2020 (n=97 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Serogruppe B	53	54,6 %
Serogruppe Y	19	19,6 %
Serogruppe W	11	11,3 %
Serogruppe C	8	8,2 %
NG (»keine Serogruppe bestimmbar«)	5	5,2 %
Serogruppe E	1	1,0 %
Summe	97	100,0 %

Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist mit 53 Fällen (55 %) für die Mehrzahl der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen verantwortlich (Vorjahr: 137 [61 %]); gefolgt von der Serogruppe Y mit 19 (20 %) Fällen (Vorjahr: 41 [18 %]). Die Serogruppe W wurde bei 11 (11 %) (Vorjahr: 18 [8 %]) und die Serogruppe C wurde bei 8 (8 %) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen nachgewiesen (Vorjahr: 27 [12 %]). Bei 5 Fällen (5 %) wurde keine Serogruppe aufgrund einer fehlenden Kapsel nachgewiesen und in einem Fall wurden Meningokokken der Serogruppe E nachgewiesen. Bei den Vergleichen zum Vorjahr muss die unterschiedliche Vollständigkeit der Angaben zur Serogruppe mitberücksichtigt werden. Der Rückgang der Serogruppe-Y-Fälle fiel am geringsten aus.

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 14-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Von den 33 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe war bei 21 (64 %) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag 2020 mit einem Fall bei 5 % (Vorjahr: 4 %, 2 Fälle). Während invasive Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe insgesamt um 83 % abnahmen (2020: 19 Fälle gegenüber 2006: 115 Fälle), sind die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C sogar um 98 % (2020: ein Fall gegenüber 2006: 48 Fälle) zurückgegangen. Einschränkend muss auch hier auf die niedrigere Vollständigkeit der Angaben zur Serogruppe sowie der starke Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2020 verwiesen werden. Zusammen mit an anderer Stelle veröffentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rück-

gang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Infektionen bei Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten jedoch weiterhin für eine hohe Wirksamkeit der Meningokokken-C-Impfung.

Klinische Aspekte

Angaben zur Bewertung des klinischen Bildes wurden bei 108 der 138 invasiven Meningokokken-Infektionen (78 %) gemacht. Nach diesen Angaben lagen bei 71 (66 %) Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 71 (66 %) ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 34 (31 %) Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 14 (13 %) Fällen und Purpura fulminans bei 3 (3 %) Fällen angegeben.

Insgesamt 16 Fälle mit invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben hierzu (n=138) wurden als verstorben übermittelt, davon sind 11 an der gemeldeten Krankheit verstorben, 4 Erkrankte aufgrund anderer Ursache; bei einem Erkrankten war der Grund nicht bekannt. Die Letalität lag somit bei 12 % (Vorjahr: 11 %). Die Letalität bei Fällen mit der Serogruppe B lag 2020 bei 13 % (6 von 47). Von den Fällen mit der Serogruppe C, W bzw. Y starb jeweils ein Fall an der invasiven Meningokokken-Infektion (Letalität 14 %, 10 % bzw. 6 %).

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im zweiten Lebensjahr empfohlen. Dazu stehen 2 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. Drei Konjugat-Impfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sind zur Impfung ab dem Alter von 6 Wochen, 12 Monaten 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 Impfkommision für Kin-

Tab. 6.40.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	3	1 %	4	3 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	242	94 %	123	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	10	4 %	8	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2	1 %	3	2 %
alle	257	100 %	138	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	257	100 %	138	100 %

Abb. 6.40.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020 (n=1.597)

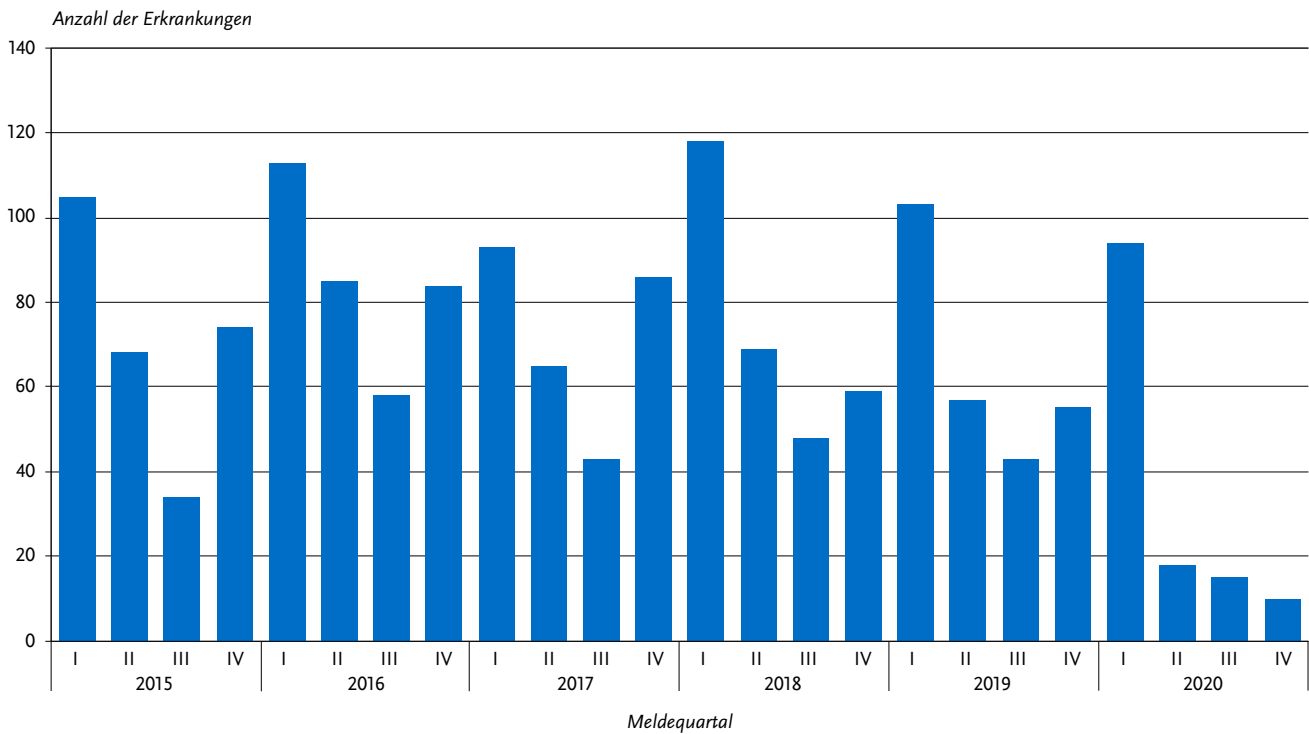


Abb. 6.40.2:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=138) im Vergleich mit den Vorjahren

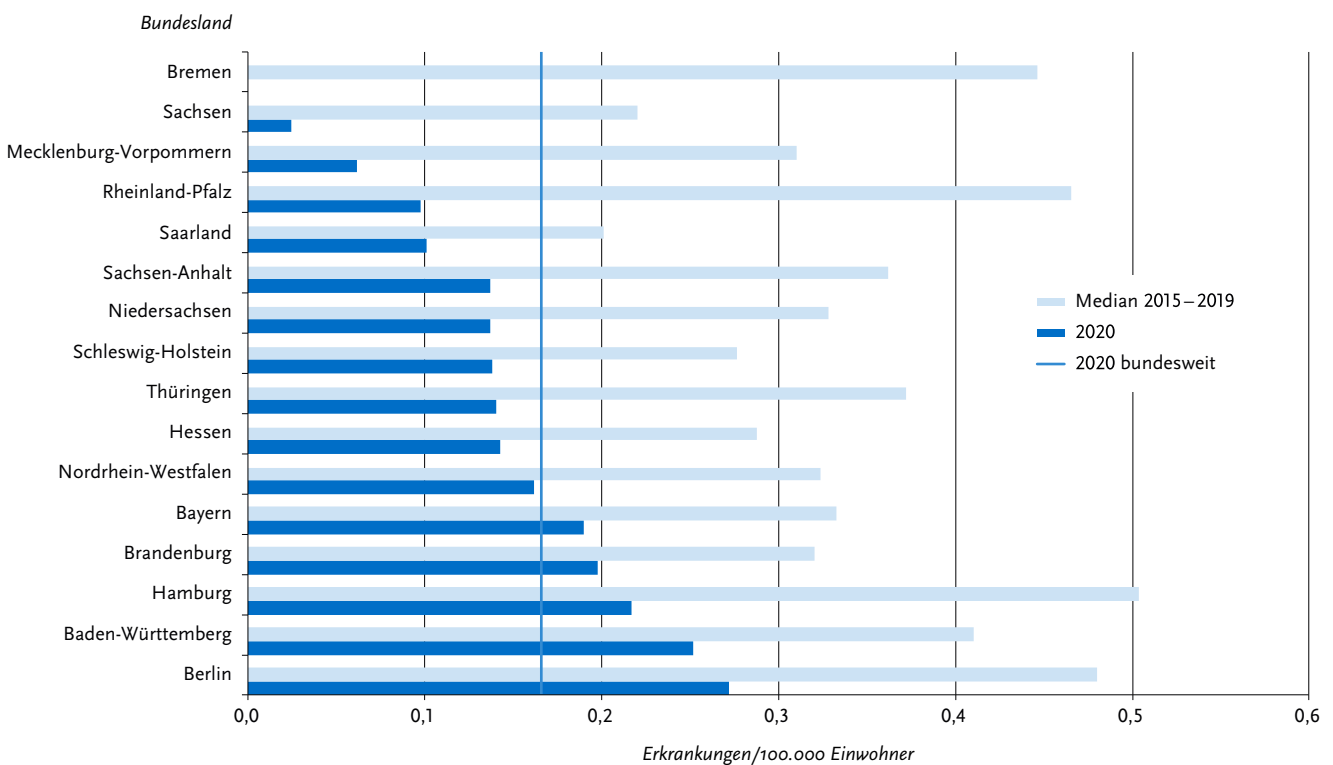
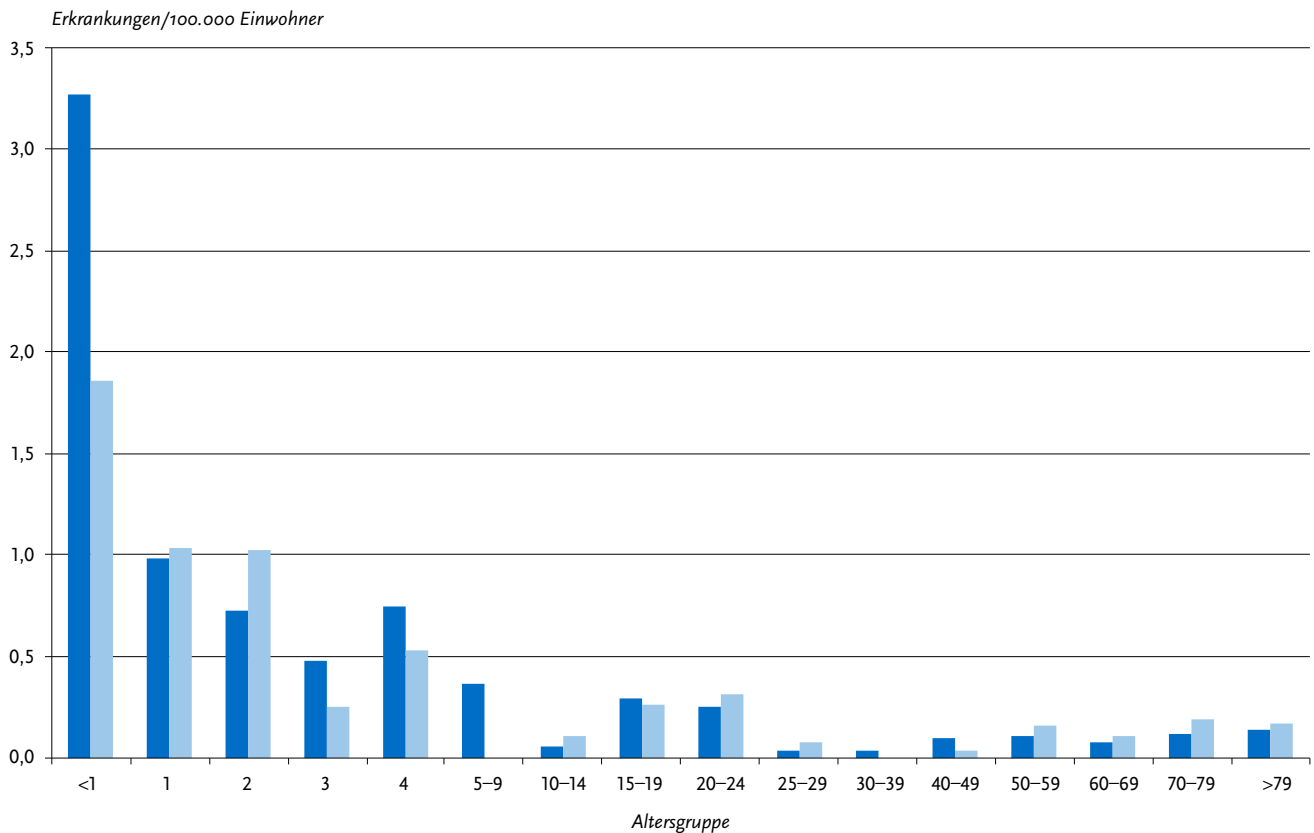


Abb. 6.40.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=138)



der in Sachsen bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 12 Monaten mindestens 2 Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten; bei allen anderen Altersgruppen insg. 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 91 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 23 Fällen (25%) die Angabe zum Impfstatus. Auch bei 16 von 41 Fällen ohne Angabe der Serogruppe (39%) war der Impfstatus unklar.

Von den 53 übermittelten Fällen der Serogruppe B lagen für 44 Informationen zum Impfstatus vor. Für 12 von diesen wurde eine Impfung angegeben; bei 10 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen die Serogruppe C bzw. die Serogruppen AC oder ACWY und bei 2 Fällen konnte die Art der Impfung nicht ermittelt werden. Von den 8 Serogruppe C-Erkrankten hatten 4 eine Angabe zum Impfstatus; darunter hatte kein Fall eine Meningokokken-C-Impfung erhalten. Von den 11 Serogruppe W-Erkrankten lag für 9 eine Angabe zum Impfstatus vor, von diesen hatte keiner eine Impfung erhalten. Von den 19 Fällen der Serogruppe Y hatten 11 eine Angabe zum Impfstatus; davon war für 2 eine Impfung angegeben. Bei einem Fall handelte es sich um die Meningokokken C-Impfung und im anderen lagen keine Angaben zur Art der Impfung vor. Bei 2 Fällen ohne Angabe der Serogruppe wurde eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff angegeben. Soweit die Daten vorliegen, wurden daher im Jahr 2020 bei den übermittelten

invasiven Meningokokken-Erkrankungen keine möglichen Impfdurchbrüche identifiziert.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurde eine Häufung mit 2 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Es handelte sich um 2 Fälle im gleichen Haushalt im Alter von 5 und 11 Jahren, die im Abstand von ca. 3 Wochen erkrankten. Ursächlich waren Meningokokken der Serogruppe B. Für den Folgefall wurde keine postexpositionelle Impfung angegeben.

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit Angaben zur Serogruppe lag bei 70% – und stellt damit eine deutliche Verschlechterung gegenüber dem Vorjahr (88%) dar. Es fehlten zudem Angaben zum Impfstatus bei 25% der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen mit impfpräventablen Serogruppen. 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 Vor-

liegen 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 2020 im Vergleich zum Vorjahr deutlich ab. Die implementierten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, wie das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und Kontaktbeschränkungen, sind hierfür die wahrscheinlichste Erklärung. Eine geringere Inanspruchnahme medizinischer Versorgung bei einer derart schweren Erkrankung erscheint unwahrscheinlich. Diese Entwicklung erschwert die Interpretation der Fortsetzung oder Veränderung von Trends im Jahr 2020. Der Rückgang betraf alle Serogruppen, war jedoch für die Serogruppe W am geringsten. Nach Aufhebung der Maßnahmen ist mit einem Wiederanstieg zu rechnen, der aufgrund einer verminderten Immunität infolge der derzeit geringeren Meningokokken-Besiedlung auch deutlich ausfallen könnte.

Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 nahm die Zahl der Fälle mit dieser Serogruppe in der primären Impfzielgruppe der ein- bis inzwischen 14-jährigen Kinder auf ein sehr niedriges Niveau ab (seit 2017 ein bis 2 Fälle jährlich). Der beobachtete Rückgang ist zudem weiterhin deutlich ausgeprägter als der Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe B.

Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der invasiven Meningokokken-Infektionen wie auch der Impfquoten in der Bevölkerung ist unerlässlich für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischungsimpfungen.

Literaturhinweise

- Krone M, Läm, T, Claus H, Vogel U: *Recurrent invasive meningococcal infections – quantifying the risk, Germany, 2002 to 2018*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.14.1800245>
- Tenenbaum T, Hellenbrand W, Schrotten H: *Impfstoffe gegen Meningokokken für das Kindesalter*. Monatsschr Kinderheilkd 2019. <http://dx.doi.org/10.1007/s00112-018-0635-7>
- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2020)*. <https://www.hygien.uni-wuerzburg.de/meningococcus/startseite/berichte/berichte-meningokokken/daten-2020>
- Whittaker R, Dias JG, Ramliden M, et al.: *The epidemiology of invasive meningococcal disease in EU/EEA countries, 2004–2014*. Vaccine 2017. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2017.03.007>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
- 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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-003.2>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.41 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. Vermutlich hat es seinen Ursprung in Fledermäusen und wurde danach auf dromedarische Kamele übertragen, die als Reservoir für Übertragungen auf den Menschen fungieren. Es kommen sowohl zoonotische als auch Mensch-zu-Mensch-Übertragungen vor. Eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bis jetzt jedoch nicht beobachtet.

Bis zum 31.12.2020 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 2.566 Fälle. Im Vergleich zu 2019 stieg die globale kumulative Fallzahl in 2020 nur um 47 Fälle an, wobei sich die Mehrzahl wiederum auf die erste Jahreshälfte konzentrierte. Möglicherweise hatten die im Rahmen der COVID-19-Pandemie getroffenen Maßnahmen auch einen dämpfenden Einfluss auf das Infektionsgeschehen von MERS. Seit 2012 haben 27 Länder Fälle an die WHO gemeldet. Die weltweite Inzidenz ist rückläufig. Von den gemeldeten 2.566 Fällen starben 882, im Jahr 2020 verstarben 16 (Fall-Verstorbenen-Anteil insgesamt von 34 %; Fall-Verstorbenen-Anteil für die Fälle in 2020: ebenfalls 34 % [16/47]).

Unter den Primärfällen überwiegen Personen im Alter von 40–80 Jahren, während die Sekundärfälle eher 20–60 Jahre alt sind. Der Fall-Verstorbenen-Anteil steigt mit zunehmendem Alter an.

Sämtliche bekannten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch ein großer südkoreanischer Ausbruch im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien, welches etwa 80 % aller Erkrankungen an die WHO meldete, berichteten 26 weitere Länder von mindestens einem Fall. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

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.

Nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft sind Dromedare die wichtigste Wirtsspezies für MERS-CoV und stellen die bisher einzige nachgewiesene Quelle für Infektionen beim Menschen dar. Zoonotische Infektionen beim Menschen ereignen sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare 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. Bei den meisten dokumentierten Fällen erfolgte die Übertragung jedoch von Mensch-zu-Mensch.

Übertragungen im Haushaltsbereich sind zwar dokumentiert, das weitaus wichtigste Setting ist jedoch der Krankenhausbereich, wo es immer wieder zu Ausbrüchen kam. 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. Sowohl die Zahl der außerhalb vom Gesundheitswesen erworbenen als auch die Zahl der im Krankenhaus erworbenen Fälle von MERS zeigt in den letzten Jahren eine rückläufige Tendenz. 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, Witzenthat 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. <https://doi.org/10.3201/eid2004.131375>
- 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>

6.42 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 2020 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebern 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 Heroingebern. Davor war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

Literaturhinweise

- Keim P, Grunow R, Vipond R, et al.: Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years. EBioMedicine 2015. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2015.10.004>
- Berger T, Kassirer M, Aran AA: Injectional anthrax – new presentation of an old disease. Euro Surveill 2014. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2012.0843>
- RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.43 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.126
- ▶ Seit 8 Jahren deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ 2020 gegenüber den Vorjahren verstärkte Abnahme der Fallzahl
- ▶ Höchste Inzidenz bei männlichen Erwachsenen über 79 Jahren

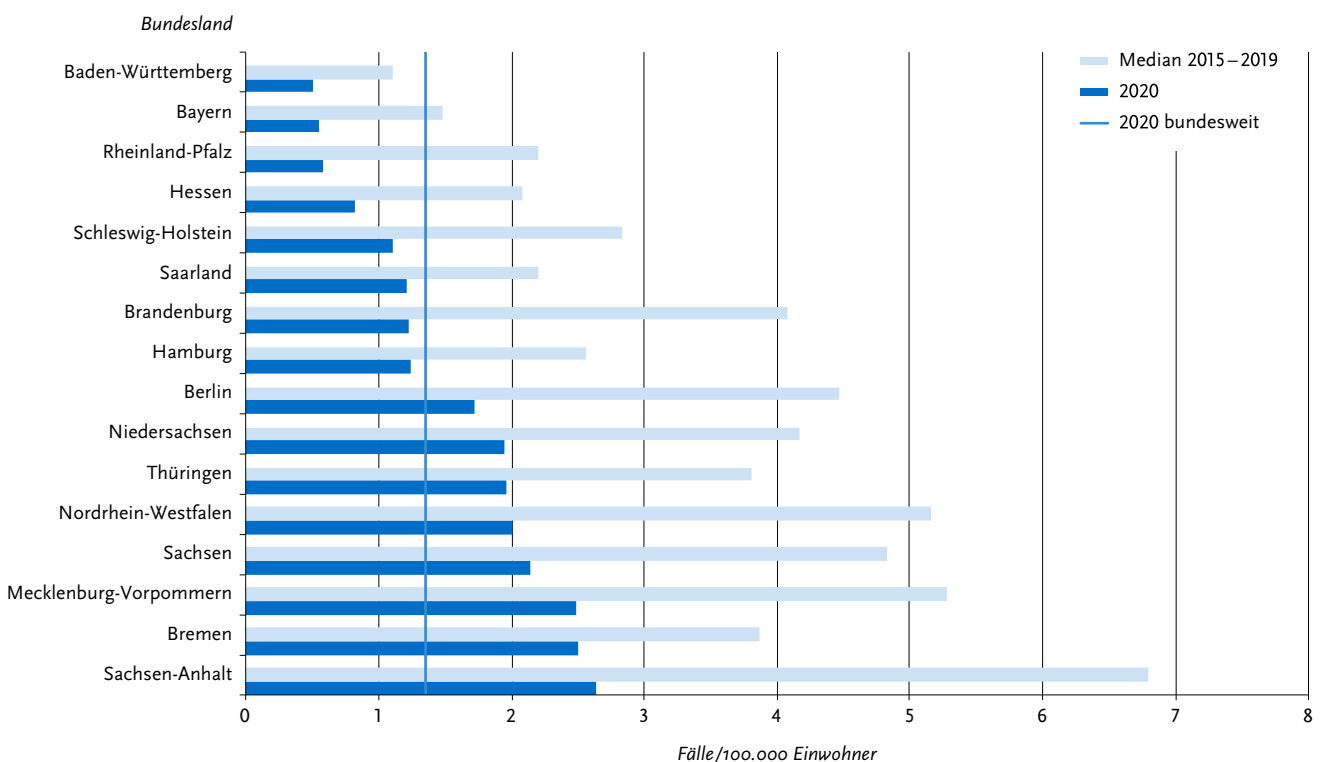
Kurzbeschreibung

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

Tab. 6.43.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.507	83 %	841	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	159	9 %	135	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	144	8 %	150	13 %
alle	1.810	100 %	1.126	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.810	100 %	1.126	100 %

Abb. 6.43.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.126) im Vergleich mit den Vorjahren



Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika ausgebildet, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierenden 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.

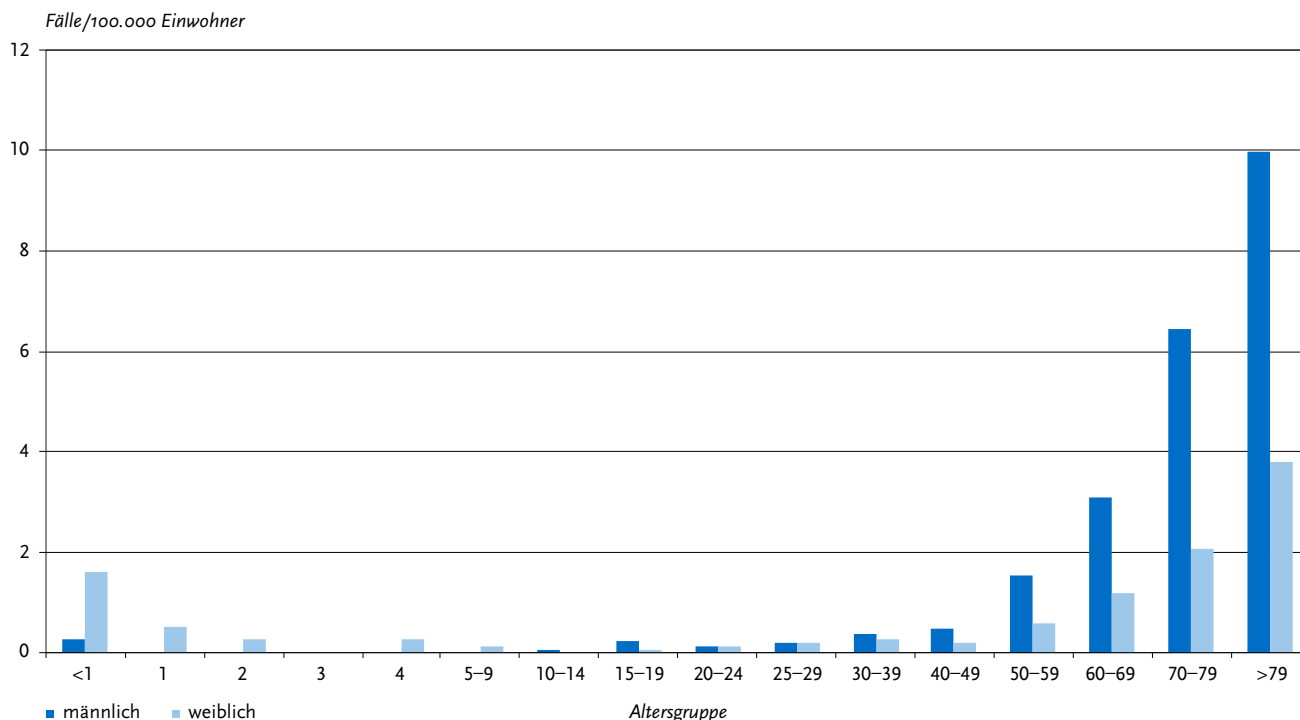
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.43.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 1.126 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 38 % weniger als im Vorjahr (1.810). Die Inzidenz in Deutschland betrug 1,4 Fälle pro 100.000 Einwohner und hat sich damit im Jahr 2020 im Vergleich zum Vorjahr (2,2) fast halbiert. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten, im Jahr 2020 war dies jedoch besonders ausgeprägt. Die Anzahl der nachgewiesenen MRSA-Infektionen lag bei 67,7 % (95 %-KI: 59,0–77,6 %) der erwarteten Anzahl von Fällen unter Berücksichtigung des seit 2012 beobachteten Rückgangs der übermittelten MRSA-Infektionen.

Abb. 6.43.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=1.124)



Geografische Verteilung

In allen Bundesländern wurde ein deutlicher Rückgang der übermittelten MRSA-Infektionen verzeichnet. Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,5 (Baden-Württemberg) und 2,6 (Sachsen-Anhalt) Infektionen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.43.1). 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 6,1 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 4,1. Insgesamt 78% der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (0,9) auf (s. Abb. 6.43.2). Mit einer Inzidenz von 1,8 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (0,9).

Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99% aus Blutkulturen. Bei 15 (1%) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 6 von diesen 15 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 914 der übermittelten Infektionen lagen klinische Angaben vor. Bei 539 (59%) der Infektionen mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 650 (71%) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 25% der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder

invasiven Zugängen anderer Art übermittelt. Es wurden 59 Todesfälle (5,3% von 1.118 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Patienten häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob der Patient an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist. Die 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 widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wird 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.

Im Rahmen der COVID-19-Pandemie lag eine hohe Arbeitsbelastung bei allen an der Meldung bzw. Übermittlung von Fallzahlen beteiligten Personen (Mitarbeitende im Krankenhaus, Laboren und öffentlichem Gesundheitsdienst) vor. Daher ist in Erwägung zu ziehen, dass zwar weniger meldepflichtige Infektionskrankheiten gemeldet und übermittelt wurden, aber kein tatsächlicher Rückgang der Anzahl der nachgewiesenen MRSA-Infektionen vorliegt. Da die in diesem Fall aufgrund von Nachmeldungen zu erwartenden erhöhten Fallzahlen während der Abschwächung der COVID-19-Pandemie in den Sommermonaten 2020 jedoch ausblieben, erscheint diese Theorie weniger plausibel.

Fazit

Die COVID-19-Pandemie hatte im Jahr 2020 auch entsprechende Auswirkungen auf die Anzahl der nachgewiesenen MRSA-Infektionen, welche signifikant niedriger als erwartet waren. Ob die Ursache hierfür beispielsweise in den pandemiebedingt geringeren Patientenzahlen (durch verschobene elektive Eingriffe/Aufnahmestopp) in den Krankenhäusern, verstärkten Hygienemaßnahmen oder auch in einer nicht vollständigen Meldung bzw. Übermittlung von Fallzahlen zu finden ist, lässt sich zum jetzigen Zeitpunkt und auf Basis der vorliegenden Daten nicht abschließend klären.

Literaturhinweise

- Brandl M, Hoffmann A, Willrich N, et al.: *Bugs that can resist antibiotics but not men: gender-specific differences in notified infections and colonisations in Germany, 2010–2019*. Microorganisms 2021. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9050894>
- Jurke A, Daniels-Haardt I, Silvis W, et al.: *Changing epidemiology of methicillin-resistant Staphylococcus aureus in 42 hospitals in the Dutch-German border region, 2012 to 2016: results of the search-and-follow-policy*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.1186/s12879-017-2271-6>
- Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten Staphylococcus aureus-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:696–732.
- Walter J, Haller S, Blank H, Eckmanns T, Abu Sin M, Hermes J: *Incidence of invasive methicillin-resistant Staphylococcus aureus infections in Germany, 2010 to 2014*. Euro Surveill 2015. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.46.30067>
- Reuss A, Klingenberg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: *Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8–11. <https://doi.org/10.25646/8026>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6320.2>
- RKI: *Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit S. aureus und Enterokokken*. Epid Bull 2016; 22:191–193.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.44 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 338
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 338 bis 835 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- ▶ 70 % 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 nimmt jedoch mit der Zeit ab (»waning immunity«).
- ▶ Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (52 Erkrankungen)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (36 %), 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. 6.44.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2020 wurden 338 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Die Zahl der Mumps-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr (593 Erkrankungen) um 43 % abgenommen. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 mit 835 Erkrankungen und das bisherige Minimum im Jahr 2018 mit 535 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten zwar im gesamten Jahr 2020 auf; aber die Fallzahl ist im Jahresverlauf kontinuierlich

zurückgegangen. Mehr als die Hälfte ($n=199$; 59 %) der Fälle wurde im I. Quartal und knapp ein Viertel (82; 24 %) im II Quartal übermittelt. In den beiden folgenden Quartalen sind 28 und 25 Mumps-Erkrankungen aufgetreten. Es ist zu vermuten, dass der Rückgang maßgeblich durch die während der COVID-19-Pandemie empfohlenen Schutzmaßnahmen bedingt ist, die die Übertragung und Ausbreitung von Mumps verhindert haben. (s. Abb. 6.44.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und hat sich im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre halbiert. Inzidenzen oberhalb des bundesweiten Durchschnitts wurden mit abnehmender Höhe in den folgenden Bundesländern bestimmt: Berlin (1,6), Hamburg (0,8) und Baden-Württemberg (0,6) (s. Abb. 6.44.2). Einen deutlichen Rückgang der Inzidenz um $\geq 70\%$ im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man in Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland, Bremen, Schleswig-Holstein und Nordrhein-Westfalen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 199 Erkrankungen vor (insgesamt 202 Nennungen, Mehrfachangaben möglich). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 182 von 202 (90 %) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben.

Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-Jährigen (0,9 Erkr./100.000 Einw.) und den 5- bis 9-Jährigen (1,2) verzeichnet. Bei den 10- bis 14-Jährigen ist die Inzidenz weniger als halb so hoch (0,5) und steigt dann bei den 15- bis 19-jährigen Jugendlichen (0,7) wieder etwas an. Die Inzidenz geht bei den höheren Altersgruppen (> 25 Jahre) nahezu kontinuierlich zurück und betrug im Alter ≥ 30 Jahre fortlaufend $< 0,6$ Erkr./100.000 Einw. Mehr als zwei Drittel (70 %) 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. 6.44.3). Die Mumps-Inzidenz in Deutschland ist bei Mädchen und Frauen etwas geringer als bei Jungen und Männern (0,4 und 0,5). Deutliche geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden bei den unter 5-Jährigen. Hier lag mit 1,4 Erkr./100.000 Einw. die Inzidenz der Jungen deutlich über der der Mädchen (0,5).

Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 318 (94 %) 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 118-mal (35 %), Orchitis 16-mal (8,6 % der Jungen und Männer), Hörverlust 4-mal (1,2 %), Pankreatitis 3-mal (0,9 %), Enzephalitis 2-mal (0,6 %) und Meningitis einmal (0,3 %).

Im Jahr 2019 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff) erfolgen. Seit 2001 gilt die aktuelle STIKO-Empfehlung, wonach die 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 338 übermittelten an Mumps Erkrankten war der Impfstatus bei 259 (77 %) bekannt. Von diesen wurden 120 (46 %) als geimpft und 139 (54 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.44.4). Bei 68 der 120 (57 %) geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: Es wurden davon 16 Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet; (i) 6 Erkrankte die zum Zeitpunkt der Erkrankung < 18 Jahre alt waren und nur einmal geimpft waren, sowie (ii) 10 Erkrankte im Alter ≥ 18 Jahre, die ebenfalls nur einmal geimpft waren und bei denen die Impfung im Kindesalter erfolgt war. Es wurden 52 Mumps-Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung als »ausreichend geimpft« beurteilt. Darunter war (iii) ein Erkrankter, der 3-mal gegen Mumps geimpft worden waren, (iv) 40 Mumps-Erkrankte, die im Alter < 18 Jahren 2-mal geimpft worden waren und bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betragen hat, (v) 5 Mumps-

Tab. 6.44.1:
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	182	23 %	88	16 %
klinisch-epidemiologisch (B)	27	3 %	13	2 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	384	49 %	237	44 %
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	69	9 %	66	12 %
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	117	15 %	130	24 %
alle	779	100 %	534	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	593	76 %	338	63 %

Abb. 6.44.1:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2020

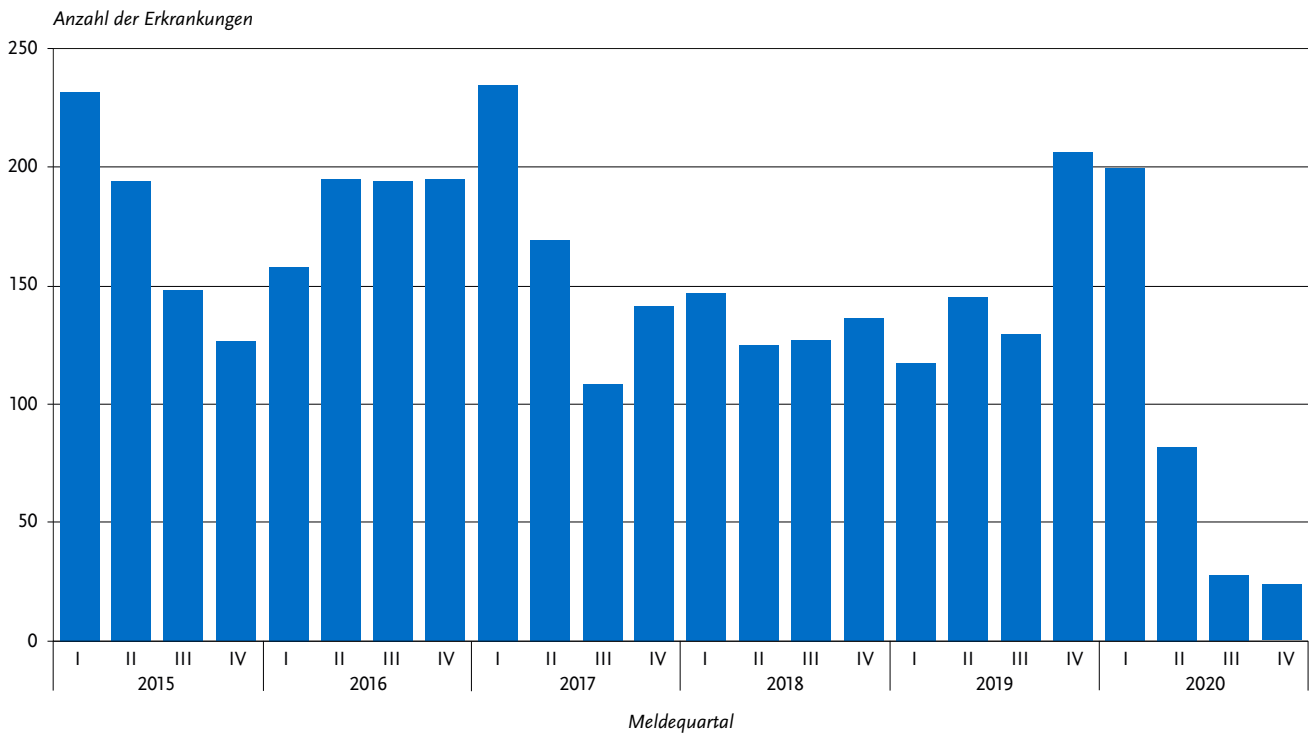
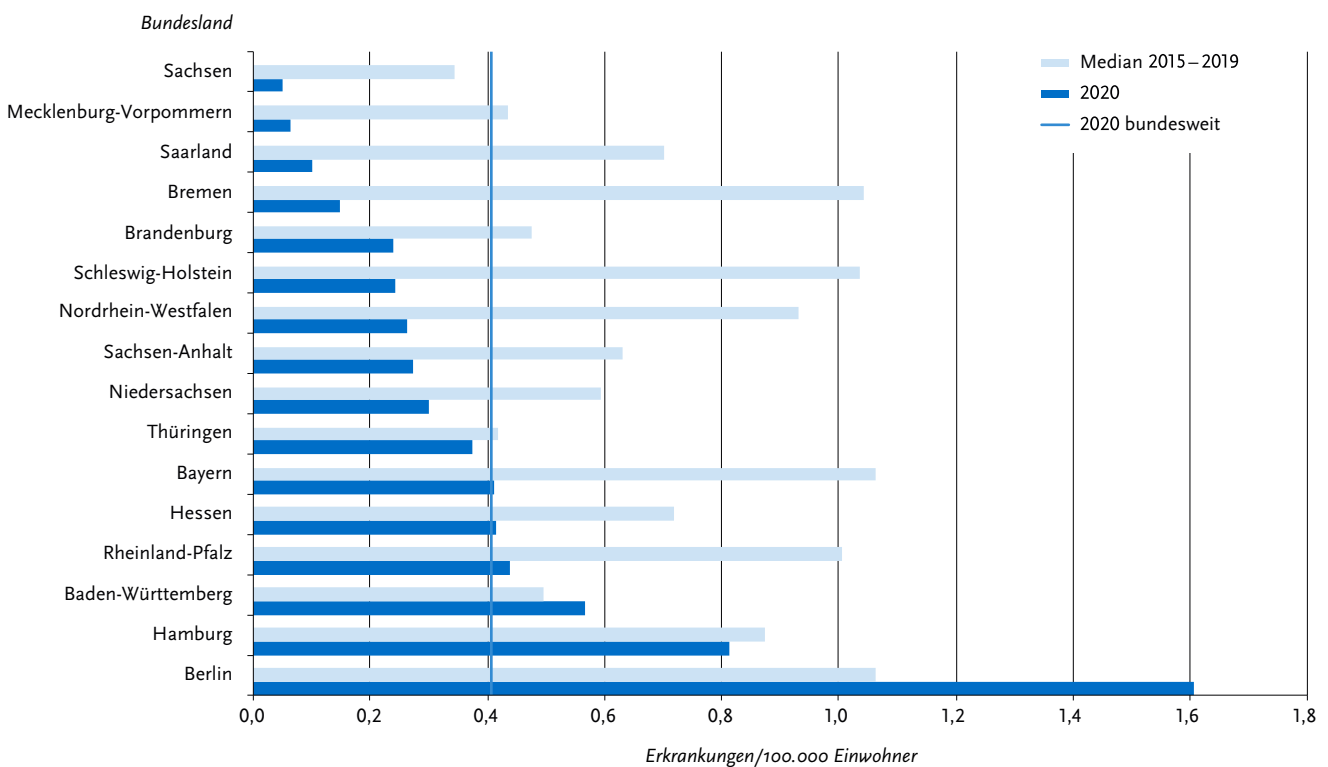


Abb. 6.44.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=338)



Erkrankte, die im Alter ≥ 18 Jahre 2-mal geimpft worden waren, bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betrug und (vi) 6 Erkrankte, die im Alter ≥ 18 Jahre einmalig geimpft worden waren und einen ausreichenden Impfabstand zwischen Impfung und Erkrankung aufwiesen. Bei den 52 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 (40 von 46; 87%), 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 8,9 Jahre zurück (Median: 5,8 Jahre).

Ausbrüche

Es wurden 11 Ausbrüche mit insgesamt 38 Fällen übermittelt, dies entspricht etwa 11 % der übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (10) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Der einzige Ausbruch mit ≥ 5 Fällen war ein Ausbruch mit 13 Kindern und Jugendlichen im Alter von 5 bis 16 Jahren und 2 Erwachsenen in einer Schule, der sich über mehr als 2 Monate erstreckte.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (36 %) von labordiagnostisch bestätigten Fällen verwunderlich, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 12 %) oder unbekanntem (Falldefinitions-kategorie E; 24 %) klinischen Bild

die Referenzdefinition nicht erfüllen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass die ärztliche Meldepflicht noch nicht hinreichend bekannt ist und zusätzlich notwendige Recherchen zur Klärung des Sachverhalts eventuell nicht durchgeführt werden können. Zudem ist es möglich, dass auf Grund des unspezifischen Labornachweises (IgM) keine Mumps-Infektion vorliegt. Ferner fällt auf, dass der Anteil an Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 11 % auch 2020 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 einen Überblick über die molekularepidemiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu erhalten, sollten möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das Nationale Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 338 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer niedrigen Fallzahl < 500 Fällen/ Jahr. 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 ($n=52$) 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.

Abb. 6.44-3:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 ($n=338$)

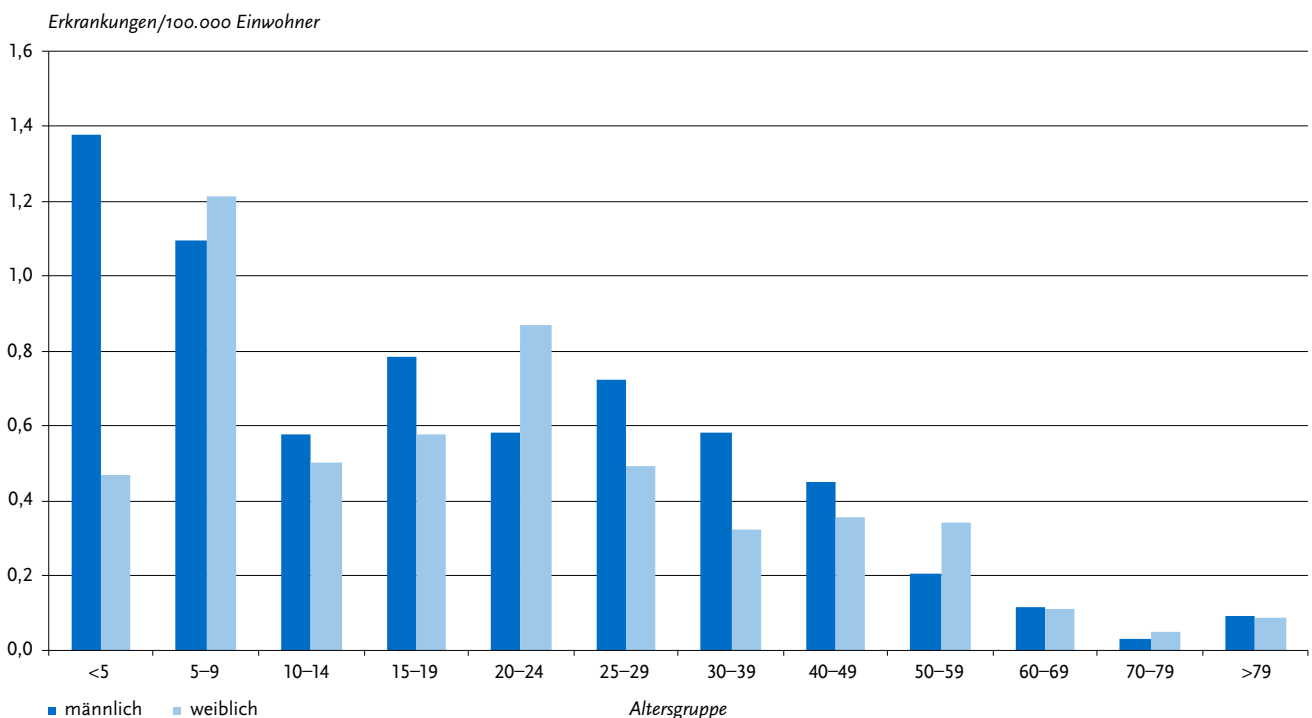
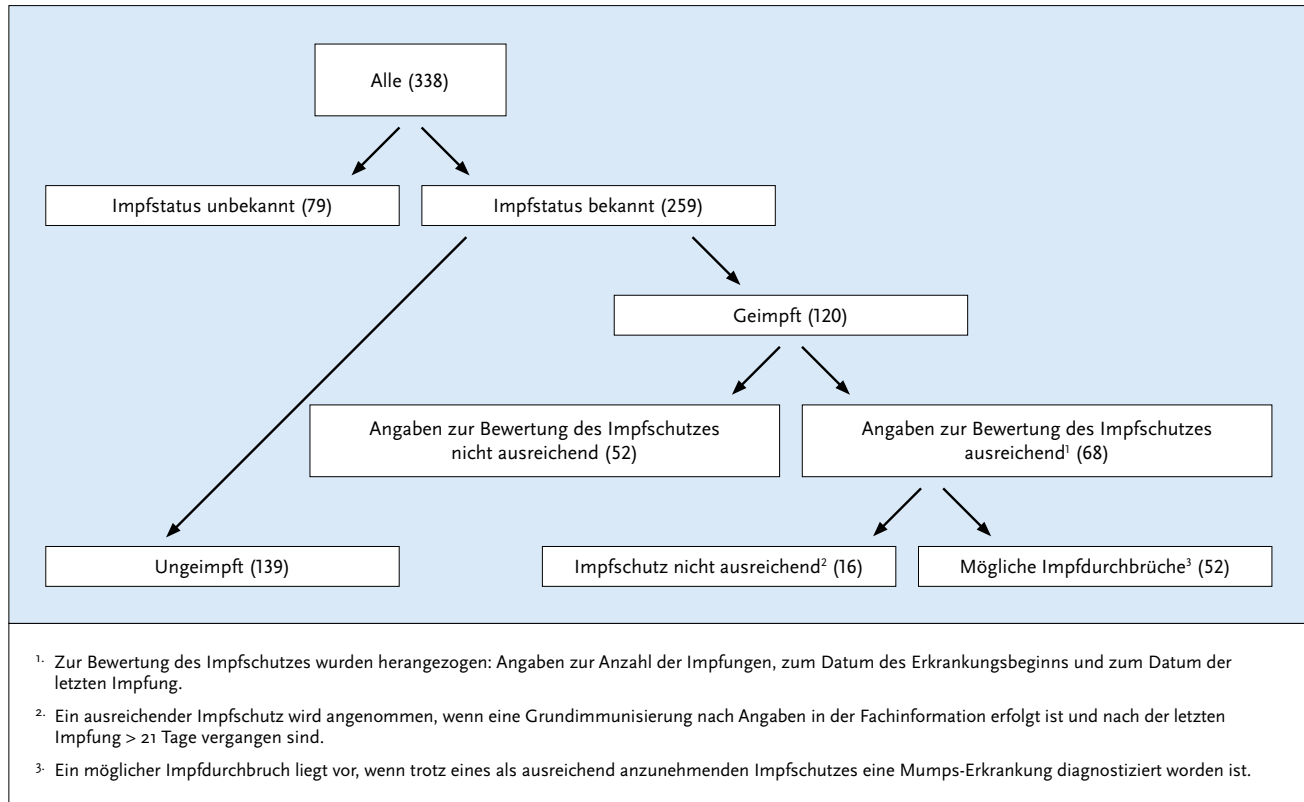


Abb. 6.44-4:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=338)



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. <https://doi.org/10.4161/hv.26642>
- 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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2013.18.33.20557>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- 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. <https://doi.org/10.25646/7027.4>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

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. 6.45.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden dem RKI 28.511 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (64 % weniger als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 34 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (95 Erkr./100.000 Einw.) stark zurückgegangen und liegt deutlich unter dem Median der letzten 5 Jahre (95 Erkr./100.000 Einw.).

6.45 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 28.511
- ▶ Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbestätigter Erkrankungen
- ▶ Rückgang der Fallzahlen auf 5 % des Vergleichswertes der Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 146 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Auch im Jahr 2020 waren die höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten Anfang des Jahres zu verzeichnen. Im Gegensatz zur typischen Saisonalität in den Vorjahren erfolgte jedoch – wahrscheinlich bedingt durch die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie – ein untypisch starker Abfall der Fallzahlen im Frühjahr. Auch der für die Norovirus-Erkrankung sonst typische Wiederanstieg der Fallzahlen nach den Sommermonaten fiel aus. Im IV. Quartal 2020 betrug die Inzidenz lediglich 5 % des Vergleichszeitraumes der Vorjahre. Die höchste wöchentliche Fallzahl im Jahr 2020 wurde mit 2.637 Erkrankungen in der 4. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 53. Meldewoche mit 45 Erkrankungen (s. Abb. 6.45.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern wurde ein deutlicher Rückgang der Norovirus-Gastroenteritiden verzeichnet. Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Thüringen (82 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (79), Sachsen-Anhalt (76), Mecklenburg-Vorpommern (69) sowie Brandenburg (68) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Bremen (14), Baden-Württemberg (19), Hessen (21), Schleswig-Holstein (23), und dem Saarland (25) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.45.2). Bei 16.363 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (16.369 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 99 % 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 einjährigen Kindern (295 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Neben den Kindern ist auch die Altersgruppe der über 79-jährigen stärker betroffen (122 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.45.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 9 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei den über 9-jährigen Kindern und Erwachsenen mit Ausnahme der 60- bis 79-Jährigen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (37), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (31) (s. Abb. 6.45.3).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 17 Norovirus-Fälle übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,06 % (Vorjahr: 0,05 %).

Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 5.370 (19 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 1.288 niedriger als im Vorjahr (2019: 3.615). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 3. Meldewoche 2020 übermittelt (168), die niedrigste in insgesamt 8 Meldewochen (je 0) in der zweiten Jahreshälfte (s. Abb. 6.45.4).

Für 1.109 Ausbrüche (86 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (41 %), Alten- und Pflegeheime (24 %), Kinderbetreuungseinrichtungen (14 %), private Haushalte (8 %), sowie Reha-Einrichtungen (6 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche (n=70) des Jahres 2020 wurden in 7 % Viren der Genogruppe GI als auslösendes Agens identifiziert. Viren der Genogruppe GII wurden in 2 %, rekombinante Viren hingegen in 89 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig steigt, im Vergleich zum Vorjahr (90 %) im Jahr 2020 gleichgeblieben.

Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante (GII.P16-GII.4 Sydney) war für 51 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigsten nachgewiesene Norovirus-Variante. Insgesamt wurden 14 verschiedene Norovirus-Varianten im Jahr 2020 detektiert.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlichen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus. Erfahrungsgemäß variiert der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres und zwischen den Bundesländern und ist bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchsetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche

Tab. 6.45.1:
Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-laboridiagnostisch (C)	78.708	87 %	28.511	84 %
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.481	2 %	682	2 %
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10.755	12 %	4.784	14 %
alle	90.944	100 %	33.977	100 %
Referenzdefinition (C)	78.708	87 %	28.511	84 %

Abb. 6.45.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2020

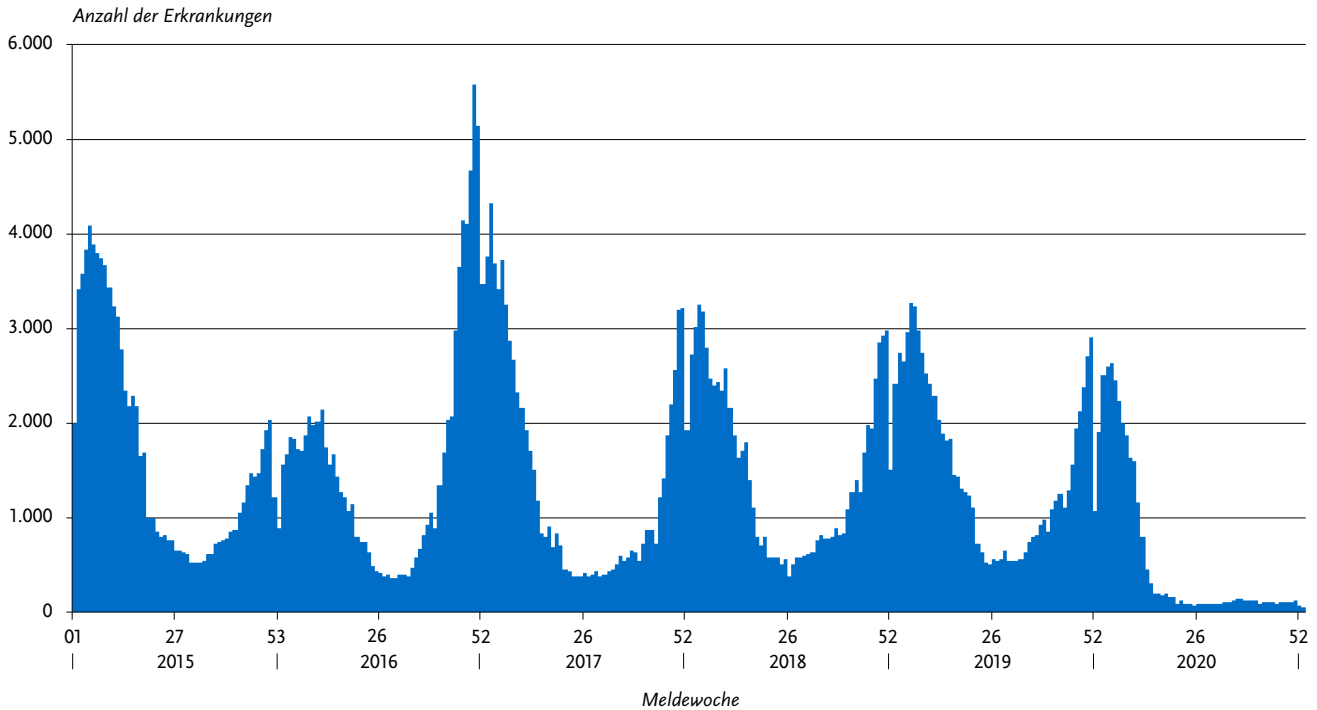


Abb. 6.45.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=28.511) im Vergleich mit den Vorjahren

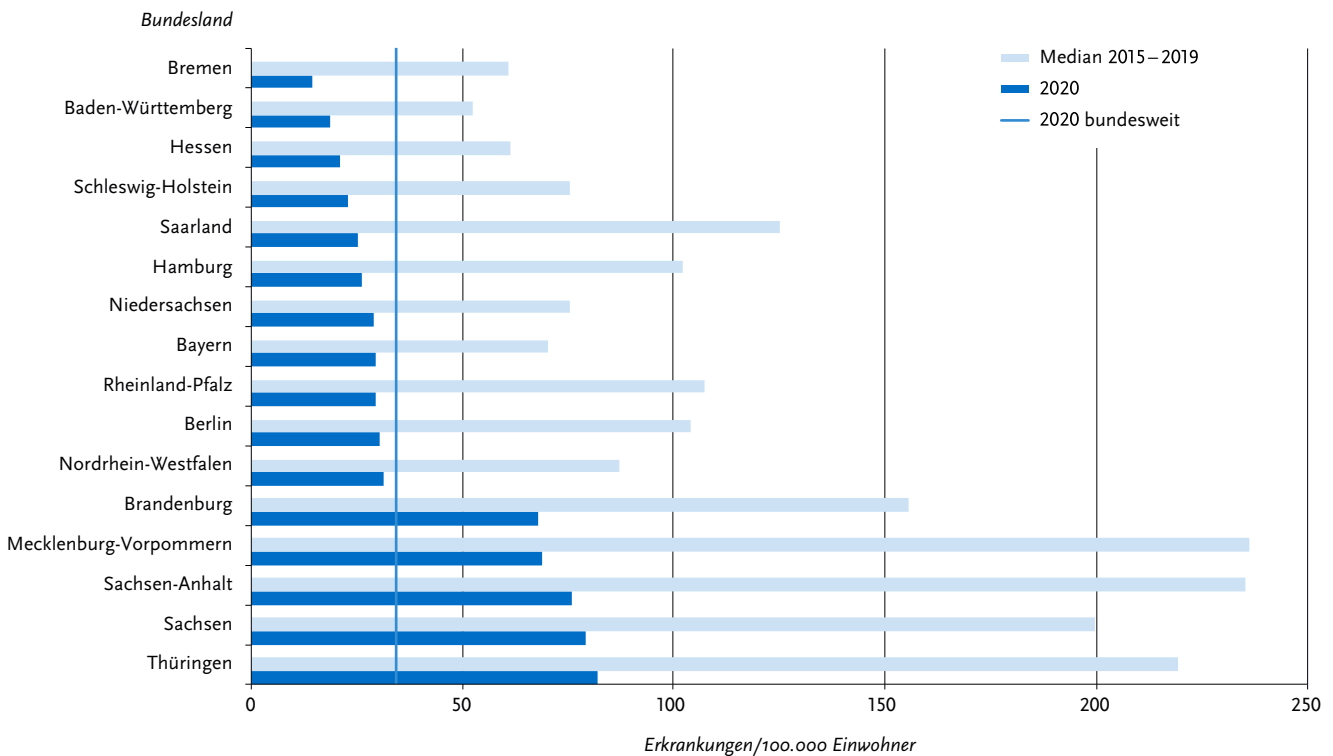


Abb. 6.45.3:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2020 (n=28.357)

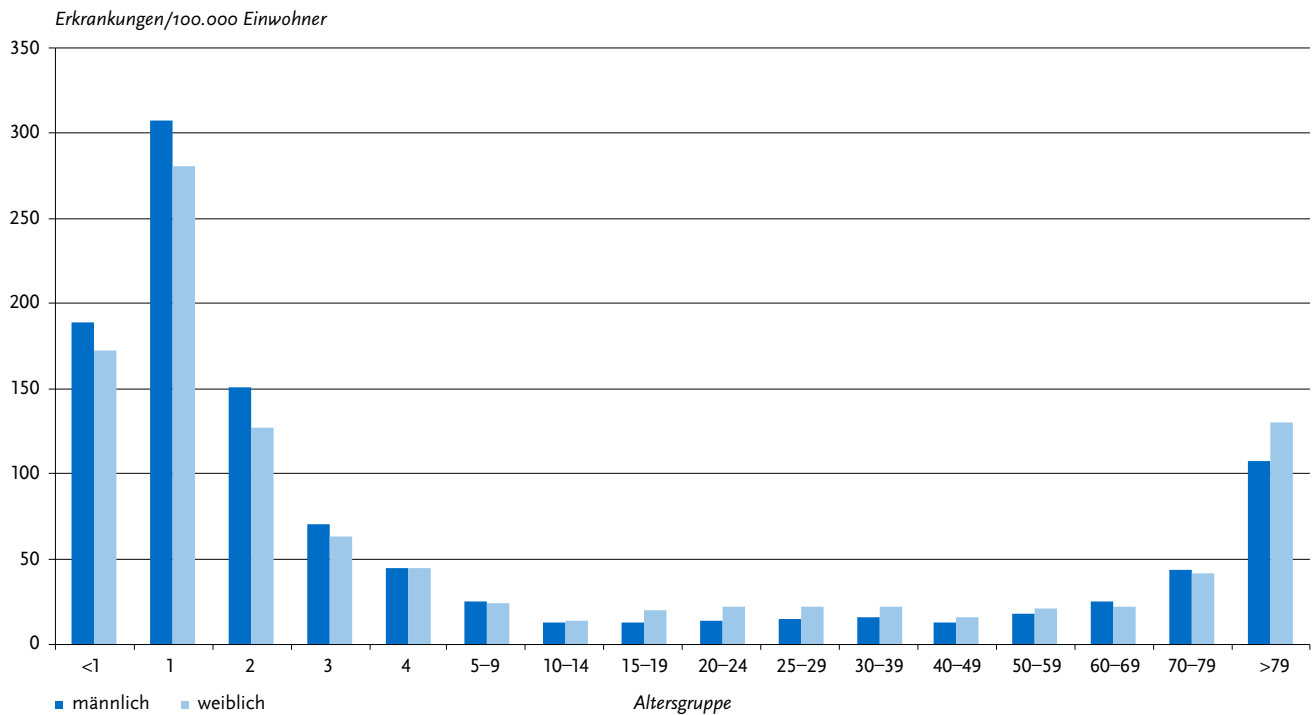
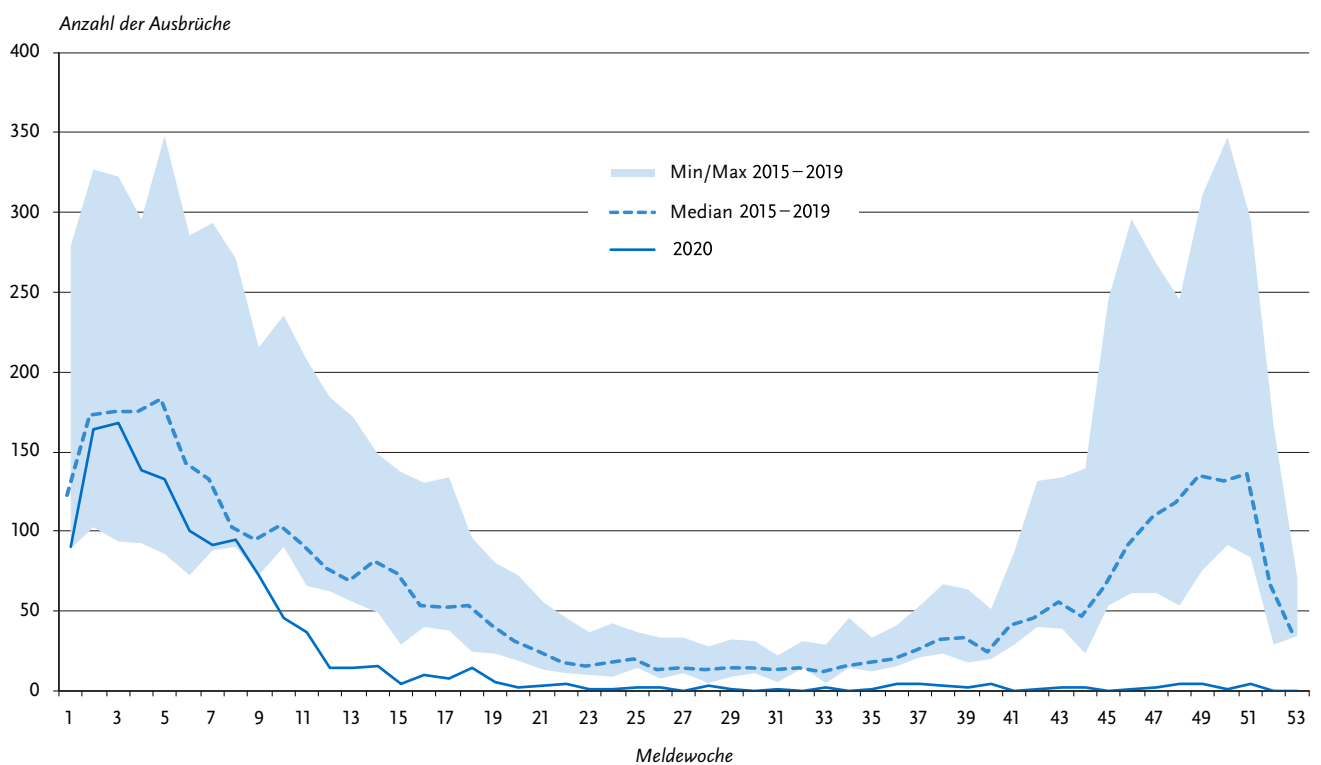


Abb. 6.45.4:
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn,
Deutschland, 2020 (n=1.288) im Vergleich mit den Vorjahren



(nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labor-diagnostisch bestätigt.

Fazit

Die Norovirus-Gastroenteritis ist im Vergleich zum Vorjahr, sehr wahrscheinlich bedingt durch die Maßnahmen zur Bekämpfung der COVID-19-Pandemie, stark zurückgegangen. Neben den bei den meisten Infektionskrankheiten sichtbaren Effekten durch Veränderung des Konsultations- und Diagnoseverhaltens ist bei der Norovirus-Erkrankung auch ein wirklicher Rückgang der Infektionen durch Veränderung der Kontaktmuster in der Bevölkerung (z. B. Schließung von Gemeinschaftseinrichtungen, Absage von Veranstaltungen und Kreuzfahrten) anzunehmen.

Literaturhinweise

- 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20719>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6885>

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-Weizbach, Bayern, September 2016*. Epid Bull 2016; 47:531–534.

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

6.46 Ornithose

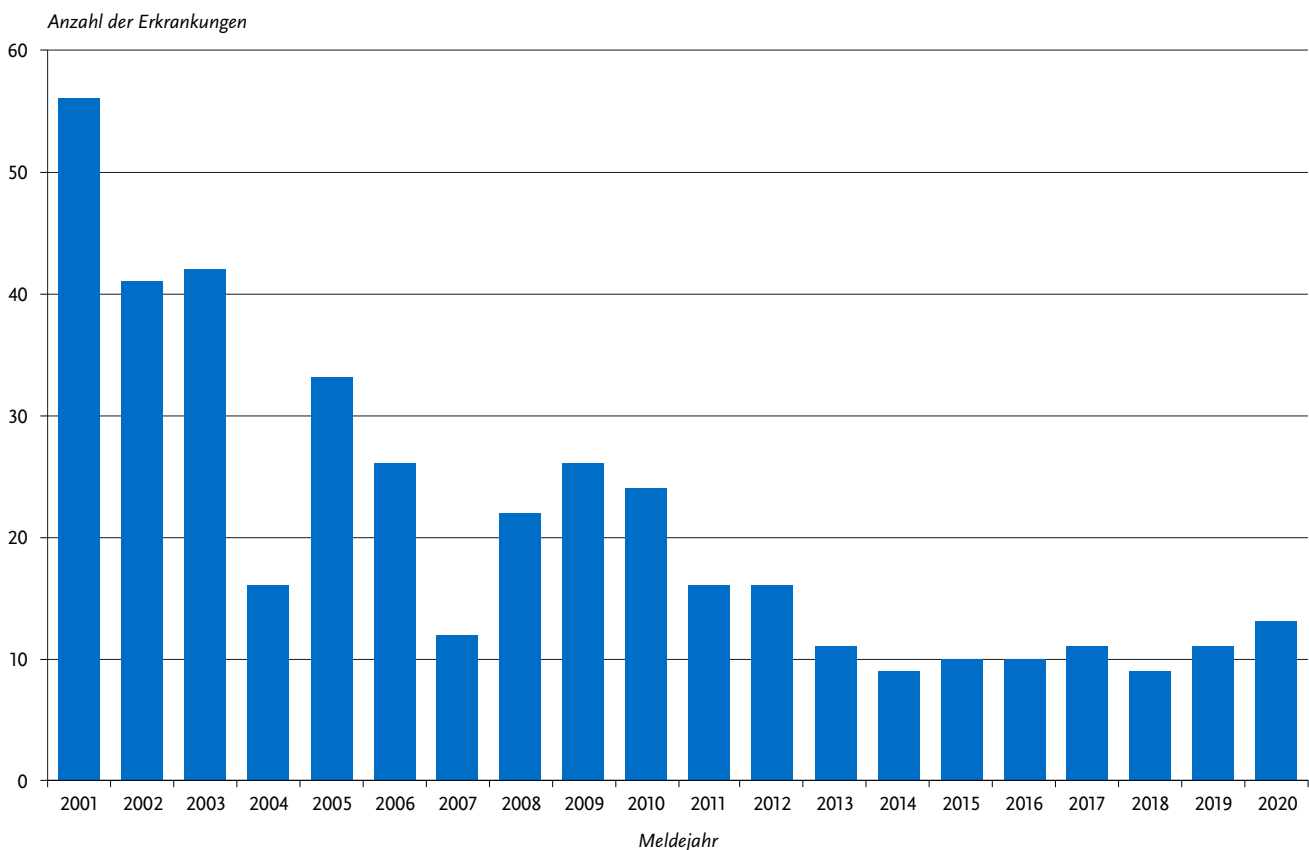
Kurzbeschreibung

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 2020 wurden 13 Ornithosen nach Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem

Abb. 6.46.1: Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.46.1). Aus Brandenburg wurden 5 Erkrankungen übermittelt, aus Nordrhein-Westfalen 4 Erkrankungen, aus Sachsen 3 Erkrankungen und aus Niedersachsen wurde eine Erkrankung übermittelt. Für alle 13 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben.

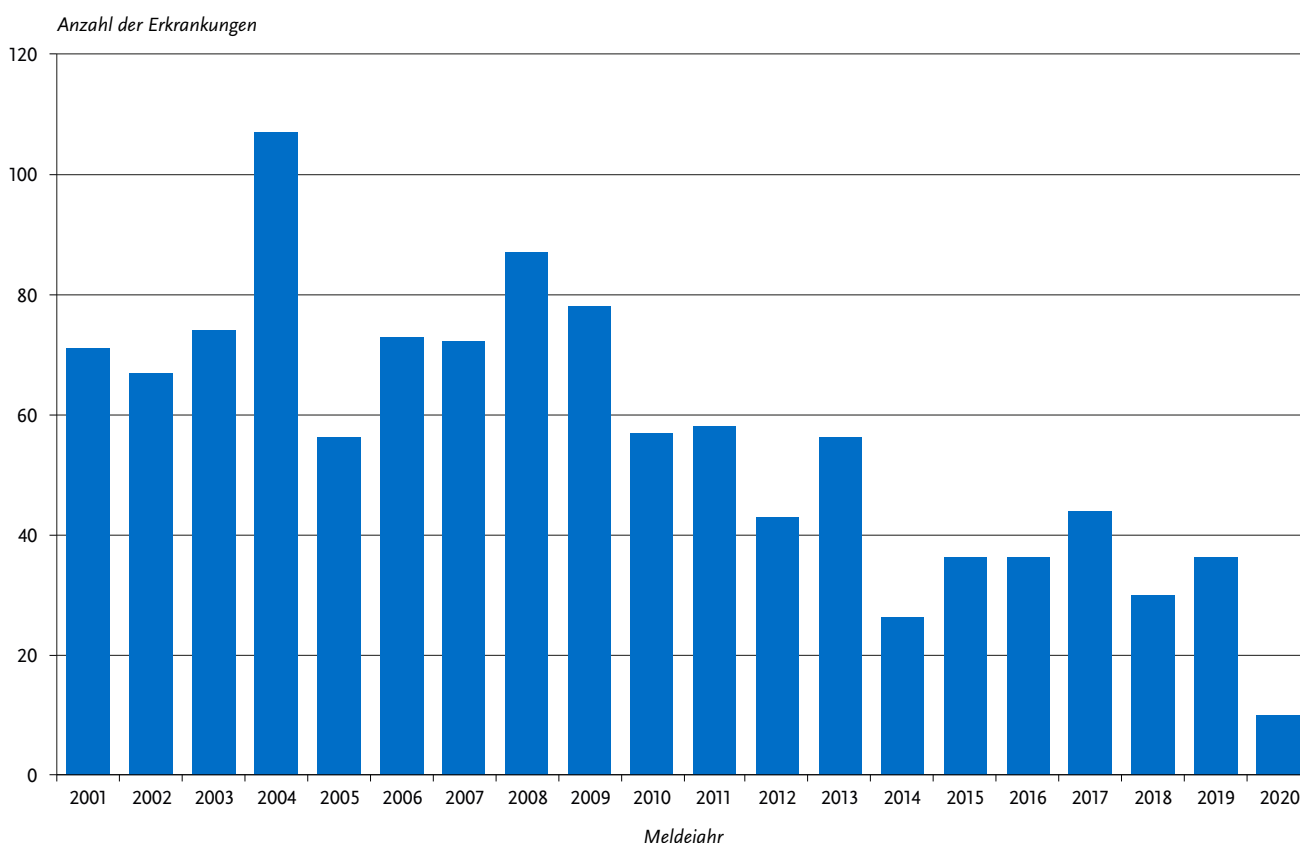
Die erkrankten Personen waren zwischen 9 und 86 Jahre alt (Median: 60 Jahre). Unter den Erkrankten waren 5 Frauen und 8 Männer. Bei 9 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert, bei einem Erkrankten wurde eine Myokarditis übermittelt. Keine Person ist krankheitsbedingt verstorben.

Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen wurde von 11 Erkrankten berichtet, 2 Erkrankte verneinten Kontakt zu Vögeln. Es wurde ein Ornithose-Ausbruch mit 2 Erkrankten übermittelt.

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.
<https://doi.org/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.
<https://doi.org/10.1017/S0950268817002060>
- Lugert R, Groß U, Masanta WO, Linsel G, Heutelbeck A, Zautner AE: *Seroprevalence of Chlamydia psittaci among employees of two German duck farms*. Eur J Microbiol Immunol 2017.
<https://doi.org/10.1556/1886.2017.00024>
- RKI-Ratgeber (2010). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.47.1:
Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



6.47 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 2020 wurden 10 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.47.1); dies sind 26 weniger als im Vorjahr und deutlich weniger als der Median der letzten 5 Jahre, vermutlich vor allem durch verminderte (Fern-) Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2020 aus 3 Bundesländern, Bayern (4), Sachsen (3) und Baden-Württemberg (3) übermittelt. Alle Erkrankungen waren reiseassoziiert. Für 9 Erkrankungen wurde jeweils ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt. Am häufigsten wurde Indien (6 Nen-

nungen) angegeben. Kambodscha, Peru und die Türkei wurden je einmal genannt.

Unter den 10 Erkrankten waren 5 Frauen und 5 Männer. Die meisten Erkrankungen (80%) traten in der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen auf. Informationen zum Serotyp lagen bei 9 Erkrankungen vor, einmal wurde lediglich Paratyphi angegeben. Von den 9 Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp wurden 6 (67%) durch *S. Paratyphi A* und 3 (33%) durch *S. Paratyphi B* ausgelöst. Alle Erkrankungen mit Serotyp A wurden aus Asien importiert. Ausbrüche oder Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2020 nicht übermittelt.

Literaturhinweise

STIKO: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
RKI-Ratgeber (2019) www.rki.de/ratgeber

6.48 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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

6.49 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 2020 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) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
Diedrich S: Weltpoliotag 2020: Afrikanische Region als poliofrei zertifiziert. *Epid Bull.* 2020; 43:15–16. <https://doi.org/10.25646/7166>
RKI-Ratgeber (2015) www.rki.de/ratgeber

6.50 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 55
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr 63% geringer
- ▶ 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 Krankheitschwere gefürchtet.

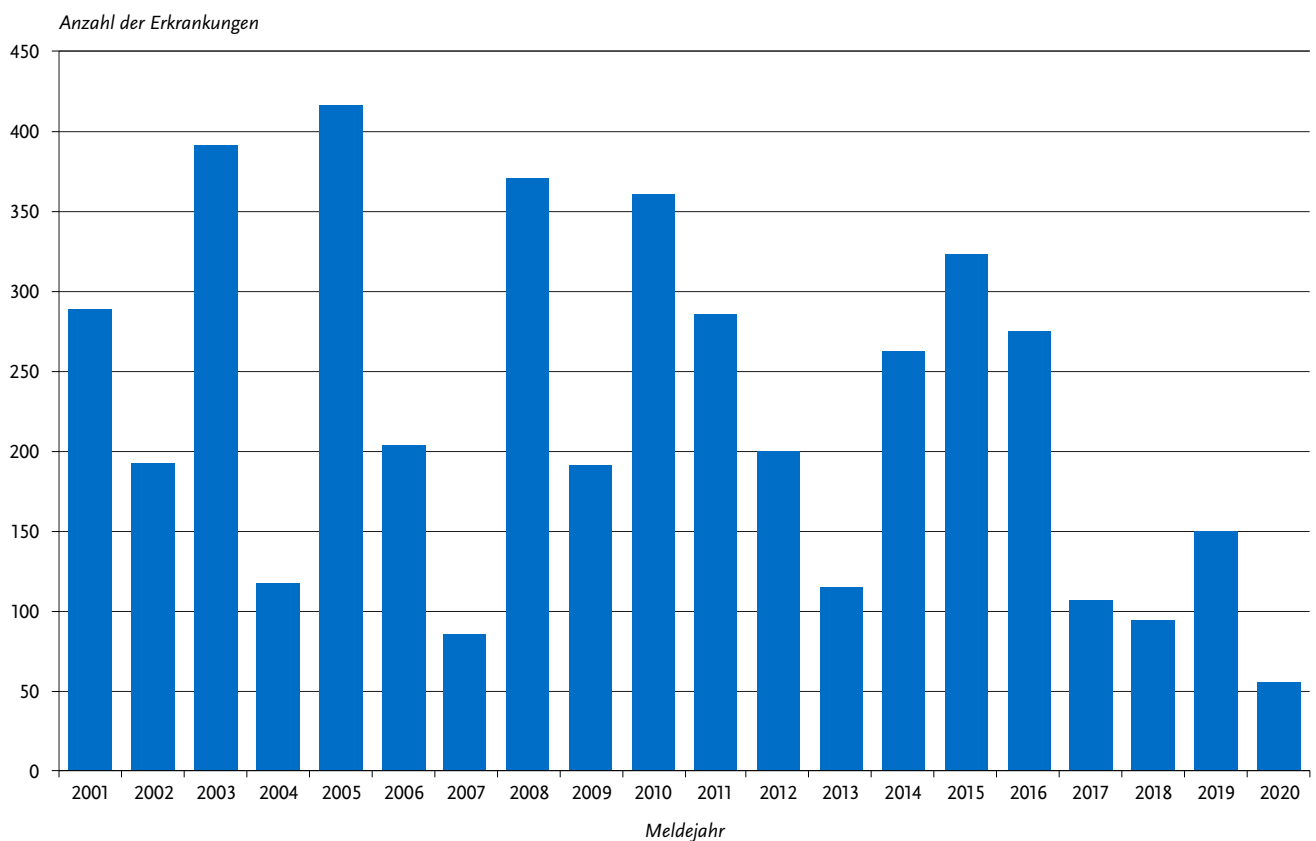
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

Tab. 6.50.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	1 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	148	89 %	55	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	4 %	8	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10	6 %	15	19 %
alle	167	100 %	78	100 %
Referenzdefinition (B+C)	150	90 %	55	71 %

Abb. 6.50.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 55 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (150) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 63 % geringer (s. Abb. 6.50.1).

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen, dem Saarland und Sachsen sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Die höchsten Inzidenzen wurden dabei in Rheinland-Pfalz und Baden-Württemberg (0,2 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet.

Für 34 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (62 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) genannt. Bei 27 Erkrankungen (79 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden in allen Altersgruppen über 20 Jahren übermittelt. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 25- bis 29-jährigen Männern (0,2 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen.

Wie in den Vorjahren waren Männer (35 Erkrankungen) deutlich stärker betroffen als Frauen (20 Erkrankungen) (s. Abb. 6.50.2).

Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 115 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 84 % aller Erkrankungen) und Fieber (bei 69 % aller Erkrankungen). Bei 19 Erkrankungen (35 %) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurden keine Todesfälle im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurde ein Ausbruch mit 2 Erkrankungen aus Baden-Württemberg übermittelt.

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 55 und 416 Erkrankungen pro Jahr (Median 196 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. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2307.161693>
RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.51 Rotavirus-Gastroenteritis

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: **6.472**
- ▶ Bei insgesamt rückläufigem Trend seit 2008 sind die Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr um 82 % zurückgegangen
- ▶ Der deutliche Rückgang der Rotavirus-Gastroenteritiden ist vermutlich auf die Infektionsschutzmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückzuführen.
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- ▶ 101 Ausbrüche mit 655 Erkrankungen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

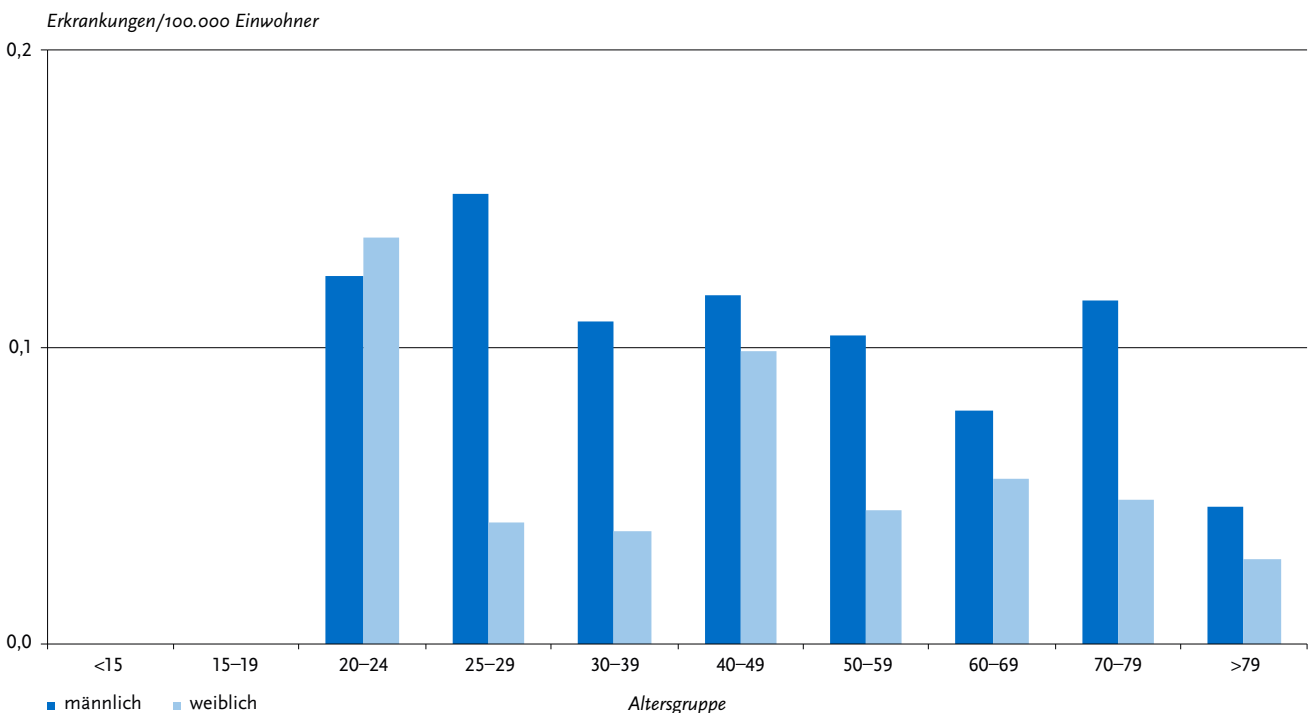
Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Daneben erkranken Personen > 69 Jahren häufiger an einer Rotavirus-Gastroenteritis als Erwachsene ≤ 69 Jahren. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale 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. 6.51.1).

Abb. 6.50.2:

Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=55)



Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2020 die vierthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der *Campylobacter*-Enteritis, der Norovirus-Gastroenteritis und der Salmonellose. Der seit 2008 beobachtete rückläufige Trend der Fallzahlen setzt sich fort. Im Vergleich zum Vorjahr sind die Fallzahlen sehr deutlich zurückgegangen und befinden sich auf dem niedrigsten Niveau seit Einführung der Meldepflicht 2001 (s. Abb. 6.51.1). Es ist zu vermuten, dass die Infektionsschutzmaßnahmen, die zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie im Frühjahr 2020 eingeführt worden waren, maßgeblich dazu beigetragen, dass die Rotavirus-Gastroenteritiden im Jahr 2020 markant zurückgegangen sind (z. B. durch Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln sowie KiTa- und Schulschließungen).

Die Zahl der Erkrankungen (6.472) sind 2020 im Vergleich zum Vorjahr (36.880) um 82% und im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (33.225) um 81% zurückgegangen. (s. Abb. 6.51.1).

Im Jahr 2020 ist die übliche kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden am Anfang des Jahres sowie der saisonale Gipfel im Frühjahr ausgeblieben. Im Unterschied dazu geht die monatlich übermittelte Fallzahl kontinuierlich zurück und fällt von 1.164 Fällen im Januar auf unter 236 Fällen im Dezember. Ein Anstieg der Erkrankungszahlen als Beginn der nächsten Rotavirus-Saison zeigt sich bis zum Ende 2020 nicht und bei den weiterhin bestehenden Kontaktbeschränkungen könnte man vermuten, dass auch die nächste Rotavirus-Saison ausfällt.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit deutlich unterhalb des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (40 Erkr./100.000 Einw.). In allen Bundesländern ist die Inzidenz im Vergleich zum bundeslandspezifischen Median der Vorjahre und der bundeslandspezifischen Inzidenz in 2019 zurückgegangen. Einen besonders deutlichen Rückgang um mehr als 60 Erkrankungen/100.000 Einwohner wurde in den Bundesländern Thüringen, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Brandenburg beobachtet. In den übrigen Bundesländern war der Rückgang geringer ausgeprägt und betrug zwischen 11 bis 39 Erkr./100.000 Einw. Die Inzidenzen lagen in den östlichen Flächenbundesländern mit Werten zwischen 13 und 23 Erkr./100.000 Einw. etwas höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin mit Werten zwischen 3 und 9 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.51.2).

Bei 3.360 (52%) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 99% der Nennungen (Mehrfachnennung möglich) Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 26% der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde im Gegensatz zu den vergangenen Jahren bei unter einjährigen Kindern (86 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.51.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Im Jahr 2020 lag die Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-jährigen Personen bei 23 Erkr./100.000 Einw., insgesamt wurden 1.315 (20%) Erkrankungen in dieser Altersgruppe übermittelt.

Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz in allen Altersgruppen ab. Besonders deutlich war die jährliche Inzidenzabnahme bei den unter 5-jährigen (–228 Erkrankungen/100.000) und den über 79-jährigen (–133 Erkrankungen/100.000). Es fällt auf, dass im Säuglingsalter sowie in den Altersgruppen ab 60 Jahren Jungen und Männer etwas häufiger betroffen sind als Mädchen und Frauen, während sich die Situation im Alter zwischen 10 und 39 Jahren wendet und eher das weibliche Geschlecht betroffen ist.

Klinische Aspekte

Bei 5.754 Erkrankungen (89%) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 3.207 Erkrankungen (56%) wurde ein solcher angegeben. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war am höchsten in den Altersgruppen der unter 15-jährigen (63%) und der über 69-jährigen (63%) und am niedrigsten bei den 20- bis 49-jährigen mit 28%. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99% der Erkrankungen vor. Es wurden 5 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 75 und 94 Jahren. Im Median waren die Verstorbenen 90 Jahre alt. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,08%.

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

Tab. 6.51.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8.510	21 %	437	6 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	28.370	70 %	6.035	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	500	1 %	219	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.260	8 %	1.167	15 %
alle	40.640	100 %	7.858	100 %
Referenzdefinition (B+C)	36.880	91 %	6.472	82 %

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr und -monat, Deutschland, 2015 bis 2020

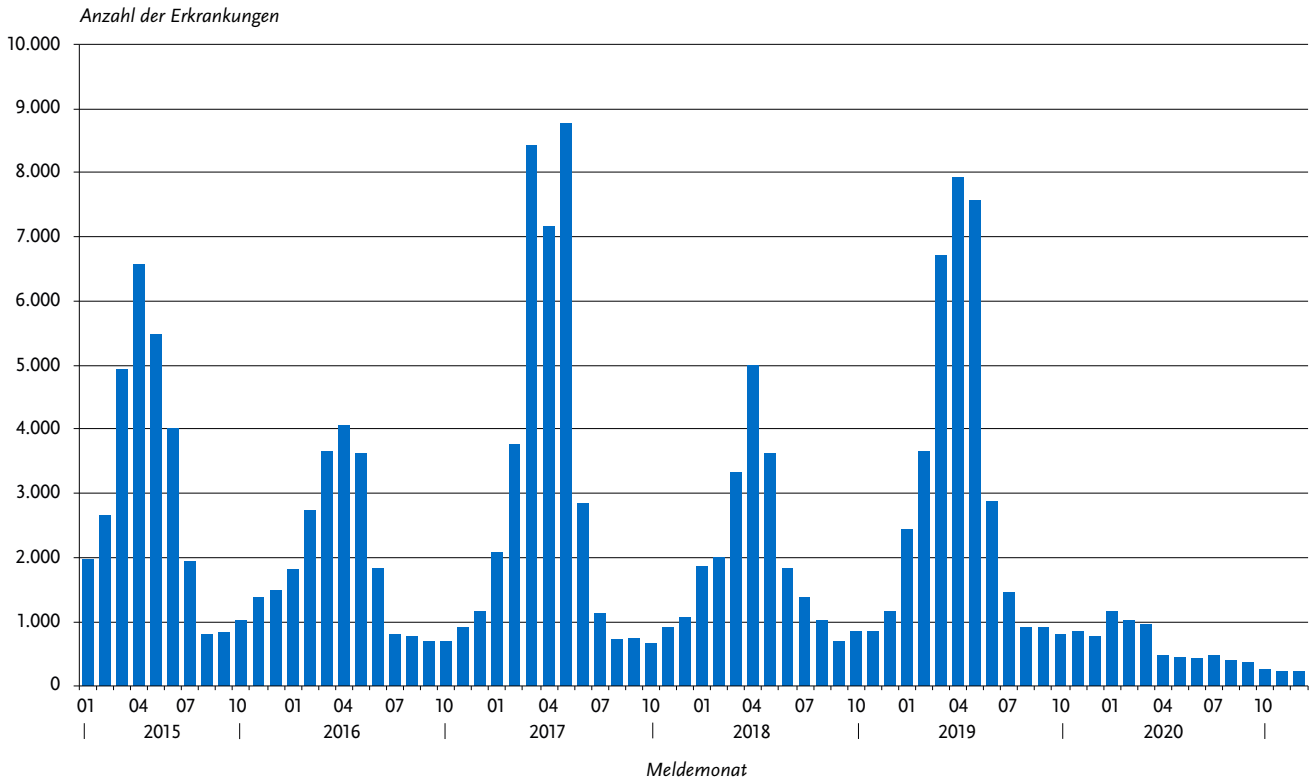


Abb. 6.51.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=6.472) im Vergleich mit den Vorjahren

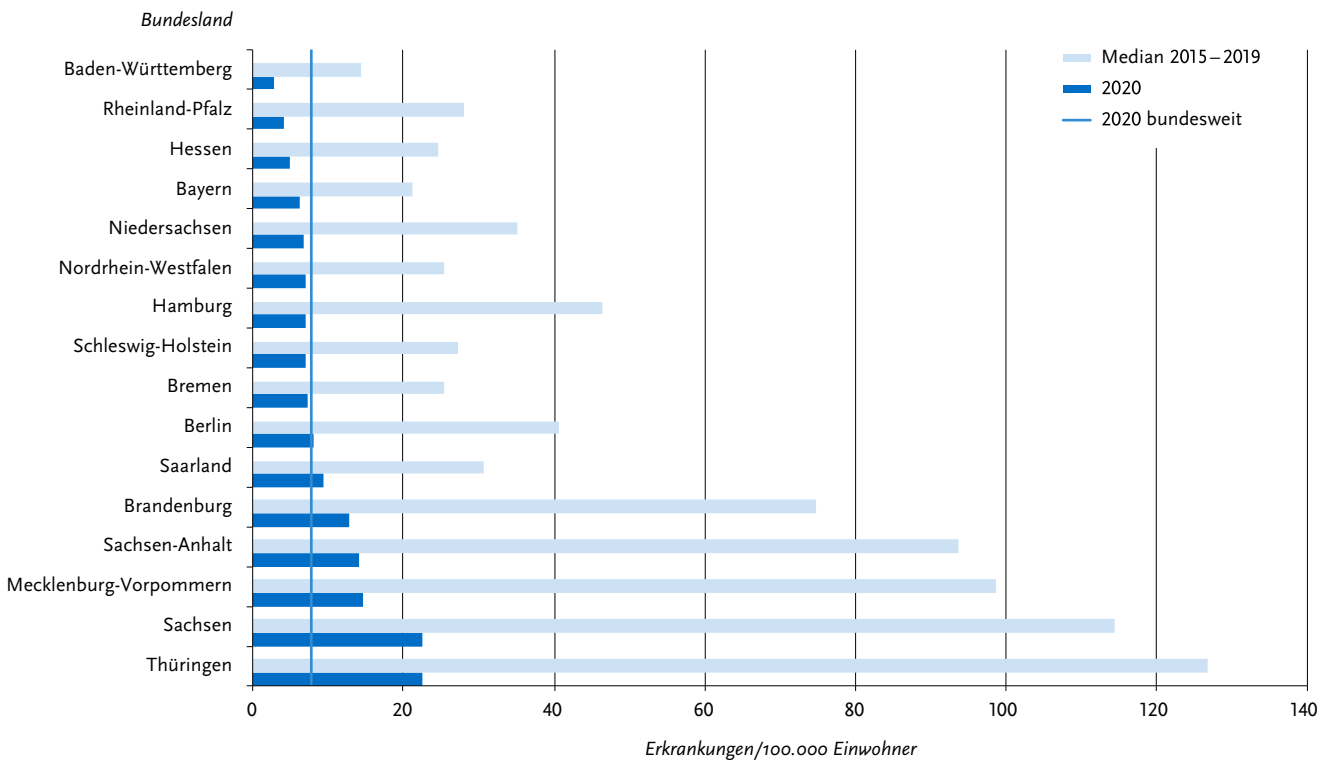
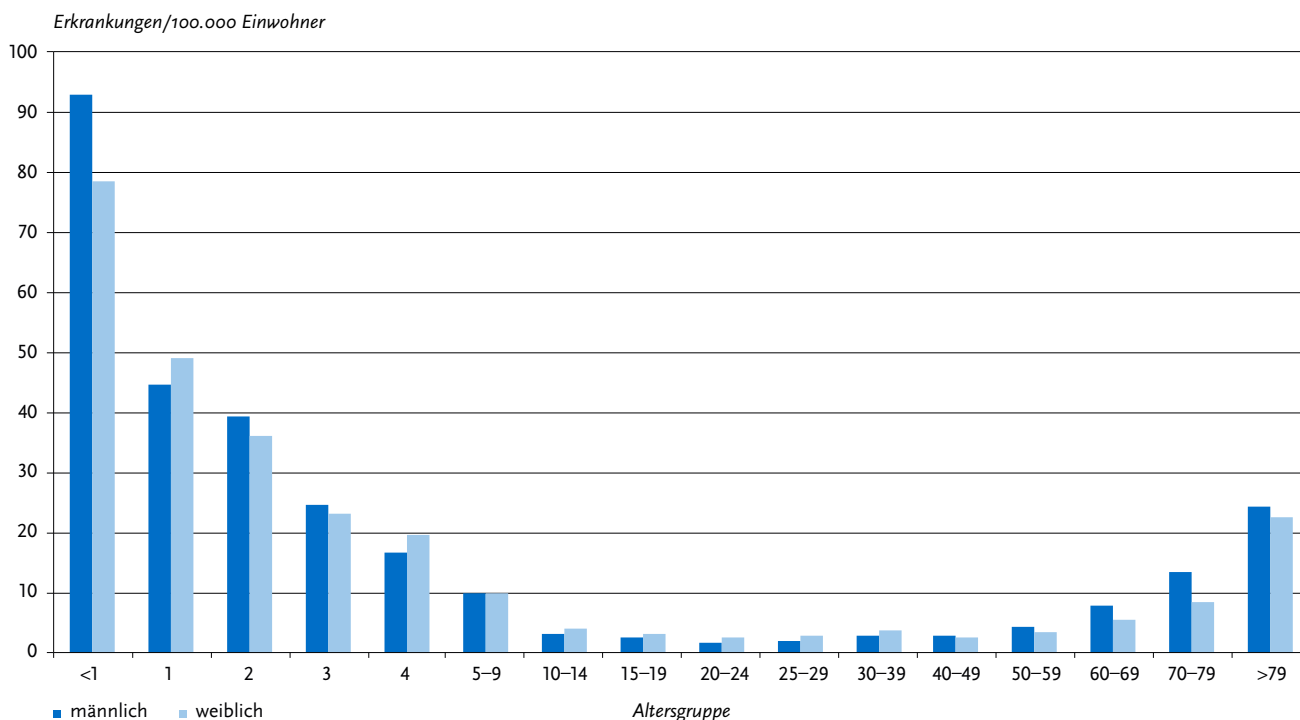


Abb. 6.51.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=6.446)



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 unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfeempfehlung 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 Impfeempfehlungen 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 von unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

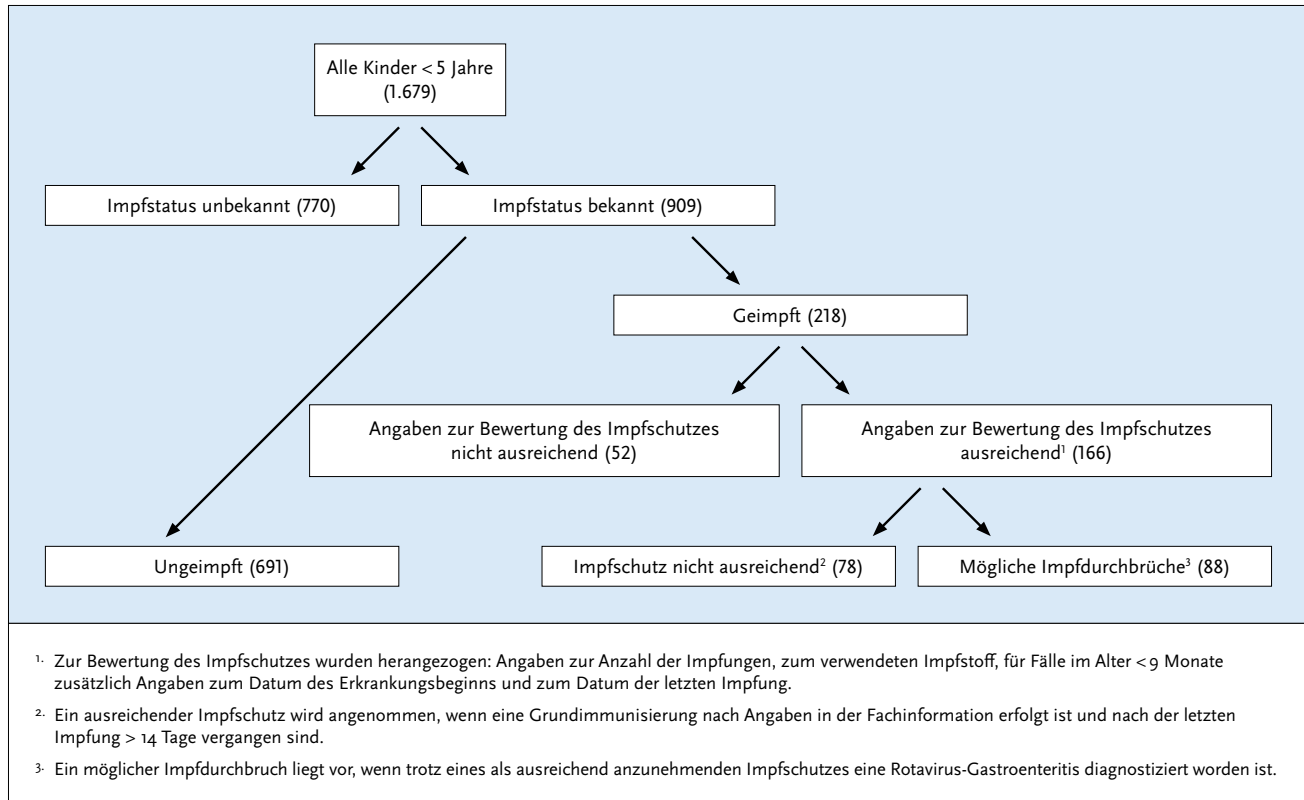
Von den 1.679 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 909 (54 %) bekannt. Von diesen wurden 218 (24 %) Kinder als geimpft und 691 (76 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.51.4). Von den geimpften Kindern waren bei 166 (76 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 9 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der anzunehmende Impfschutz bewertet werden konnte. Von diesen 166 Kindern waren 88 (53 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 88 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 55 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung, 29 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung und 4 Erkrankungen nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe

Tab. 6.51.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2019 und 2020

	2019		2020	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	722	1.879	58	154
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	663	10.422	43	501
Alle Ausbrüche	1.385	12.301	101	655

Abb. 6.51.4:

Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus bei Kindern < 5 Jahren, Deutschland, 2020 (n=1.679)



des Präparates. Die Diagnose war bei 161 (97%) der 166 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 88 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 15 (17%) unter einem Jahr, 30 (34%) ein Jahr, 16 (18%) 2 Jahre, 15 (17%) 3 Jahre und 12 (14%) 4 Jahre alt. 41 (47%) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 6 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 101 Ausbrüche mit insgesamt 655 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.51.2). Die Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zum Vorjahr (1.385 Ausbrüche) um 93% gesunken. Insgesamt sind 10% aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 58 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 154 Erkrankungen) und 43 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 501 Erkrankungen) auf. Für 79% der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 47% dieser Ausbrüche in Pflege- und Altenheimen und 32% in Kindergärten.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betrifft vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter unter 5 Jahren. Höhere Inzidenzen waren auch bei Personen über 69 Jahren zu beobachten; in dieser Altersgruppe verstarben auch vereinzelt Personen an einer Rotavirus-Gastroenteritis.

Die COVID-19-Pandemie, die sich seit Beginn 2020 weltweit ausbreitet, hat aufgrund der Infektionsschutzmaßnahmen, die zur Eindämmung der SARS-CoV-2-Ausbreitung in Deutschland eingeführt wurden, erhebliche Auswirkungen auf die Rotavirus-Epidemiologie. Insbesondere die Kontaktbeschränkungen, die Abstands- und Hygieneregeln sowie die KiTa- und Schulschließungen haben dazu geführt, dass die übliche saisonale Zunahme der Rotavirus-Gastroenteritiden im Frühjahr 2020 ausgeblieben ist. Eine wissenschaftlich fundierte Interpretation und ein Vergleich mit den Vorjahren sind unter den gegebenen Umständen nicht möglich. Es ist anzunehmen, dass auch im Jahr 2021 durch die andauernde Pandemiebekämpfung die Transmission der Rotavirus-Gastroenteritis nachhaltig sinkt.

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 Distribution After 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. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2017.0255>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. *Epid Bull* 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. *Epid Bull* 2015; 1:1–10.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.52 Röteln



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 7
- Inzidenz 0,008 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- Keine konnatale Röteln-Infektion
- Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labordiagnostisch mit einer PCR bestätigt werden
- 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.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß IfSG eine bundesweite namentliche Meldepflicht der Röteln für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Röteln-Infektionen bundesweit namentlich an das RKI zu melden.

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. Der Status der Elimination der Röteln wurde für Deutschland im Dezember 2020 von der WHO ausgesprochen.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 147 im Jahr 2020 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 7 (5 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.52.1).

Die Falldefinition wurde im Jahr 2015 geändert: 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 2 Röteln-Erkrankungen über das Jahr an das RKI übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. In 6 Monaten gingen keine Daten zu den Röteln ein. Die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen hat sich im Vergleich zum Jahr 2018 (n=16) und zum Jahr 2019 (n=18) mehr als halbiert.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,008 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

In Bayern wurden 3 Erkrankungen erfasst. Aus Bremen, Nordrhein-Westfalen, dem Saarland und Sachsen wurde jeweils eine Erkrankung übermittelt. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 4 Erkrankungen vor. Nach diesen Angaben erwarben alle 4 Erkrankten die Infektion in Deutschland.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppen der 0- bis 9- und 10- bis 19-Jährigen wurde je eine Röteln-Erkrankung übermittelt. Für die Altersgruppe, die zum Zeitpunkt der Diagnose 20 Jahre oder älter war, wurden 5 Röteln-Erkrankungen erfasst.

Im Jahr 2020 waren mit 6 Erkrankungen deutlich mehr Jungen bzw. Männer von Röteln betroffen als Mädchen bzw. Frauen. Die eine weibliche Erkrankte war 56 Jahre alt.

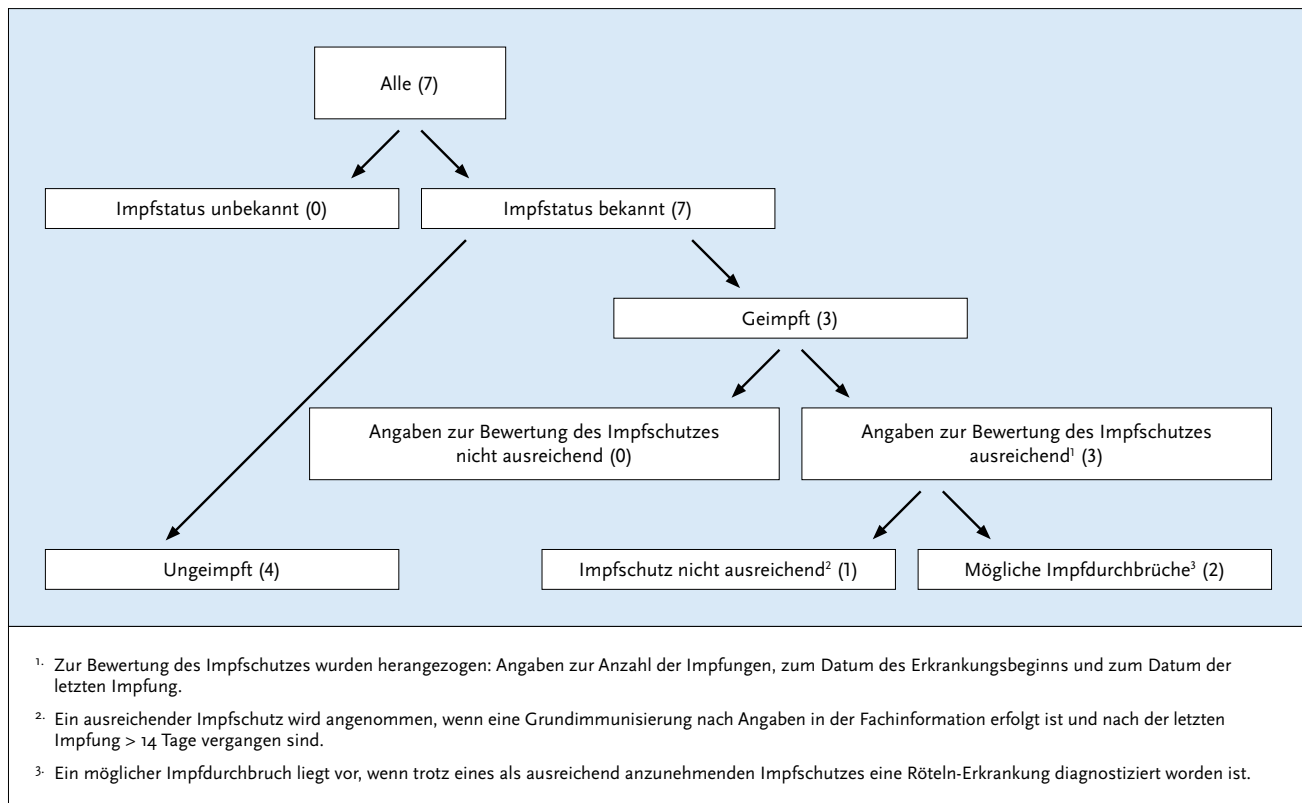
Klinische Aspekte

Für alle 7 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen Patienten trat ein Exanthem auf, Lymphknotenschwellungen wurden bei 6 der Erkrankungen angegeben. Bei einem Fall wurden Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und

Tab. 6.52.1:
Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	40	27 %	11	7 %
klinisch-epidemiologisch (B)	3	2 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	15	10 %	7	5 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	42	28 %	58	39 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	49	33 %	71	48 %
alle	149	100 %	147	100 %
Referenzdefinition (B+C)	18	12 %	7	5 %

Abb. 6.52.1:
Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=7)



Gelenkentzündungen) beschrieben. Ein Erkrankter wurde aufgrund der Erkrankung hospitalisiert. Dabei handelte es sich um eine Person im Alter von 41 Jahren. Röteln-assoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2020 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 Monaten und eine 2. Impfung im Alter von 15 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. Anfang des Jahres 2020 hat die STIKO die Empfehlungen für beruflich indizierte MMR- und Varizellen-Impfungen angeglichen und wissenschaftlich begründet (siehe Epidemiologisches Bulletin 2/2020). Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 7 Erkrankungen im Jahr 2020 wurden 3 Erkrankte als geimpft und 4 als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.52.1). Zwei der geimpften Personen hatten zweimalig einen Kombinationsimpfstoff erhalten. Die Impfungen waren vor 5 bzw. 18

Jahren verabreicht worden. Eine geimpfte Person erhielt eine einmalige Impfung mit einem unbekannten Impfstoff vor 30 Jahren. Die akute Röteln-Erkrankung wurde bei allen geimpften Patienten labordiagnostisch mit einer Serologie bestätigt. Eine PCR wurde nicht durchgeführt.

Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurde kein Ausbruch übermittelt.

Datenqualität

Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Röteln-Infektionen verlaufen subklinisch. Es ist somit zu erwarten, dass viele Erkrankungen klinisch nicht der Falldefinition entsprechen, auch wenn eine Labordiagnostik auf eine akute Infektion hinweist. Diese finden sich ggf. in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.52.1). 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.

Auch der erfahrungsgemäß in den letzten Jahren erstaunlich 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 Krankenhaus-aufenthalt zur Abklärung entzündlicher ZNS-Prozesse gehan-

delt 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.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion sollte deshalb **immer** eine labordiagnostische Abklärung erfolgen. Eine labordiagnostische Bestätigung 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 ist bei den selten auftretenden Röteln extrem niedrig!

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. Die durch die Rötelnvirus-Genotypisierung gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen es ferner, im Rahmen der molekularen Surveillance Übertragungsketten auf nationaler wie internationaler Ebene zu verfolgen.

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Masern, Mumps, Röteln (MMR) am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch. Die Zusendungen sind in den letzten Jahren am NRZ erfreulicherweise konstant gestiegen. Eine am NRZ für MMR im Jahr 2020 bei 55 Patienten veranlasste labordiagnostische Abklärung, häufig verbunden mit der Bitte um eine PCR-Untersuchung und Genotypisierung, ergab allerdings keinen einzigen akuten Rötelnfall.

Zusammenfassend 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) und Verdacht auf eine akute Rötelerkrankung ein Probenversand (Serum, Rachenabstrich) 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, ob ein Verdacht auf eine akute Rötelerkrankung vorliegt.

Fazit

Die übermittelten Daten von 2020 ermöglichen keine sichere Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Allerdings kann die Röteln-Inzidenz weiterhin als sehr niedrig eingeschätzt werden. Eine endemische Transmission der Rötelnviren ist höchst unwahrscheinlich. Ferner haben zunehmende Untersuchungen des NRZ für MMR am RKI in den letzten Jahren den Eindruck bestätigt, dass die Röteln in Deutschland kaum noch zirkulieren. Deutschland hat daher im Dezember 2020 den Status der Elimination der Röteln von der WHO erhalten.

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. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2020 wurde dem RKI keine konnatale Röteln-Infektion übermittelt. Der letzte konnatale Rötelnfall war dem RKI im Jahr 2015 bekannt geworden. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Rötelnfälle mehr auftreten sollen. Dieses Ziel hat Deutschland erreicht.

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
- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland – erste erfreuliche Ergebnisse erzielt*. *Epid Bull* 2021; 15:3–7.
<https://doi.org/10.25646/8109>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. *Epid Bull* 2020; 34:1–65.
<https://doi.org/10.25646/7083>
- 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; 2:1–22. <https://doi.org/10.25646/6447>
- 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.
<https://doi.org/10.25646/70274>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6212>
- 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

6.53 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 8.743
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Großteil der Infektionen in Deutschland erworben
- ▶ 109 Ausbrüche mit 592 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 *Salmonella* (S.) Typhi und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.61 und 6.47) behandelt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.53.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 8.743 (2019: 13.696) Salmonellosen übermittelt. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. Von 2001 bis 2015 wurde ein rückläufiger Trend beobachtet (von 76.990 zu 13.876 Erkrankungen pro Jahr). Von 2015 bis 2019 lagen die Zahlen relativ konstant im Bereich von etwa 13.000 bis 14.300 Erkrankungen jährlich. Die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen lag im Jahr 2020 bei 11 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, ein Rückgang um 36 % im Vergleich zu 2019 (17 Erkr./100.000 Einw.). Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (2.966; 34 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.53.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.53.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Hamburg (63 %) und Schleswig-Holstein (63 %), die geringsten Rückgänge in Brandenburg (19 %), Sachsen-Anhalt (16 %), Thüringen (15 %) und im Saarland (5 %) zu verzeichnen. Ähnlich wie in den Vorjahren waren die Inzidenzen in Thüringen (27 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (21) und Sachsen (16) am höchsten.

Bei 4.934 Salmonellosen (56 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (4.959 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich); 4.532 (91 %; 2019: 72 %) der Nennungen entfielen auf Deutschland. Andere Länder wurden insgesamt deutlich seltener als 2019 genannt, am häufigsten Ägypten (49 Nennungen), die Türkei (34), Polen (27) und Thailand (25).

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. 6.53.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 52 %; weiblich 48 %).

Nachgewiesene Erreger

Ein Serovar wurde für 6.012 Fälle (69 %, 2019: 72 %) übermittelt. Bei 1.621 Fällen (19 %) wurde nur die Serogruppe oder Subspezies übermittelt; 1.110 Fälle (13 %) waren ohne entsprechende Angaben. Die am häufigsten genannten Serovare waren *S. Enteritidis* (2.225 Nennungen) und *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante 2.231 Nennungen). Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (230 Nennungen), *S. Muenchen* (133 Nennungen), *S. Derby* (103 Nennungen), *S. Brandenburg* (78 Nennungen) und *S. Bovismorbificans* (63 Nennungen). Andere Serovare wurden höchstens je 40-mal genannt. Die am häufigsten genannten Serogruppen (inkl. Subgruppen) waren Gruppe B (913), Gruppe C (326) und Gruppe D (203). Gegenüber dem Vorjahr nahm der Anteil von *S. Enteritidis* an allen Fällen mit Angabe eines Serovars ab (von 42 % auf 37 %), der Anteil von *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante) hingegen leicht zu (von 34 % auf 37 %).

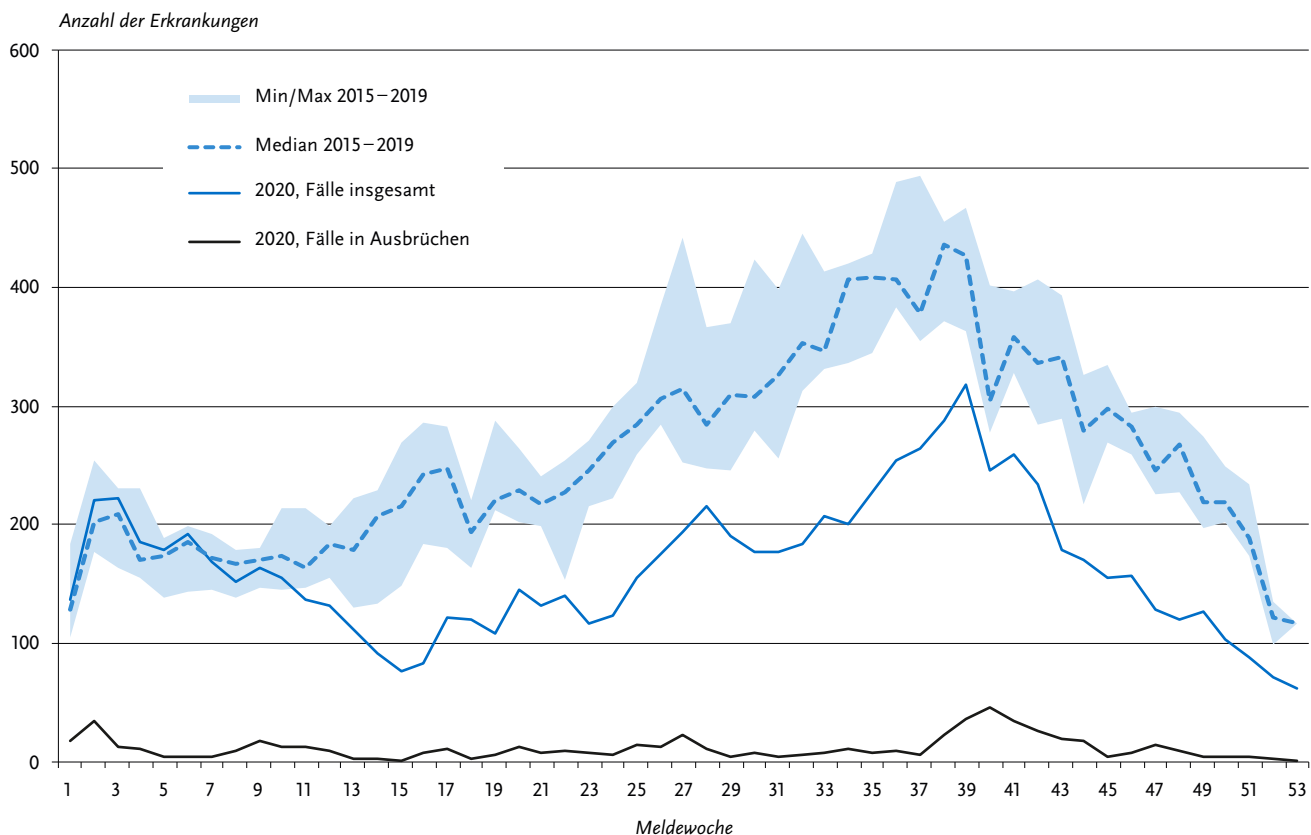
Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (8.736) wurden ein oder mehrere Symptome angegeben (19.004 Nennungen). Durchfall (96 % der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	198	1 %	79	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	13.498	85 %	8.664	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	564	4 %	425	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.657	10 %	1.563	15 %
alle	15.917	100 %	10.731	100 %
Referenzdefinition (B+C)	13.696	86 %	8.743	81 %

Abb. 6.53.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2020 (n=8.743) im Vergleich mit den Vorjahren
(mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



Bauchschmerzen (63%), Fieber (39%) und Erbrechen (20%). Es wurden 13 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2019: 18). Betroffen waren 7 Männer und 6 Frauen im Alter zwischen 43 und 89 Jahren (Altersmedian 74 Jahre). Bei 9 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 4-mal *S. Typhimurium*, 4-mal *S. Enteritidis*, einmal *S. Infantis*. Bei den übrigen 4 Todesfällen wurde nur die Serogruppe (3-mal Gruppe B, einmal Gruppe D) übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 109 (2019: 277) Ausbrüche mit insgesamt 592 Erkrankungen (7% aller Salmonellosen, Vorjahr: 8%) übermittelt (s. Tab. 6.53.2), davon 12 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen.

Der größte Ausbruch umfasste 161 übermittelte Erkrankungen durch *S. Muenchen* und betraf mehrere Bundesländer,

hauptsächlich Bayern und Nordrhein-Westfalen. Mittels einer Fall-Kontroll-Studie sowie durch Nachweis des Ausbruchstamms im Lebensmittel wurden abgepackte Kokosstücke als Infektionsvehikel ermittelt.

Ein Ausbruch mit 70 übermittelten Erkrankungen in Sachsen-Anhalt und Sachsen wurde durch *S. Brandenburg* verursacht und stand in Zusammenhang mit dem Verzehr von Döner Kebab. Aus Thüringen wurde ein Ausbruch übermittelt, dem 16 Erkrankungen mit *S. Infantis* und 7 weitere Erkrankungen mit einem anderen oder ohne angegebenes Serovar zugerechnet wurden. Ein Infektionsvehikel wurde nicht übermittelt. In Bayern kam es nach einer Familienfeier zu einem Ausbruch mit 22 Fällen von *S. Enteritidis*. Das auslösende Lebensmittel konnte nicht ermittelt werden. Ein Ausbruch mit 19 Fällen von *S. Agona* in Berlin, Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern stand in Zusammenhang mit dem Besuch von bestimmten Döner-Imbissen.

Tab. 6.53.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2019 und 2020

	2019		2020	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	241	581	97	237
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	36	522	12	355
Alle Ausbrüche	277	1.103	109	592

Abb. 6.53.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland,
2020 (n=8.743) im Vergleich mit den Vorjahren

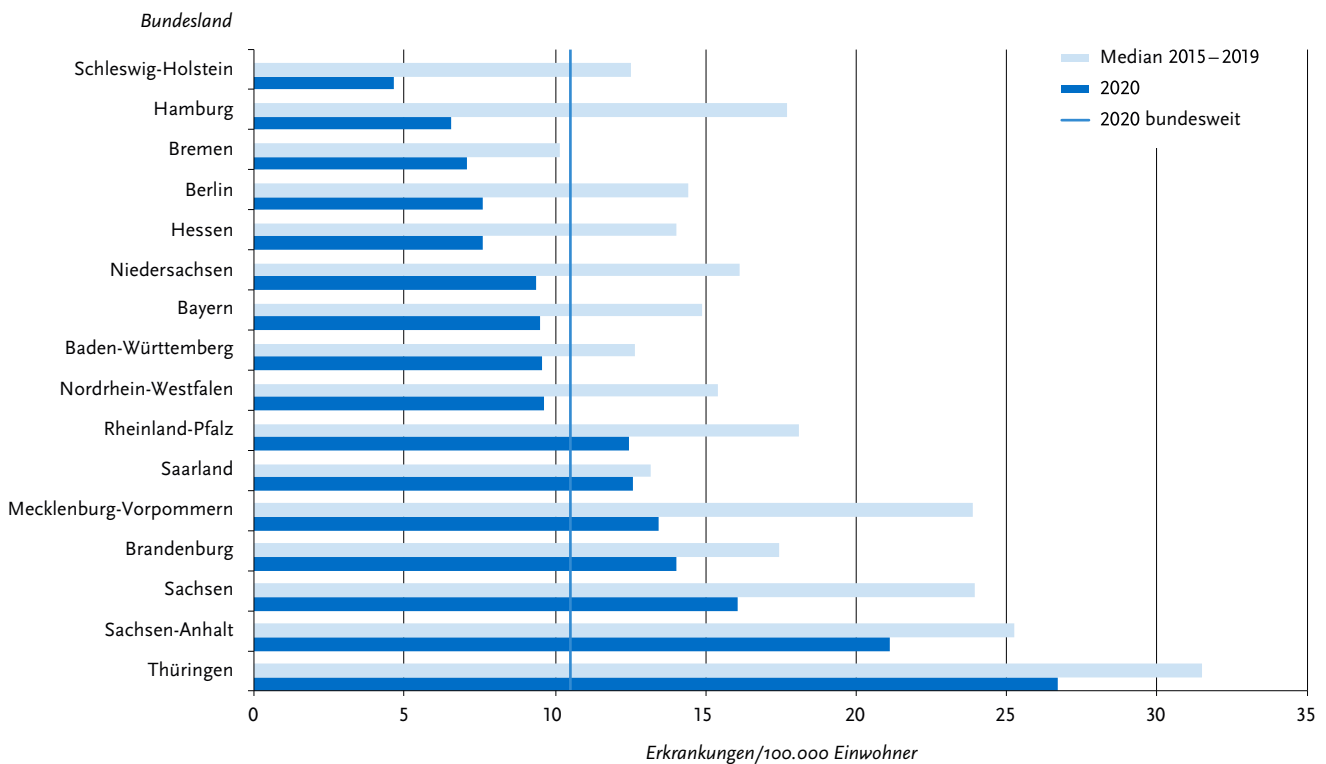
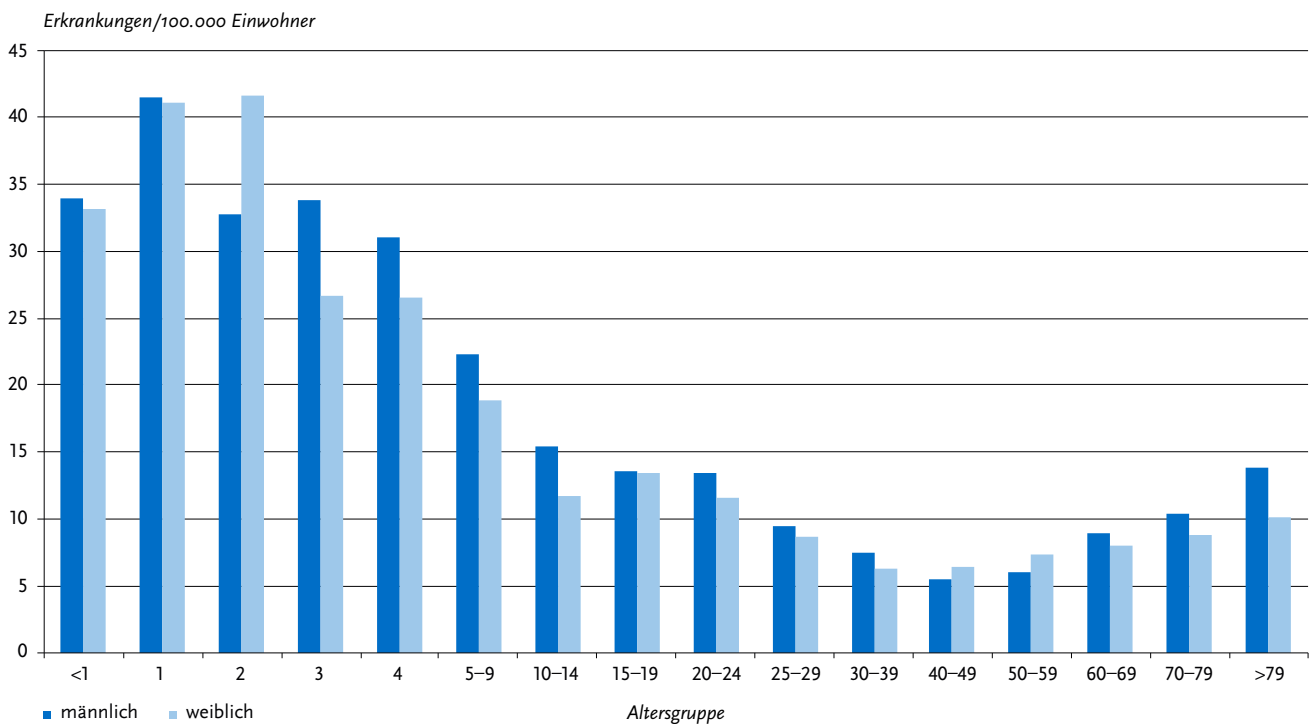


Abb. 6.53.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2020 (n=8.711)



Von den 7 übrigen Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen waren 5 durch *S. Enteritidis* und 2 durch *S. Typhimurium* verursacht; 4 dieser 7 Ausbrüche betrafen private Haushalte bzw. eine private Feier.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose war bis 2015 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. Von 2017 bis 2019 hat sich der rückläufige Trend nicht weiter fortgesetzt. Erst 2020 kam es während der COVID-19-Pandemie erneut zu einem deutlichen Rückgang, wobei sich der Anteil der im Ausland erworbenen Erkrankungen verringert hat. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* machten zusammen 74 % der Erkrankungen mit Nennung eines Serovars aus. Da diese beiden Serovare zu den ebenfalls häufig übermittelten Serogruppen D bzw. B gehören, liegt ihr tatsächlicher Anteil an allen Fällen möglicherweise noch höher. Es treten immer wieder zum Teil große lebensmittelbedingte Ausbrüche auf.

Literaturhinweise

- Uelze L, Becker N, Borowiak M, et al.: *Toward an integrated genome-based surveillance of Salmonella enterica in Germany*. Front Microbiol 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.626941>
- Enkelmann J, von Laer A, Simon S, et al.: *Disentangling outbreaks using whole-genome sequencing: concurrent multistate-outbreaks of Salmonella Kottbus in Germany, 2017*. Epidemiol Infect 2020. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000394>
- Meinen A, Simon S, Banerji S, et al.: *Salmonellosis outbreak with novel Salmonella enterica subspecies enterica serotype (11:24:1e,n,215) attributable to sesame products in five European countries, 2016 to 2017*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.18.30528>
- Hörmannsdorfer S, Messelhäußer U, Rampp A, et al.: *Reevaluation of a 2014 multi-country European outbreak of Salmonella Enteritidis phage type 14b using recent epidemiological and molecular data*. Euro Surveill 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.50.17-00196>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.54 Shigellose



- Fälle nach Referenzdefinition 2020: 139
- Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 78 % gesunken
- Männer häufiger betroffen als Frauen (64 % zu 36 %)
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 39 Jahren
- 53 % der Erkrankungen in Deutschland erworben, weitere wichtige Infektionsländer sind Ägypten und Indien

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 oronale Kontakte sind möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.54.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden insgesamt 139 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Vorjahr um 78 % gesunken. Die starke Abnahme der Fallzahlen im Jahr 2020 gegenüber dem Vorjahr steht, zumindest teilweise, im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie. Im zeitlichen Verlauf ist seit 2001 insgesamt eine deutliche Abnahme der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.54.1). Zwischen 2008 und 2019 schwankte die Zahl der jährlichen Erkrankungen zwischen etwa 430 und 730.

Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit niedriger als der Median der 5 Vorjahre (0,7).

Tab. 6.54.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13	2 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	614	89 %	139	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	19	3 %	6	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	41	6 %	32	18 %
alle	687	100 %	177	100 %
Referenzdefinition (B+C)	627	91 %	139	79 %

Abb. 6.54.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

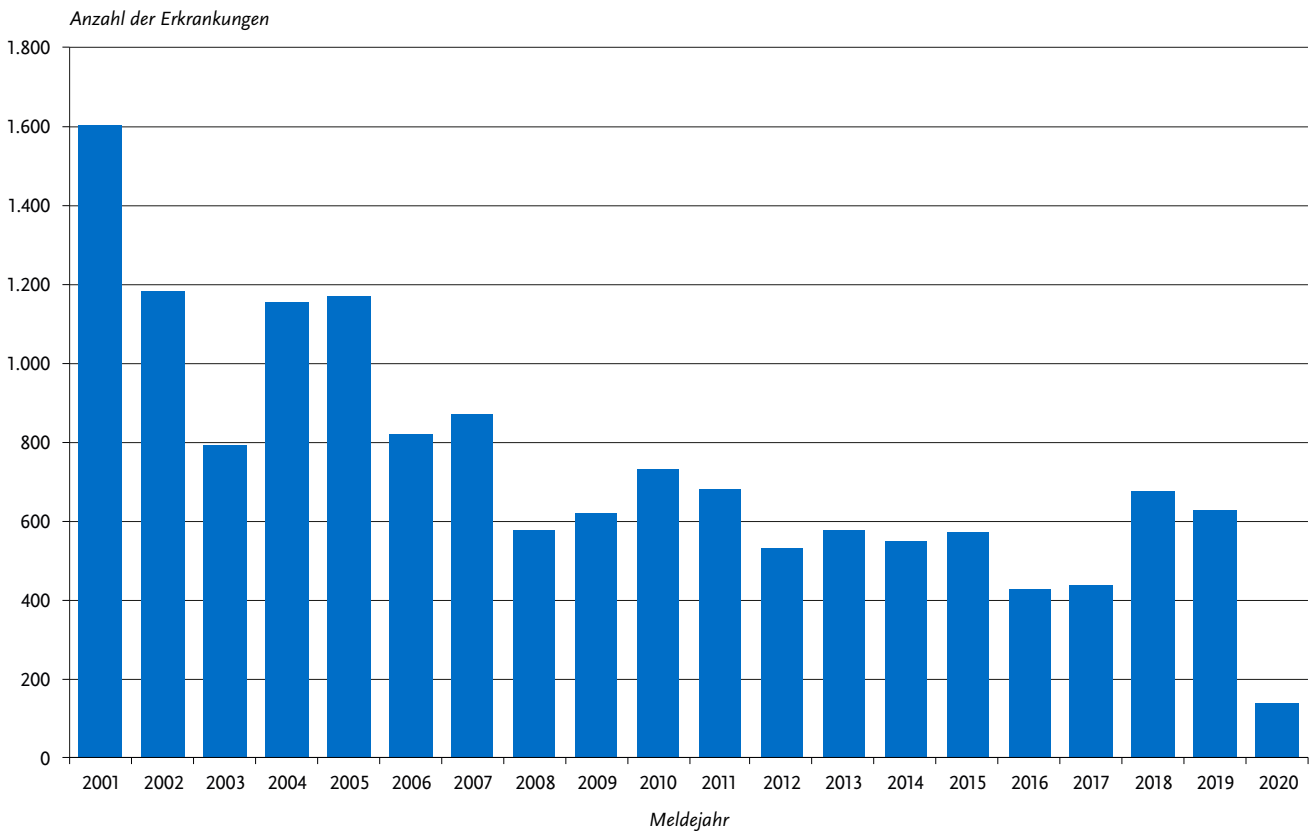


Abb. 6.54.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=139) im Vergleich zu den Vorjahren

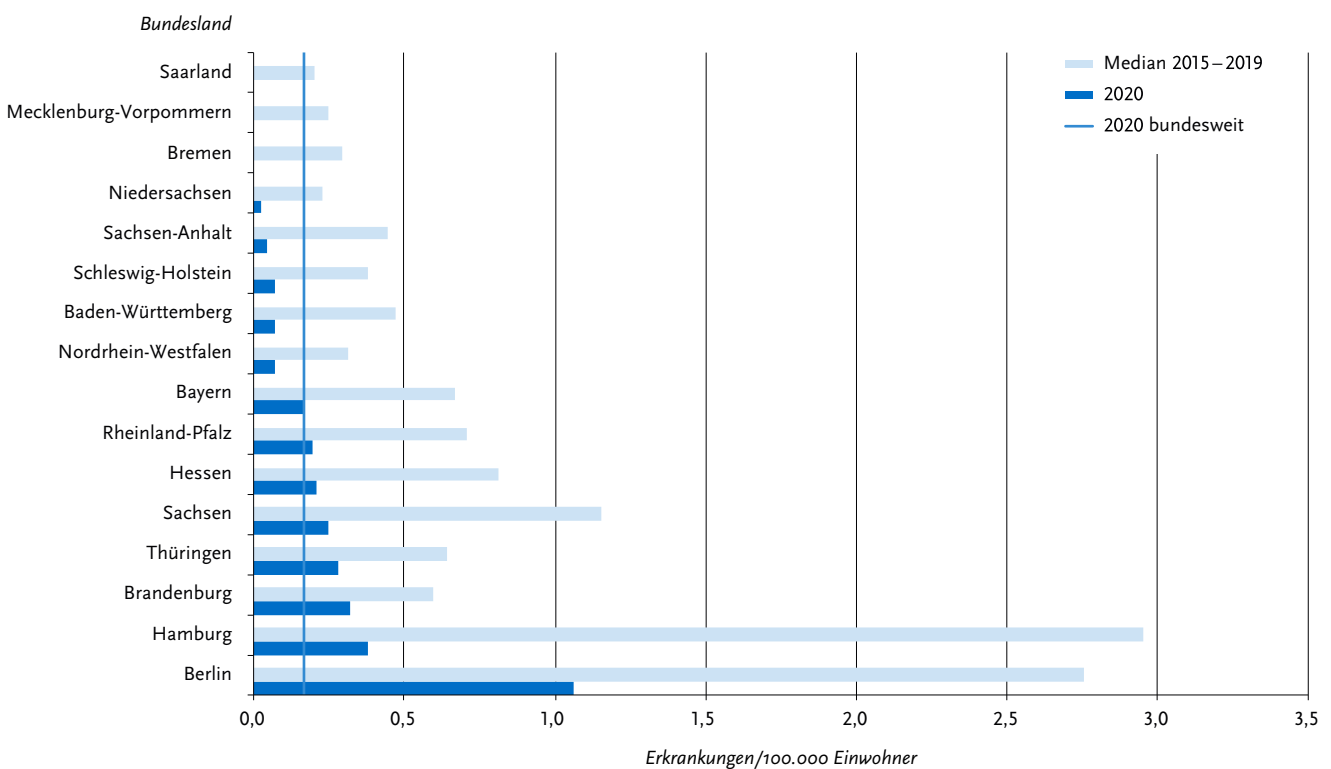
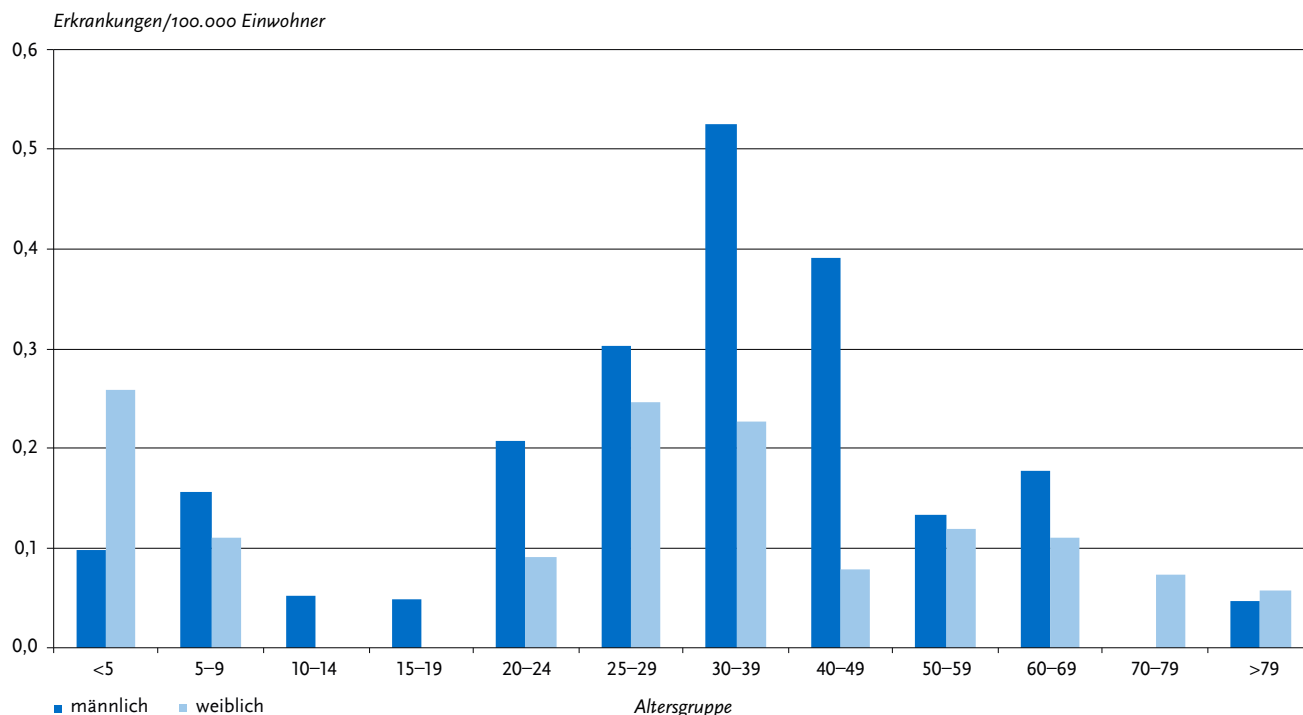


Abb. 6.54.3:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=138)



In allen Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2020 deutlich niedriger als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2020, wie bereits zuvor, in Berlin (1,1 Erkr./100.000 Einw.) und Hamburg (0,4) registriert. Auch in Brandenburg, Thüringen, Sachsen, Hessen und Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.54.2). Bei 98 Erkrankungen (71 %) lagen insgesamt 99 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 52 Nennungen (53 %) wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (6 %), Indien (4 %), Pakistan und Tansania (jeweils 3 %) (s. Tab. 6.54.2).

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 (0,2 Erkr./100.000 Einw.; n=8). Bei Erwachsenen wurden die höchsten Inzidenzen bei den 25- bis 39-Jährigen registriert (0,3; n=55). Insgesamt waren mehr männliche (64 %) als weibliche Personen (36 %) betroffen. In der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher (0,5) als bei Frauen (0,2) (s. Abb. 6.54.3).

Nachgewiesene Erreger

Bei 119 Erkrankungen (86 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (71 %), *S. flexneri* (22 %), *S. boydii* (6 %) und *S. dysenteriae* (0,8 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. boydii* (2019: 2,7 %) zugenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2019: 73 %), *S. flexneri* (2019: 23 %) und *S. dysenteriae* (2019: 2,7 %) abgenommen hat.

Tab. 6.54.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2020 (Mehrfachnennungen möglich, 98 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	52	53 %
Ägypten	6	6 %
Indien	4	4 %
Pakistan	3	3 %
Tansania	3	3 %
Philippinen	2	2 %
Spanien	2	2 %
Namibia	2	2 %
Kenia	2	2 %
Indonesien	2	2 %
Andere	21	21 %
Summe	99	100 %

Klinische Aspekte

Für alle 139 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (96 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (66 %), Fieber (37 %) und Erbrechen (18 %). Im Jahr 2020 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurde nur ein Ausbruch (2019: 22) mit 2 Erkrankungen (2019: 64) übermittelt.

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 2020 im Vergleich zum Vorjahr deutlich rückläufig. Dies steht wahrscheinlich, zumindest teilweise, in Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie. Zwischen 2008 und 2019 schwankte 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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
RKI-Ratgeber (2021). www.rki.de/ratgeber

6.55 Syphilis

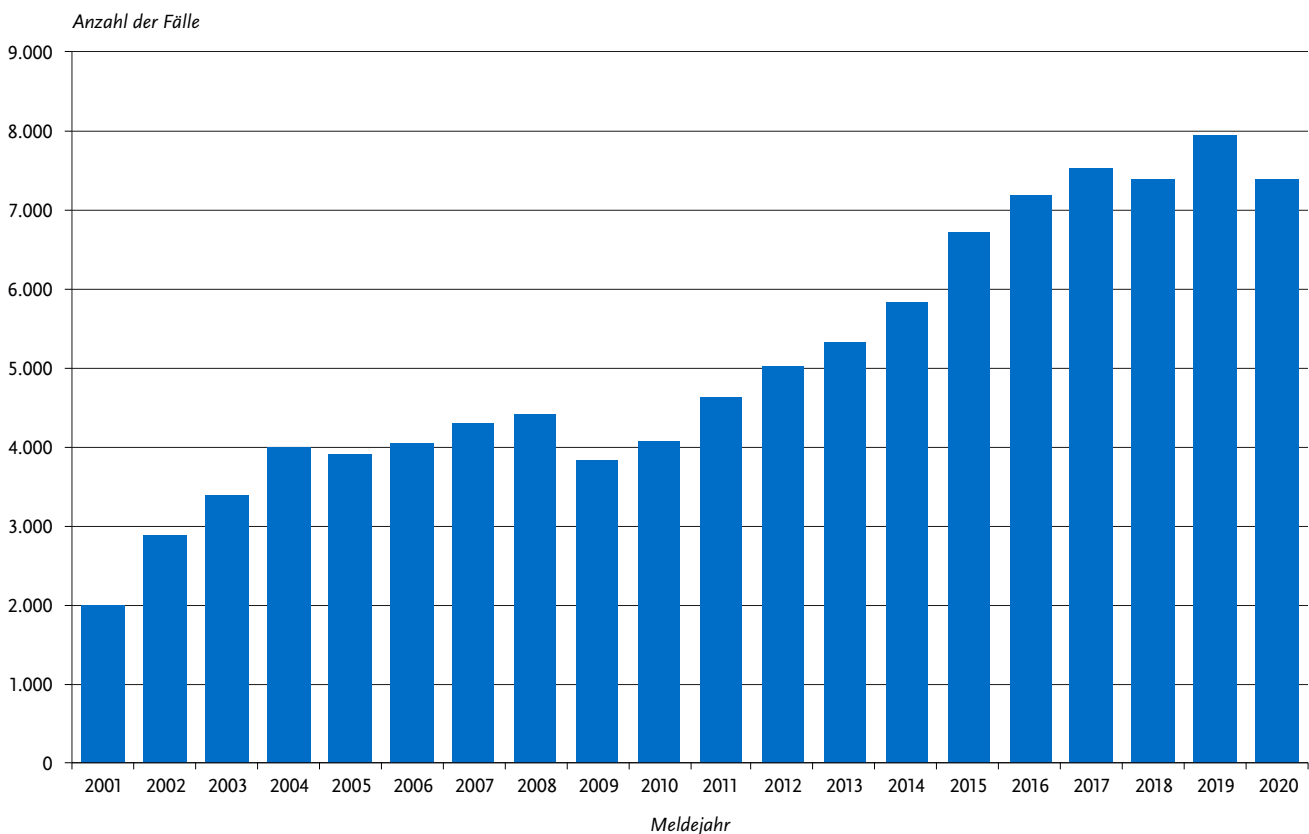
- ▶ Fälle 2020: 7.374
- ▶ Rückgang im Vergleich zum Vorjahr, wahrscheinlich durch die COVID-19-Pandemie bedingt
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

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 Zeitspan-

Abb. 6.55-1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



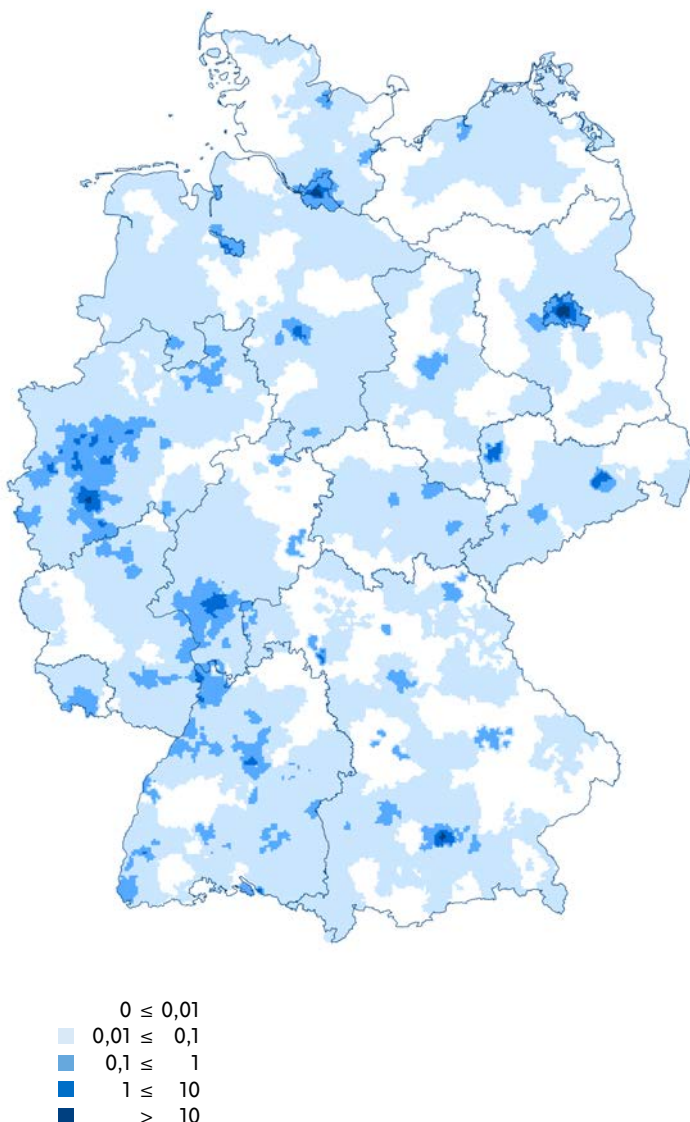
ne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

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.

Abb. 6.55.3:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitzahlbereich (geglättet), Deutschland, 2020 (n=7.374)



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 2020 wurden dem RKI 7.374 Syphilis-Fälle gemeldet, 554 (6,9%) weniger als im Vorjahr. Die Fallzahl bewegt sich damit nach einem Höchststand im Jahr 2019 auf dem Niveau von 2018 (s. Abb. 6.55.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit betrug die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2020 8,9 Fälle pro 100.000 Einwohner und war damit gleich dem Median der 5 Vorjahre (8,9). Die Inzidenz stieg in 6 Bundesländern an. Der Anstieg war prozentual besonders ausgeprägt in Mecklenburg-Vorpommern (von 4,4 auf 6,8 Fälle pro 100.000 Einw.; +56%), Brandenburg (von 4,1 auf 4,6; +13%), Bremen (von 9,1 auf 10,0; +10%) sowie Sachsen-Anhalt (von 5,6 auf 6,1; +8%). In den anderen Bundesländern fiel die Inzidenz ab, prozentual am ausgeprägtesten in Thüringen (von 5,3 auf 3,9; -26%), Schleswig-Holstein (von 4,9 auf 4,1; -17%), Nordrhein-Westfalen (von 11,4 auf 9,5; -17%) sowie in Baden-Württemberg (von 5,9 auf 5,0; -15%).

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (39,6) und Hamburg (22,0) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Bremen (10,0), Hessen (9,7) und Nordrhein-Westfalen (9,5), am niedrigsten in Brandenburg (4,6), Schleswig-Holstein (4,1) und Thüringen (3,9) (s. Abb. 6.55.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 20 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg in den Städten Köln (45,5), Frankfurt/M. (30,4), Offenbach (24,6), München (23,9), Kaiserslautern (21,0), Düsseldorf (20,9) sowie Leipzig (20,6) zu verzeichnen (s. Abb. 6.55.3).

Für 5.565 Fälle (76%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (5.261; 95%) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (43 Nennungen), Thailand (25), Brasilien (21), Italien und die USA (je 13), Rumänien und China (je 12), das Vereinigte Königreich (11) sowie Bulgarien, Frankreich und Polen (je 10).

Demografische Verteilung

Im Jahr 2020 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 6,2% und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr (5,8%) annähernd stabil. Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen entsprach der des Vorjahres (je 457). Die Anzahl der Fälle unter Männern (6.904) fiel um 7,5%. Mit 16,8 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 (38,4) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (33,0) und der 40- bis 49-Jährigen (30,0) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen (3,2) die höchste Inzidenz auf, gefolgt von den 20- bis 24-Jährigen (2,7) sowie den 30- bis 39-Jährigen (2,4) (s. Abb. 6.55.4).

Abb. 6.55.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=7.374) im Vergleich mit den Vorjahren

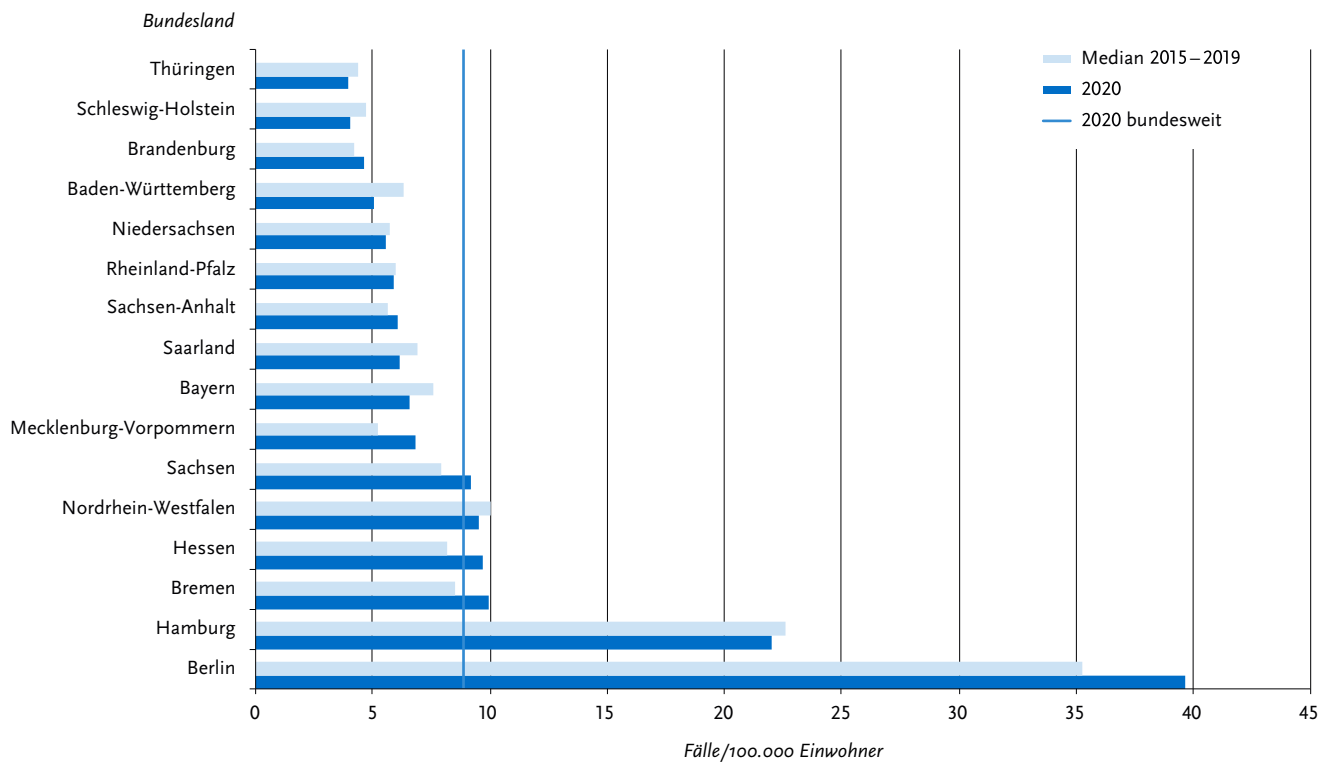
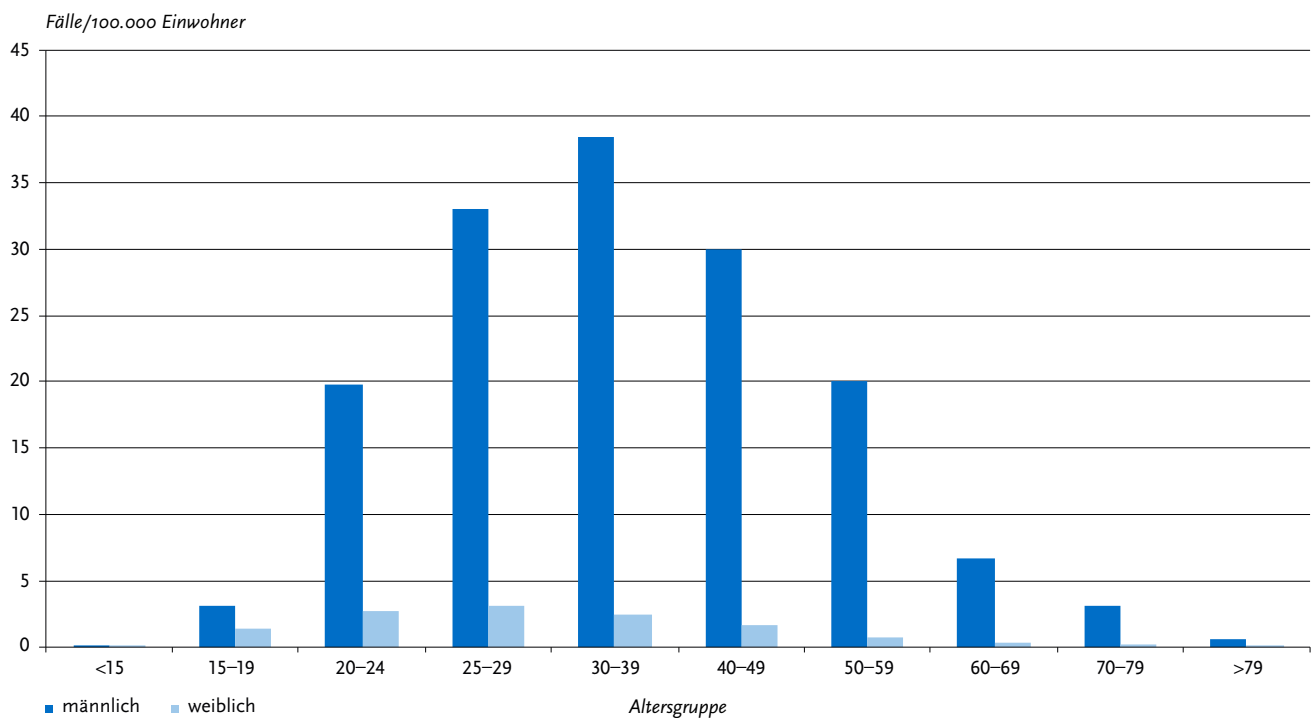


Abb. 6.55.4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=7.346)



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 fiel die Anzahl der Fälle gegenüber 2019 um insgesamt 8 %, dabei in 10 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß: Saarland (–39 %), Nordrhein-Westfalen (–16 %), Baden-Württemberg (–15 %), Hamburg (–12 %), Bayern (–10 %), Sachsen (–9 %), Niedersachsen und Berlin (je –7 %) sowie Schleswig-Holstein und Sachsen-Anhalt (je –4 %). Demgegenüber stieg die Anzahl der Fälle von MSM in Mecklenburg-Vorpommern (+27 %), Brandenburg (+18 %), Rheinland-Pfalz (+15 %), Bremen und Hessen (je +13 %) sowie Thüringen (+4 %).

Im Vergleich zum Vorjahr fiel die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden (n=101) ab (–22 %). Auch die Zahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden (n=62), fiel ab (–23 %). 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 2019 zwischen ein und 7 Fällen pro Jahr. Im Jahr 2020 waren es 6 Fälle.

Bei einem Drittel der Fälle aus dem Jahr 2020 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (31 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 42 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (8 %).

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, fiel von 9.931 im Jahr 2019 auf 9.536 im Jahr 2020. 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 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

Nach einem seit 2010 annähernd durchgehend zu beobachtenden Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland fiel deren Anzahl im Jahr 2020 wieder leicht auf das Niveau von 2018. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffenen-Gruppe sind nach wie vor MSM, bei denen geografisch 2020 keine einheitliche Dynamik festzustellen war. In Nordrhein-Westfalen, dem Bundesland mit der in absoluten Zahlen höchster Anzahl von Fällen kam es zu einem deutlichen Rückgang der gemeldeten Fallzahlen.

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 2020 wurden nur mit 6 Fällen zwar mehr Fälle als in den Vorjahren gemeldet, es blieb aber bei Einzelfällen.

Es ist wahrscheinlich, dass die COVID-19-Pandemie einen Einfluss auf den Rückgang der Syphilis-Fallzahlen im Jahr 2020 hatte. Dies kann zum einen im Rückgang risiko-behafteter Sexualkontakte durch die Pandemie-bedingten Kontaktbeschränkungen begründet sein. Zum anderen kann es aber auch zu einer geringeren Inanspruchnahme von Test-Einrichtungen gekommen sein, sei es aufgrund von Bedenken vor einer potenziellen Infektion seitens der Patientinnen und Patienten, sei es durch eine zumindest zeitweise Schließung relevanter Einrichtungen wie z. B. Checkpoints für MSM. Der genaue Einfluss solcher Effekte kann anhand der Meldedaten nicht beziffert werden. Der Rückgang von Syphilis-Fällen im Jahr 2020 war allerdings bei weitem nicht so stark wie der anderer meldepflichtiger Infektionen. Der eher leichte Rückgang in Deutschland deckt sich dabei gut mit Analysen der US-amerikanischen Syphilis-Meldedaten (s. u.)

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

- Crane MA, Popovic A, Stolbach AI, Ghanem, K.G.: *Reporting of sexually transmitted infections during the COVID-19 pandemic*. Sex Transm Infect 2021. <https://doi.org/10.1136/sextrans-2020-054805>
- 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
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.56 Tollwut

Kurzbeschreibung

Tollwut ist eine weltweit verbreitete Zoonose, verursacht durch neurotrope Viren der Familie der Rhabdoviridae, Genus Lyssaviren. 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 Kontamination 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. Parästhesien, Lähmungen, vermehrter Speichelfluss, Spasmen, Krämpfe) aufgetreten sind. Es wird geschätzt, dass weltweit jährlich ca. 60.000 Menschen an Tollwut sterben.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurde dem RKI keine Erkrankung an Tollwut übermittelt.

In Deutschland sind seit dem Jahr 2005 insgesamt 5 Tollwuterkrankungen übermittelt worden. Zuletzt verstarb im Jahr 2007 ein 55-jähriger Mann an Tollwut, nachdem er in Marokko von einem streunenden Hund 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. Drei Organempfänger verstarben ebenfalls, da zu diesem Zeitpunkt kein Anhalt für eine Tollwuterkrankung bei der Organspenderin vorgelegen hatte.

Literaturhinweise

WHO: *Expert Consultation on Rabies, Third report*. World Health Organ Tech Rep 2018. <http://www.who.int/iris/handle/10665/272364>

WHO: *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018*.

<https://www.who.int/publications/i/item/who-wer9316>

Haselbeck AH, Rietmann S, Tadesse BT, et al.: *Challenges to the Fight against Rabies – The Landscape of Policy and Prevention Strategies in Africa*.

Int J Environ Res Public Health 2021.

<https://doi.org/10.3390/ijerph18041736>

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2021; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/8156>

RKI: *Häufig gestellte Fragen und Antworten zu Tollwut und Schutzimpfung gegen Tollwut 2018*. www.rki.de/tollwut

RKI: *RKI-Ratgeber (2020)*. www.rki.de/ratgeber

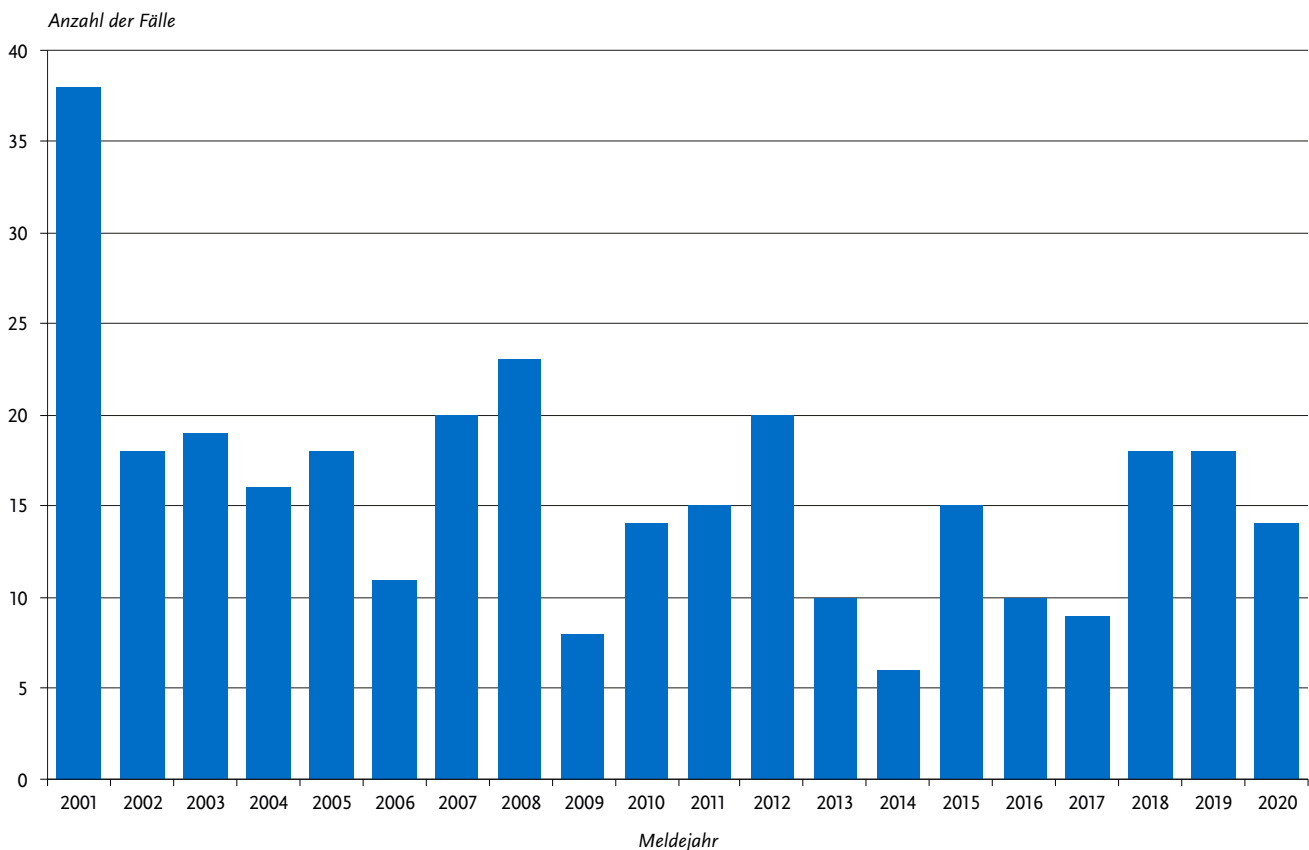
6.57 Toxoplasmose, konnatale Infektion

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 Infek-

Abb. 6.57.1: Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2020 (n=320)



tion 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-Serum-antikörpern im postnatalen Verlauf.

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2020 wurden dem RKI 14 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.57.1). Die Meldungen kamen aus 8 Bundesländern, davon 3 Fälle aus Bayern, jeweils 2 Fälle aus Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen sowie jeweils ein Fall aus Berlin, Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt. Für 2 Fälle lagen keine Angaben zum Bundesland vor. Für 10 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben, Deutschland wurde 9-mal, die Türkei 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.

Literaturhinweise

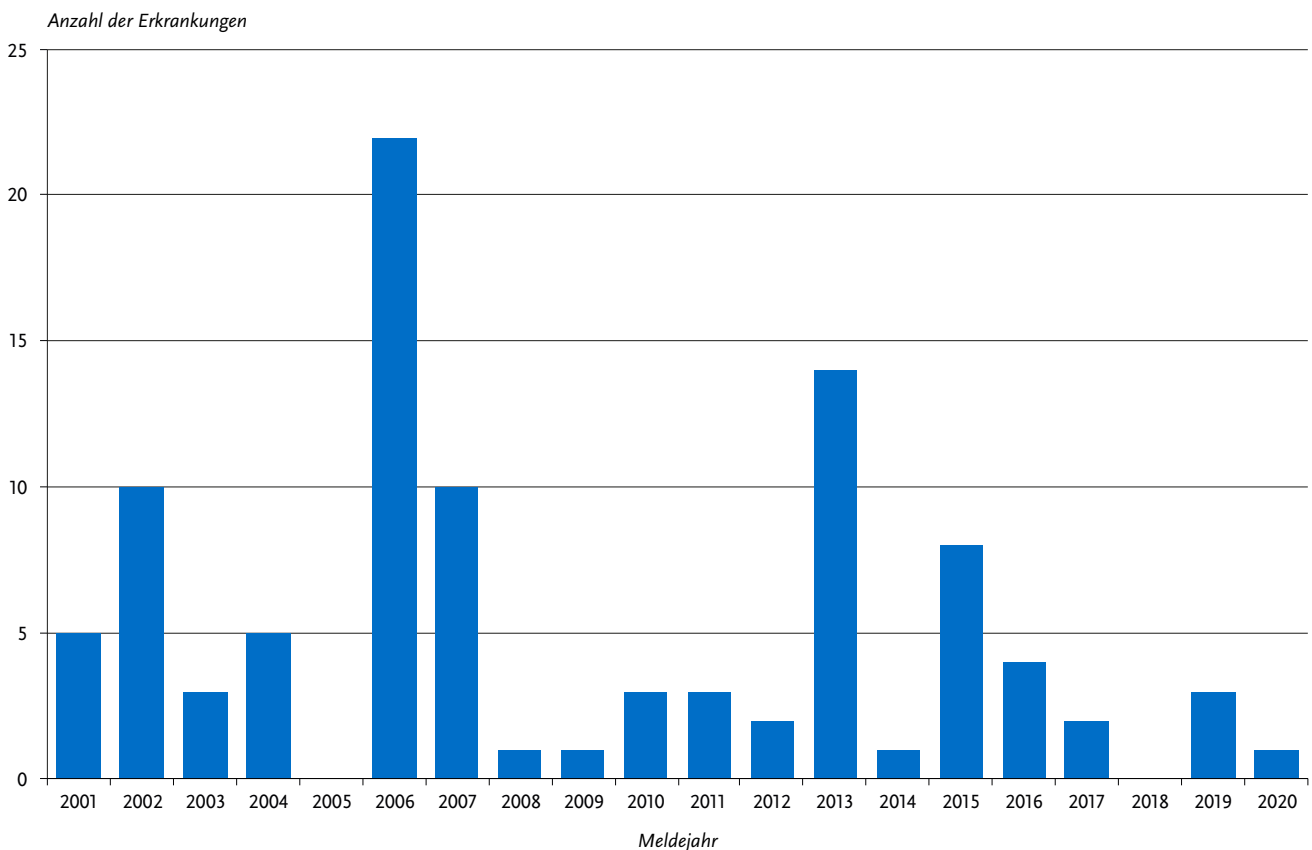
- Pleyer U, Gross U, Schlüter D, Wilking H, Seeber F: *Toxoplasmosis in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2019. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2019.0435>
- Wilking H, Thamm M, Stark K, Aebischer T, Seeber F: *Prevalence, incidence estimations, and risk factors of Toxoplasma gondii infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study*. Sci Rep 2016. <https://doi.org/10.1038/srep22551>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.58 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.

Abb. 6.58.1:
Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurde dem RKI eine Trichinellose übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllt (s. Abb. 6.58.1). Betroffen war ein Mann in der Altersgruppe 40 bis 49 Jahre. Für die Erkrankung wurde als wahrscheinlicher Infektionsort Deutschland übermittelt. 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. <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2018.04.003>
- 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

6.59 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 4.127
- ▶ Fallzahlen sind 2020 im Vergleich zum Vorjahr um 14 % gesunken
- ▶ Höchste Inzidenzen bei jungen Erwachsenen im Alter zwischen 20 und 29 Jahren
- ▶ Lungentuberkulosen machen rund 71 % der Erkrankungen aus, davon 86 % als offene (infektiöse) Form
- ▶ Kontinuierliche Zunahme der extrapulmonalen Tuberkulose von 21 % (2002) auf knapp 29 %
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2019 gesunken – liegt mit 78,4 % unter dem WHO-Ziel (90 %)

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium (M.) tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. microti*, *M. canettii* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist 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, welche die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.59.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2020 wurden dem RKI 4.127 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 5,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2019: 4.812 Fälle; 5,8 Erkr./100.000 Einw.). Nach einem seit 2008 beobachteten Plateau mit weitgehend stabilen Erkrankungszahlen von jährlich rund 4.200 bis 4.500 Fällen, waren sie in den Jahren 2015 und 2016 auf fast 6.000 Fälle deutlich angestiegen (Abb. 6.59.1). In den Jahren 2017 und 2018 wurden dann mit jeweils rund 5.500 Fällen wieder geringere Zahlen registriert, bevor 2019 mit rund 4.800 Fällen ein weiterer deutlicher Rückgang beobachtet werden konnte. Auch 2020 hält die rückläufige Entwicklung der Fallzahlen mit einem Minus von gut 14 % gegenüber dem Vorjahr weiter an (Abb. 6.59.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2020 in fast allen Bundesländern zum Teil deutlich geringer als der Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.59.2). Lediglich in Bremen und im Saarland hat die Inzidenz leicht zugenommen. Auffallend ist der sehr ausgeprägte Rückgang der Inzidenz in Sachsen-Anhalt (2,8) um weit mehr als die Hälfte im Vergleich zum Median der letzten 5 Jahre (7,0).

Der Stadtstaat Hamburg (9,7) liegt zusammen mit den Stadtstaaten Bremen (9,1) und Berlin (8,7) sowie dem Bundesland Hessen (7,6) deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 5,0. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren dagegen Sachsen-Anhalt (2,8) und Thüringen (2,7).

Tab. 6.59.1:
Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	956	20 %	808	19 %
klinisch-epidemiologisch (B)	77	2 %	54	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.779	77 %	3.265	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	67	1 %	62	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2	0 %	8	0 %
alle	4.881	100 %	4.197	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	4.812	99 %	4.127	98 %

Abb. 6.59.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2020

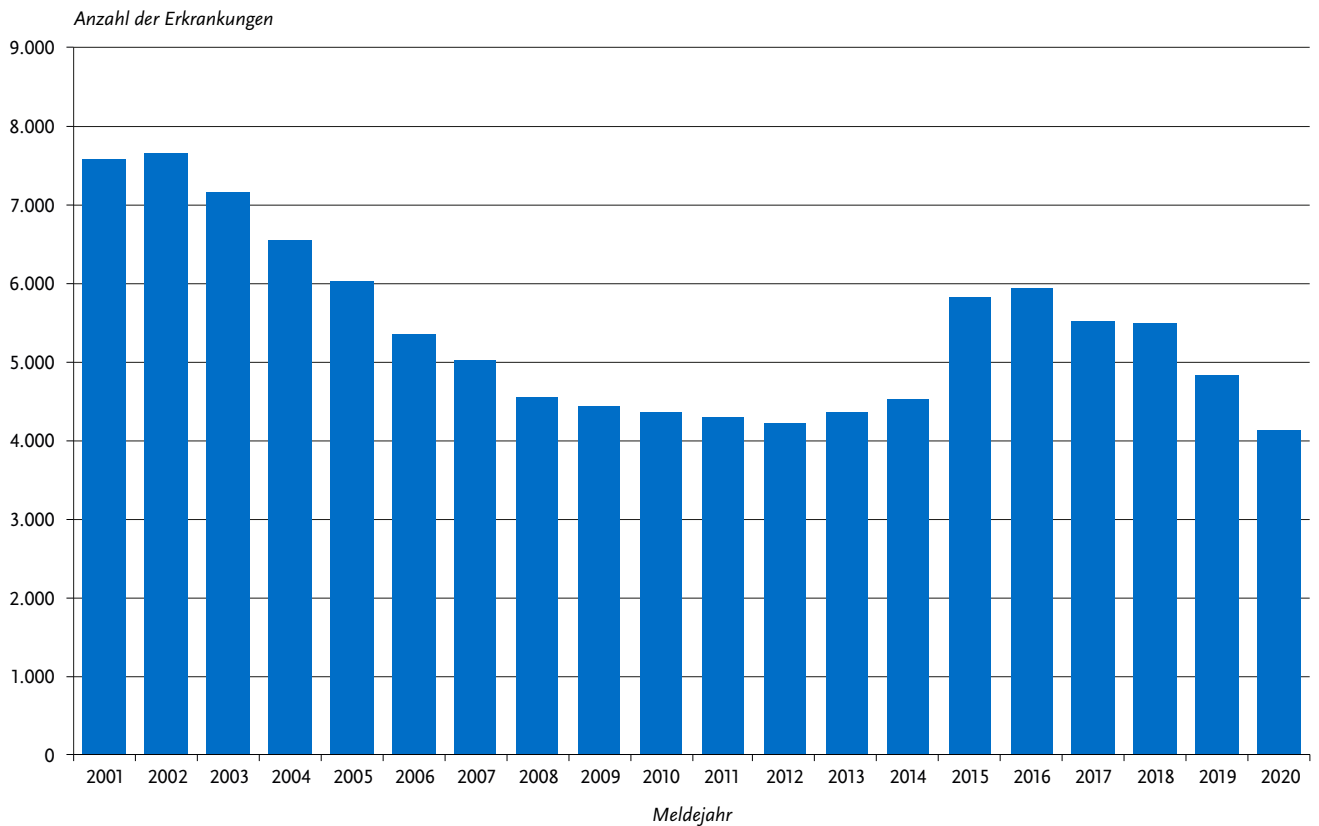
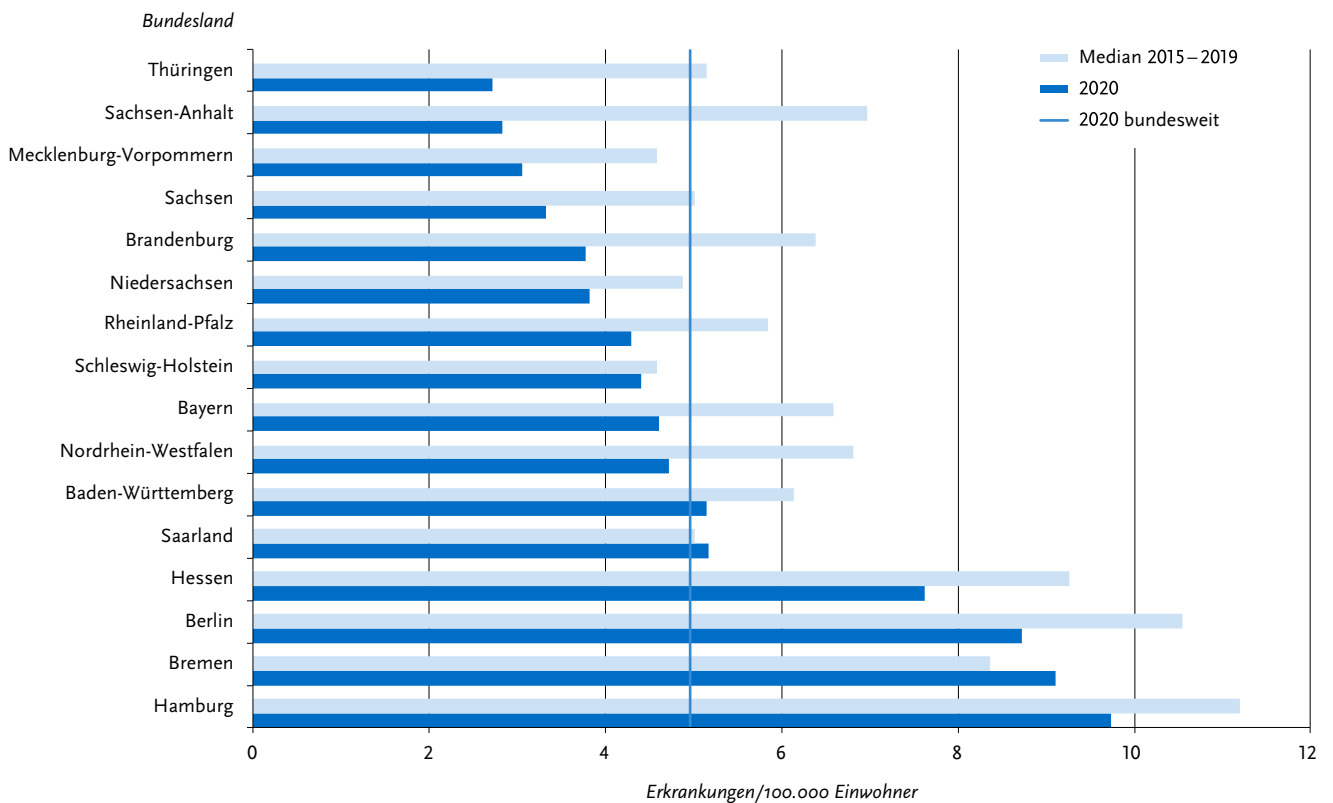


Abb. 6.59.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=4.127) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 163 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (195) verringert. Insgesamt erkrankten annähernd gleich viele Jungen (83) wie Mädchen (80). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,4 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war unter Kindern die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen zu verzeichnen (2,1; 84 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsspitzen im Alter zwischen 20 und 24 Jahren (11,4 Erkr./100.000 Einw.), wobei die Inzidenz in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen mit 10,3 ein ähnlich hohes Niveau erreichte. Ein weiterer, wenngleich deutlich kleinerer Gipfel ließ sich bei den über 79-Jährigen beobachten. In dieser Altersgruppe lag die Inzidenz bei 5,1.

Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 6,5 und war damit fast doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (3,5). Ab dem 15. Lebensjahr hatten männliche Personen in allen Altersgruppen ein höheres Risiko an Tuberkulose zu erkranken (s. Abb. 6.59.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.398 (82 %) der 4.127 Fälle übermittelt. Für 729 Fälle (18 %) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *Mycobacterium* (*M.*) *tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 2.754 (81 %) der 3.398 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 96,7 % (2.662 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. bovis* wurde bei 36 Erkrankten (1,3 %) angegeben; *M. africanum* wurde 53-mal (1,9 %) und *M. canetti* dreimal genannt. Infektionen mit *M. microti* wurden im Jahr 2020 nicht registriert.

Für 644 (19 %) Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

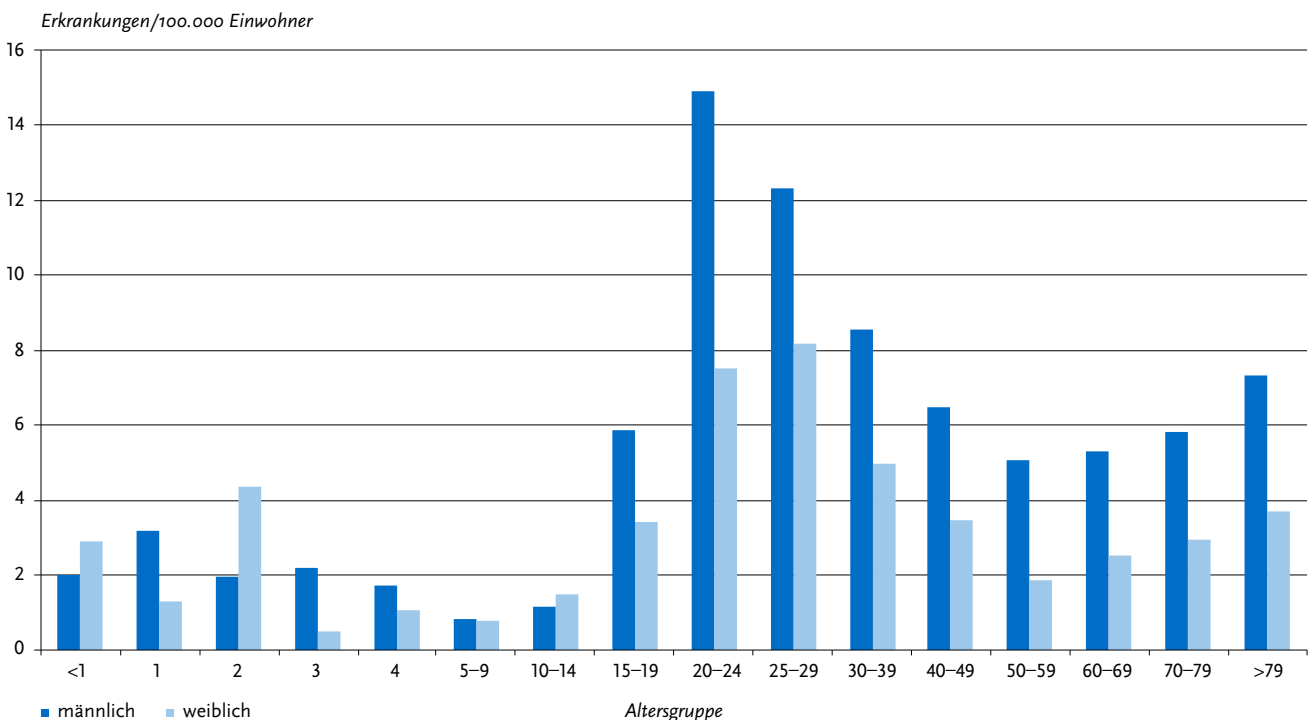
Im Jahr 2020 wurden 79 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2019 waren es 88 Fälle).

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 71,4 % (2.903 von 4.064 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 28,6 % der Erkrankungen (1.161). Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 14,8 % der Erkrankungen (601) am häufigsten betroffen und verteilten sich mit 10,3 % (418 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 4,5 % (183 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten. Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen, d.h. bakteriologisch bestätigten Form 85,9 % (2.495 von 2.903 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 58,5 % (1.460 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 14,1 % (408 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 108 von 4.046 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,7 %, wobei diese bei in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen sowie bei den über 79-Jährigen mit jeweils 10,8 % (34 bzw. 31 Todesfälle) am höchsten war. Auch bei Kindern unter 15 Jahren wurde ein krankheitsbedingter Todesfall registriert.

Abb. 6.59.3:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=4.118)



Ausbrüche

Für das Jahr 2020 wurden 44 Ausbrüche mit insgesamt 111 Erkrankungsfällen übermittelt. Eines der Ausbruchsgeschehen umfasste insgesamt 6 Erkrankungen. Hierbei handelte es sich nach Angaben des zuständigen Gesundheitsamtes um eine Häufung in einem Asylbewerberheim. Eine weitere Häufung war mit 5 Erkrankungen assoziiert. Als Infektionsumfeld wurde hier der private Haushalt genannt. Bei den anderen 42 Ausbrüchen (mit insgesamt 100 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen. Aufgrund von Nachmeldungen wurde die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2019 übermittelt wurden, von ursprünglich 60 mit insgesamt 164 Erkrankungsfällen (Datenstand: 01.03.2020) auf nunmehr 77 Ausbrüche mit insgesamt 205 Erkrankungsfällen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2019

Die folgenden Angaben gelten für das Jahr 2019. Entsprechende Daten für 2020 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für 4.117 der 4.812 im Jahr 2019 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (85,6%) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 3.226 Erkrankte (78,4%) übermittelt und ist damit im Vergleich zu 2018 (81,2%, Stichtag 1.3.2020) gesunken. Die Zielsetzung der WHO, die einen 90%-igen Behandlungserfolg vorsieht, wurde damit in Deutschland erneut nicht erreicht.

Bei 158 Erkrankungen (3,8%) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 217 Patienten (5,3%) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 142 Erkrankungen (3,4%) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei 4 Erkrankungen (0,1%) wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 370 Patienten (9,0%) waren vor Beginn oder während der Behandlung an Tuberkulose (145 Erkrankungen; 3,5%) oder an anderen Ursachen (225 Erkrankungen; 5,5%) 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, welche die Referenzdefinition nicht erfüllen, ist mit 1,7% (70 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (1,4%; 69 Fälle) weitgehend unverändert geblieben. Insgesamt bedarf es aber nach wie vor einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Nachdem die Erkrankungszahlen in den Jahren 2015 und 2016 deutlich angestiegen waren, setzte sich der deutliche Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2019 (von rund 12%) im Jahr 2020 mit einer weiteren Abnahme um gut 14% fort. Mit insgesamt 4.127 Fällen und einer Inzidenz von 5 Erkrankungen je 100.000 Einwohner wurden damit die niedrigsten Zahlen seit Ein-

führung des IfSG registriert. Inwiefern die aktuelle Entwicklung der registrierten TB-Fallzahlen dabei auch durch die COVID-19-Pandemie beeinflusst wurde, oder ob es sich um die weitere Fortführung eines rückläufigen Trends handelt, ist allein auf Basis der Meldedaten gegenwärtig nur schwer einzuschätzen.

Das von der WHO gesetzte Ziel sieht für Niedriginzidenzländer wie Deutschland bis zum Jahr 2035 die Senkung der Inzidenz auf < 1 Fall pro 100.000 Einwohner vor. Um die hierfür erforderliche jährliche Inzidenzabnahme von mindestens 10% zu erreichen, müsste sich der aktuelle Trend auch in den kommenden Jahren kontinuierlich fortsetzen.

Es bleibt abzuwarten, wie sich die Lage weiter entwickeln wird. Die derzeitige epidemiologische Situation ist vielschichtig und wird insbesondere durch die globale Mobilität und durch die demografische Entwicklung in der Bevölkerung beeinflusst.

Der hohe und in den vergangenen Jahren kontinuierlich gestiegene Anteil offener und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, wie wichtig Kontaktpersonennachverfolgungen inklusive der präventiven Behandlung infizierter Personen (bzw. Chemoprophylaxe exponierter Kinder < 5 Jahren) sind. Diese Maßnahmen sind notwendig, um Folgeerkrankungen frühzeitig zu erkennen bzw. zu verhindern und weitere Übertragungen zu unterbinden.

Aufgrund der besonderen Vulnerabilität von Kindern, und da Erkrankungen im Kindesalter als Indikator für aktuelle Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose – auch bei erneut rückläufigen Zahlen – stets einer erhöhten Aufmerksamkeit.

Von großer Relevanz sind auch die 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 der Bevölkerung.

Auch in Zeiten der Bewältigung der COVID-19-Pandemie, welche die Gesundheitssysteme und gerade auch die Gesundheitsämter vor enorme Herausforderungen stellt, sind die frühzeitige Diagnose, eine adäquate und vollständige Therapie sowie die konsequente Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention der Tuberkulose von entscheidender Bedeutung für die Tuberkulosekontrolle. Für die Umsetzung der erforderlichen Maßnahmen und Strategien bedarf es der koordinierten Zusammenarbeit aller Beteiligten im Gesundheitswesen. Ein Pfeiler einer erfolgreichen Tuberkulosekontrolle ist nicht zuletzt auch eine gut etablierte Tuberkulose-Surveillance, die es erlaubt, aktuelle Entwicklungen im epidemiologischen Geschehen und eventuelle Handlungsbedarfe frühzeitig zu erkennen.

Vor diesem Hintergrund bleibt die Tuberkulose in Deutschland – gerade auch in Zeiten der COVID-19-Pandemie – nach wie vor eine wichtige Public Health-relevante Erkrankung.

Literaturhinweise

ECDC (2021) *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2021–2019 data*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tuberculosis-surveillance-and-monitoring-europe-2021-2019-data>

- WHO (2020) *Global tuberculosis report 2020*.
<https://www.who.int/publications/i/item/9789240013131>
- Deutsches Zentralkomitee zur Bekämpfung der Tuberkulose:
Informationen für Ärzte (inkl. nationaler Empfehlungen und Leitlinien), Patienten und Laien. www.dzk-tuberkulose.de
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Haas W (2020): *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2019*.
https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Download/TB2019.pdf?__blob=publicationFile
- Domaszewska T, Karo B, Preuss U, et al.: *Vollständigkeit der Tuberkulose-Meldungen in Deutschland in den Jahren 2013 – 2017: Ergebnisse einer Inventurstudie*. *Epid Bull* 2021; 11:8–10.
<https://doi.org/10.25646/8041>
- Bös L, Kröger S, Niemann S, Maurer F: *Vorstellung des Projektes »Public-Health-Beitrag einer bundesweiten integrierten molekularen Surveillance am Beispiel der Tuberkulose (PHIMS-TB)«*.
Epid Bull 2021; 11:20–22.
- RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.60 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

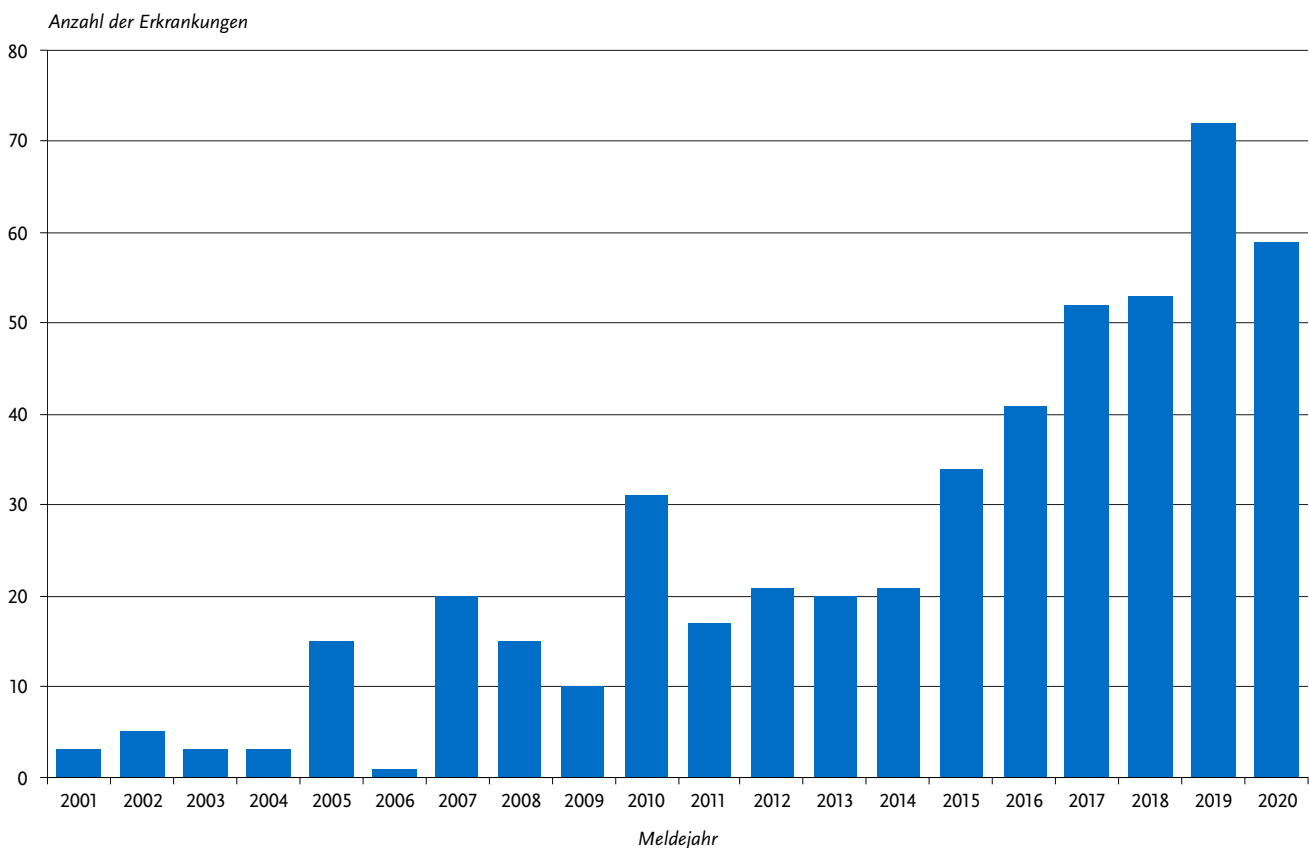
Wasser, durch Inhalation von infektiösem Staub (aus Erde, Stroh oder Heu), Kontakt mit kontaminierten blutsaugenden Parasiten (Zecken, Mücken, Fliegen) oder beim Umgang mit den Erregern im Labor erfolgen. Das Krankheitsbild hängt unter anderem von der Eintrittspforte des Erregers ab und kann sehr verschiedenartig 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 2020 wurden 59 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Der von 2013 bis 2019 bestehende Anstieg der jährlichen Fallzahlen setzte sich damit nicht fort (s. Abb. 6.60.1). Die Erkrankten kamen aus 11 Bundesländern, wobei zusammen 33 Fälle (56 %) aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 45 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils eine Erkrankung Ghana und Schweden. Im Jahr 2020 waren 41 Erkrankte männlichen und 18 Erkrankte weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen betroffen. Der jüngste Erkrankte war ein 8 Monate alter Säugling aus Bayern, der sich durch einen Zeckenstich infizierte.

Im Jahr 2020 wurde kein Todesfall als Folge einer Tularämie übermittelt.

Abb. 6.60.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Literaturhinweise

- Appelt S, Faber M, Köppen K, et al.: *Francisella tularensis* Subspecies *holarctica* and *Tularemia* in Germany. *Microorganisms* 2020. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091448>
- Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularemia* in Germany – a re-emerging zoonosis. *Front Cell Infect Microbiol* 2018. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00040>
- Jacob D, Barduhn A, Tappe D, et al.: *Outbreak of Tularemia in a Group of Hunters in Germany in 2018-Kinetics of Antibody and Cytokine Responses*. *Microorganisms* 2020. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111645>
- 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. <https://doi.org/10.1017/S0950268812001008>
- RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. *Epid Bull* 2015; 46:491–492.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.61 Typhus abdominalis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 26 – starker Rückgang während der COVID-19-Pandemie
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Ungeimpften
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen: 1 – 61 Jahre

Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.61.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2020 wurden 26 Erkrankungen übermittelt. Dies liegt deutlich unter dem Durchschnitt der Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001 (s. Abb. 6.61.1). Bis auf einen Fall im Juni traten alle übermittelten Erkrankungen zwischen Januar und April auf. Danach war die (Fern-)Reiseaktivität durch die COVID-19-Pandemie stark eingeschränkt.

Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz lag unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungsfälle wurden aus den 7 Bundesländern Hessen (7), Baden-Württemberg und Bayern (je 6), Sachsen (3), Nordrhein-Westfalen (2), sowie Hamburg und Niedersachsen (je 1) übermittelt. Für alle Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (28 Nennungen). Dabei entfielen 86 % der Nennungen auf Infektionsländer in Asien. Für keine Erkrankung wurde Deutschland als einziger Infektionsort übermittelt. Die beiden am häufigsten genannten nicht-deutschen wahrscheinlichen Infektionsländer waren Indien (11) und Pakistan (10). Bangladesh, Afghanistan, Libanon, Kamerun, Togo wurden je einmal genannt. Für 2 Erkrankungen mit möglichem Infektionsort Pakistan wurde ein zweites mögliches Infektionsland übermittelt: einmal das Vereinigte Königreich und einmal Deutschland.

Demografische Verteilung

Die Erkrankten waren zwischen 1 und 61 Jahre alt (Median 27 Jahre), 16 (62 %) waren männlich und 10 (38 %) weiblich. Von den Erkrankungen betrafen 27 % Kinder unter 15 Jahren und 69 % traten in der Altersgruppe der 20- bis 49-Jährigen auf.

Klinische Aspekte

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (96 %), gefolgt von Durchfall (65 %), Bauchschmerzen (35 %), Kopfschmerzen (19 %), Husten (19 %) und Obstipation (12 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Impfstatus

Für 20 (77 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen war keiner gegen Typhus geimpft.

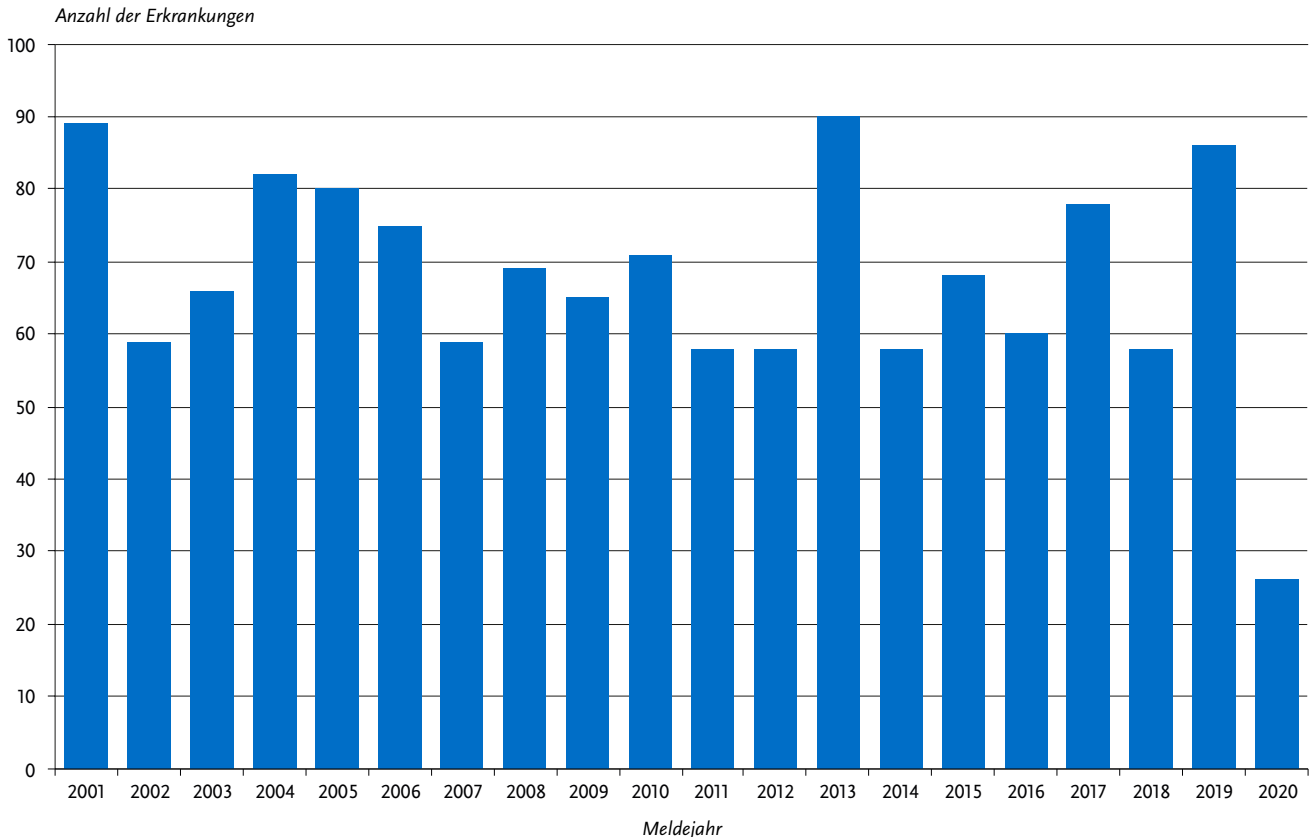
Ausbrüche

Im Jahr 2020 wurden 2 Ausbrüche mit je 2 Erkrankungen von Typhus abdominalis jeweils nach Indienreise übermittelt.

Tab. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	86	90 %	26	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	9 %	1	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	1	4 %
alle	96	100 %	28	100 %
Referenzdefinition (B+C)	86	90 %	26	93 %

Abb. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020



Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich um im Ausland erworbene Infektionen bei Ungeimpften.

Die verminderte Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie ist vermutlich der Hauptgrund für den beobachteten Rückgang der registrierten Zahlen.

Literaturhinweise

- ECDC/EFSA (2017): Multicountry outbreak of new *Salmonella enterica* 11:241: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>
- STIKO: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2021; 14:1–182. <https://doi.org/10.25646/8156>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Lachmann R, et al.: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019. *Epid Bull* 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
- RKI: Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) *Salmonella* Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan. *Epid Bull* 2019; 30:285.
- RKI-Ratgeber (2019) www.rki.de/ratgeber

6.62 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 Nagetier. 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 2020 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt.

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 verstarb 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%. Ausbrüche entstehen in der Regel durch 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 erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten und führt zu größeren Ausbrüchen (= kein endemisches Auftreten). Im August 2018 wurde ein sehr großer Ebolafieber-Ausbruch im Osten der Demokratischen Republik Kongo bekannt, der 2020 für beendet erklärt wurde.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 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 Gelbfiebertvirus 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 2020 wurden dem RKI keine Gelbfieber-Erkrankungen übermittelt, wohl aber eine die Referenzdefinition erfüllende Impfreaktion bei einer jungen Frau, offenbar vor Beginn der geplanten Reise. Klinische Details zu dem Fall liegen dem RKI nicht vor.

Zum ersten Mal seit 2001 waren dem RKI 2018 Gelbfieberfälle übermittelt worden: 2 reiseassoziierte Infektionen nach Brasilienaufenthalt und eine Impfreaktion.

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 2020 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 Tiererepidemien 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 2020 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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/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; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>
- Boecken G: *Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt*. Epid Bull 2018; 15:147. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-019>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.63 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 substantiellen Letalität verbunden ist. Nach einer ersten autochthonen WNV-Infektion in Deutschland 2018 (ein Tierarzt, vermutlich durch Kontakt zu einem an WNV-verendeten Vogel infiziert), wurden 2019 5 Infektionen autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2020 wurden 21 WNV-Infektionen in Deutschland gemeldet, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 25 und 85 Jahre alt (Median: 54 Jahre, 2019: 53,5 Jahre), 5 waren weiblich (24 %, 2019: 58 %). Bei 7 Fällen wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt (wie 2019: 33 %); ein 73-jähriger männlicher Patient verstarb im Rahmen einer neuroinvasiven Erkrankung.

Unter den 21 Fällen war eine reiseassoziierte Infektion nach Aufenthalt in Griechenland. Alle anderen Patienten hatten sich in Deutschland infiziert. Mögliche Infektionsorte lagen in den Fälle übermittelnden Bundesländern Sachsen, Sachsen-Anhalt und Berlin sowie in Brandenburg.

Die Patienten erkrankten im Juli bis September 2020. Für die 20 autochthonen Fälle wurde ein höherer Grad an labor-diagnostischer Bestätigung gefordert, um falsch-positive Befunde aufgrund von Kreuzreaktivitäten in der Serologie (z. B. mit dem Usutu- oder FSME-Virus) auszuschließen: durch den Nachweis spezifischer viraler RNA durch PCR oder Sequenzierung (z. B. aus Serum der Akutphase oder Liquor/Urin später in der Erkrankung), durch Neutralisationstest, oder WNV-Serologie unter Ausschluss anderer Flaviviren. Der Wohnort des reise-

assoziierten Falles lag in Nordrhein-Westfalen, die Wohnorte der autochthon infizierten Patienten wie im Vorjahr in Sachsen (11 Fälle), Berlin (5 Fälle) und Sachsen-Anhalt (4 Fälle). Wie im Jahr 2019 wurden bestätigte autochthone Fälle nur in Gebieten mit WNV-Zirkulation in Vögeln und/oder Pferden gemeldet. Neben den symptomatischen Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, wurden im Rahmen von Blut- oder Plasmaspenden in diesen Gebieten weitere 2 autochthone Infektionen laborbestätigt, die asymptomatisch waren oder zu denen keine Symptome bekannt sind. Verdachtsfälle in anderen Regionen bestätigten sich nicht. 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 6.3).

Es ist auch weiterhin von einer Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe auszugehen: Hinter jeder diagnostizierten neuroinvasiven Infektion stehen ca. 80 asymptomatische und 20 leicht-symptomatische Infektionen.

Das Virus ist 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

- Ziegler U, Dianne Santos P, Groschup MH, et al.: *West Nile virus epidemic in Germany triggered by epizootic emergence, 2019*. Viruses 2020. <https://doi.org/10.3390/v12040448>
- Ziegler U, Lühken R, Keller M, et al.: *West Nile virus epizootic in Germany, 2018*. Antiviral Res. <https://doi.org/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
- 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. <https://doi.org/10.25646/6943>

6.64 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 11.321
- ▶ Rückgang auf etwa die Hälfte der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ 542 Ausbrüche mit 1.885 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. 6.64.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2020 wurden mit insgesamt 11.321 Windpocken-Erkrankungen nur etwa die Hälfte der Fälle im Vergleich zum Vorjahr übermittelt. Die meisten Erkrankungen traten zu Beginn des Jahres bis zur 11. Meldewoche auf. Ab der 12. Woche gingen die Fallzahlen abrupt zurück und lagen dann bis zum Jahresende immer unter dem Minimum der Vorjahre. Die übliche Saisonalität mit einem Ansteigen der Fallzahlen ab Herbst wurde nicht beobachtet. Das Maximum lag in der 2. Meldewoche mit 632 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 52. und 53. Meldewoche mit jeweils 67 Erkrankungen (s. Abb. 6.64.1).

Geografische Verteilung

Der Rückgang der Fallzahlen betraf alle Bundesländer. Die bundesweite Inzidenz lag mit 13,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner sehr deutlich unter dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre (27,3). Wie im Vorjahr lagen in Sachsen (21), Bayern (20), Hamburg (19), Bremen (18), Baden-Württemberg (18) und Berlin (17) sowie zusätzlich in Schleswig-Holstein (15) die Inzidenzen über dem bundesweiten Wert. Die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten wie im Vorjahr Sachsen-Anhalt und das Saarland (je 5,5). In den übrigen 7 Bundesländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 7 (Mecklenburg-Vorpommern) und 13 (Brandenburg) (s. Abb. 6.64.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Fälle war ähnlich wie im Vorjahr: 68 % aller Erkrankungen traten bei Kindern unter 10 Jahren auf (2019: 70 %). Die altersspezifischen Inzidenzen lagen allerdings in fast allen Altersgruppen deutlich niedriger als im Vorjahr. Kinder im Alter von einem Jahr (77 Erkr./100.000 Einw.), 2 Jahren (74) und 3 Jahren (92) verzeichneten den größten Inzidenzrückgang um jeweils knapp 60 % im Vergleich zum Vorjahr. Die höchsten Inzidenzen hatten wiederum Kinder im Alter von 4 Jahren (109 Erkr./100.000 Einw.) gefolgt von den 5- bis 9-jährigen (108) und den unter Einjährigen (104). Ab einem Alter von 10 Jahren ist die Inzidenz generell niedriger und lag bei den 10- bis 14-jährigen bei 41, bei den 15- bis 19-jährigen bei 14, bei den 20- bis 49-jährigen zwischen 3 und 5 und ab einem Alter von über 50 Jahren unter 2 Erkr./100.000 Einw. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern wie im Vorjahr leicht über der bei Mädchen und Frauen lag (14 zu 13; Abb. 6.64.3).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2020 wurden 2 Todesfälle übermittelt, für die eine Windpocken-Infektion als Todesursache benannt wurde. Sie betrafen eine 89-jährige Frau und einen 75-jährigen Mann.

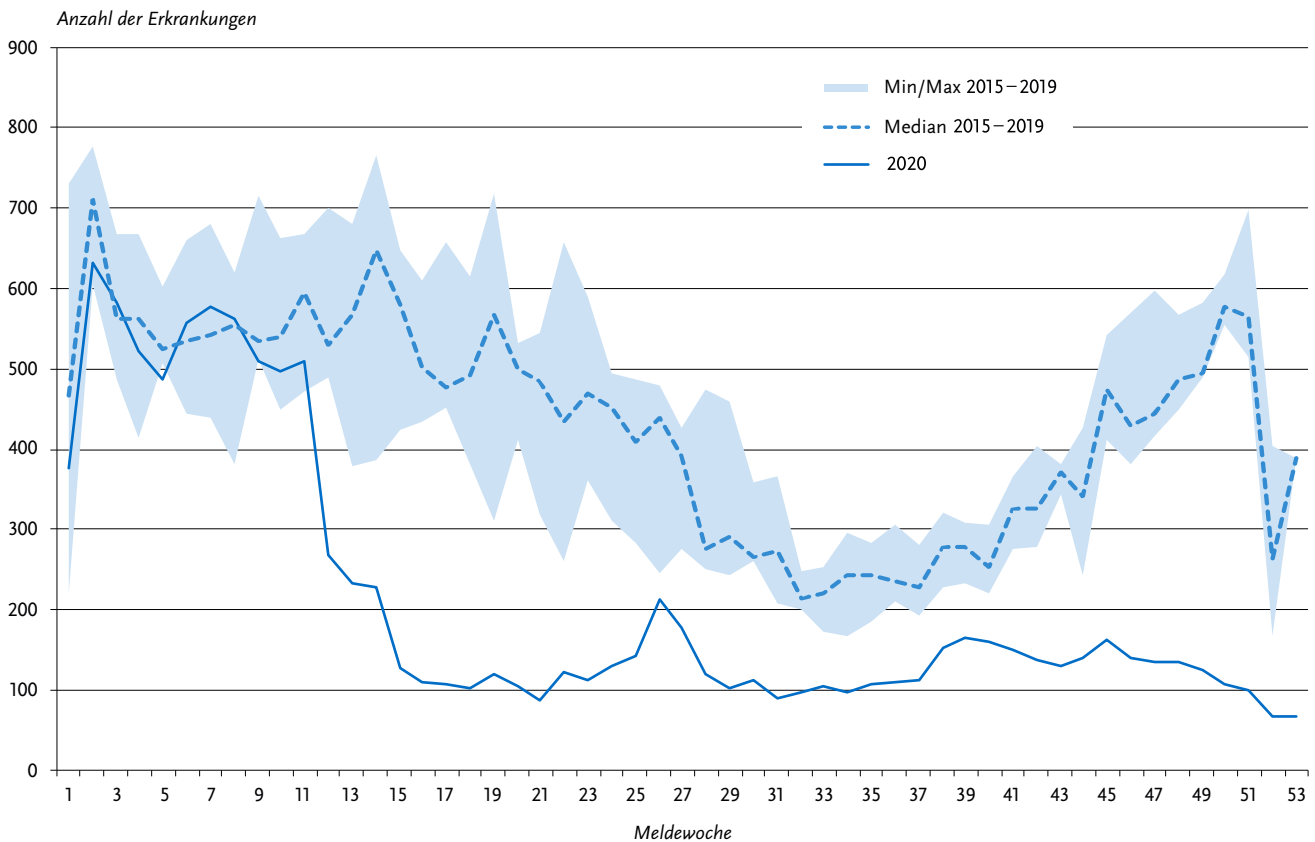
Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kleinkinder, seit 2009 sind zwei Impfdosen empfohlen. Die gegenwärtige Empfehlung sieht die erste Impfung im Alter von 11 Monaten und die zweite Impfung im Alter von 15 Monaten vor. Fehlende Impfungen können jederzeit im Kindesalter nachgeholt werden. Darüber hinaus ist die 2-malige Impfung für weitere Personengruppen empfohlen, die für Windpocken empfäng-

Tab. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	15.507	68 %	8.265	73 %
klinisch-epidemiologisch (B)	5.703	25 %	2.060	18 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.471	6 %	996	9 %
alle	22.681	100 %	11.321	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	22.681	100 %	11.321	100 %

Abb. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2020 im Vergleich mit den Vorjahren 2015 bis 2019



lich 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 Mindestabstand von 4 Wochen zu dieser einzuhalten. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der zweiten Impfung hergestellt.

Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der zweiten 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 9.173 (81 %) von 11.321 Erkrankungen vor; die meisten Erkrankten ($n=7.461$; 81 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 1.712 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 487 (28 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide, da keine oder keine konsistenten Angaben zur An-

zahl 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 1.225 Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzes waren 373 nicht ausreichend geimpft. Als mögliche Impfdurchbrüche müssen 852 Erkrankungen (9 % der Fälle mit Angaben zum Impfstatus) nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.64.4).

Ausbrüche

Etwa 17 % ($n=1.885$) der Erkrankungen waren insgesamt 542 Häufungen zugeordnet. Damit war die Zahl der übermittelten Häufungen und darin erfassten Erkrankungen deutlich niedriger als im Vorjahr (2019: 1.404 Häufungen mit 5.630 Erkrankungen). Der Rückgang zeigte sich insbesondere bei den größeren Häufungen (mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen), deren Anzahl ein Drittel der Anzahl des Vorjahres betrug: im Jahr 2020 wurden 100 Häufungen mit 5 oder mehr Erkrankungen registriert, denen insgesamt 821 Fälle zugeschrieben wurden (2019: 301 Häufungen mit 2.905 Fällen). Auch die Fallzahl in den größeren Häufungen war niedriger als im Vorjahr: es gab nur 3 Häufungen mit mehr als 20 Erkrankungen (Vorjahr: 23 Häufungen mit 20 und mehr Erkrankungen). Der größte registrierte Ausbruch mit 35 Erkrankungen ereignete sich von September bis November 2020 in Hamburg und ging von einer Schule aus. Hier waren 34 Kinder und Jugendliche im Alter von 3 bis 16 Jahren und eine 20-Jährige erkrankt.

Abb. 6.64.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=11.321) im Vergleich zum Median der Vorjahre

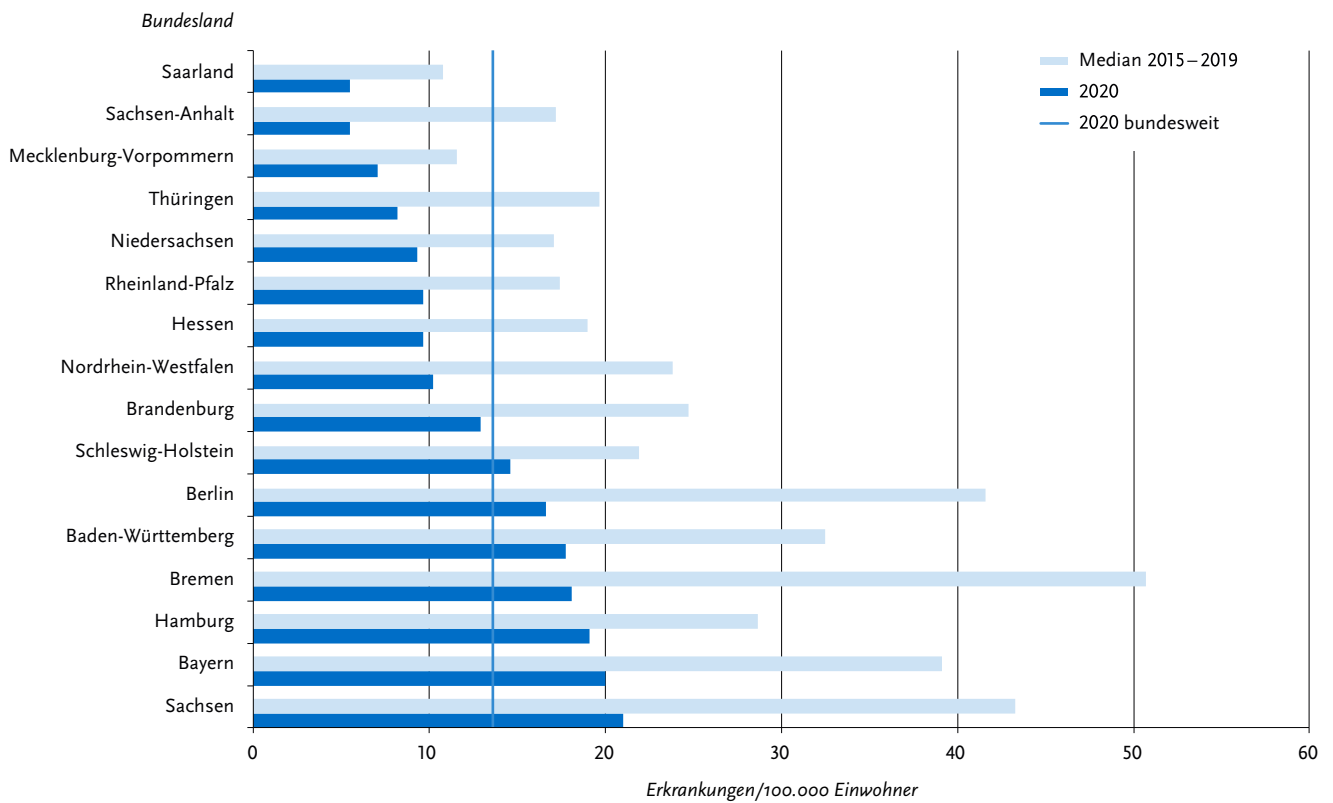


Abb. 6.64.3:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=11.189)

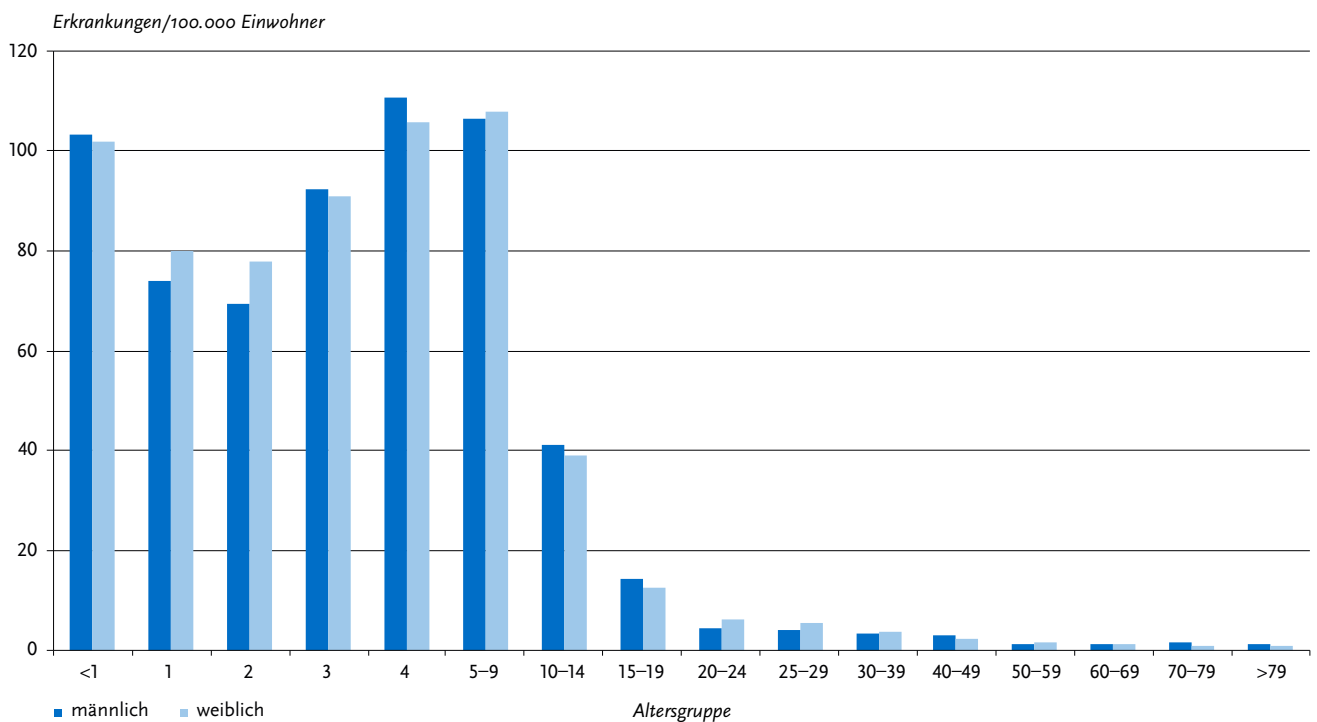
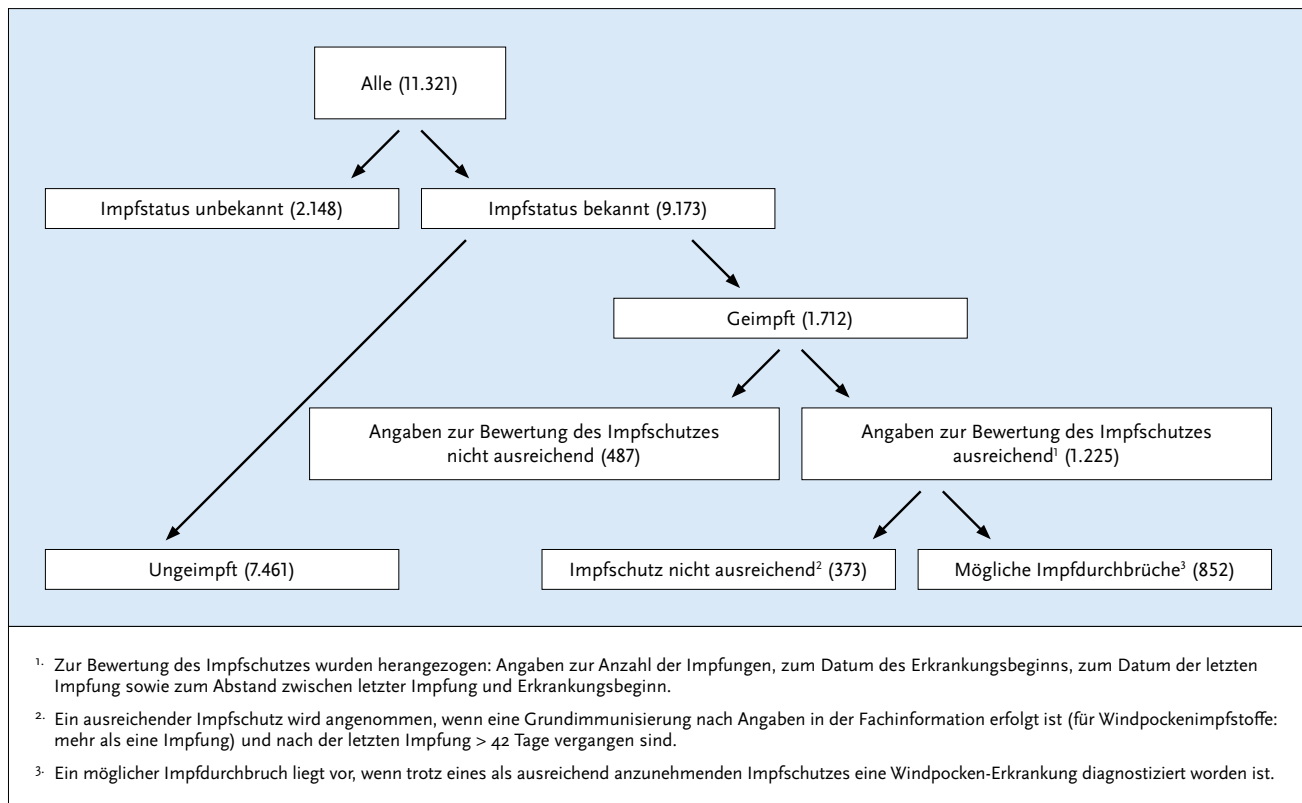


Abb. 6.64.4:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2020 (n=11.321)



Datenqualität

Eine Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Herpes Zoster, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, erfolgt aufgrund der übermittelten klinischen Kriterien. Hier kann es aufgrund unvollständiger Angaben zu Fehlzuordnungen kommen.

Fazit

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Erkrankungszahlen. Der große Inzidenzrückgang bei den Kindern kann am ehesten auf die Schließung von Kitas und Schulen sowie auf allgemeine Abstands- und Hygieneregeln im Zusammenhang mit den Maßnahmen der Pandemiebekämpfung zurückgeführt werden. Die Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern sind am ehesten durch regionale Ausbrüche sowie durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst. Die Bundesländer mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen 2020 (das Saarland, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern) sind gleichzeitig die Bundesländer mit den höchsten Windpocken-Impfquoten der Schuleingangsuntersuchung 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 2020 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 15 Jahren eine Impfempfehlung besteht. Lediglich 9 % der übermittelten Windpocken-Fälle war vollständig geimpft. Erkrankungen nach 2-maliger Impfung sind in der Regel mild verlaufend mit weniger Pusteln und geringerer An-

steckungsfähigkeit. 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 Geimpften. Das spricht zum einen dafür, dass bei 2-mal Geimpften das klinische Bild häufig falsch positiv für Windpocken gewertet wird. Zum anderen ist das Virus bei 2-mal Geimpften offenbar nur über einen sehr kurzen Zeitraum nachweisbar, so dass auch die Übertragungswahrscheinlichkeit geringer ist. Windpocken führen häufig zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lange anhalten können und damit nicht nur den normalen Betrieb der Einrichtungen empfindlich beeinträchtigen, sondern es werden auch besonders vulnerable Gruppen (z. B. Säuglinge, ungeschützte Schwangere oder Personen mit geschwächtem Immunsystem), bei denen die Erkrankung in der Regel einen schweren Verlauf nimmt, einem erhöhten Risiko ausgesetzt, an Windpocken zu erkranken.

Literaturhinweise

- Siedler A, Rieck T: Varizellenimpfempfehlungen der Ständigen Impfkommission werden befolgt. Monatsschr Kinderheilkd 2018. <https://doi.org/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; 27:1329–1339.
- 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. <https://doi.org/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) beim Robert Koch-Institut 2020/2021*. Epid Bull 2020; 34:1–65. <https://doi.org/10.25646/7083>
- 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. <https://doi.org/10.25646/7027.4>
- STIKO: *Evaluation der Varizellen-Impfempfehlung durch die STIKO*, 2019. Epid Bull 2020; 3:3–15. <https://doi.org/10.25646/645>
- 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; 2:1–22. <https://doi.org/10.25646/6447>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.65 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 1.873
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 10 Ausbrüche mit 20 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. 6.65.1). 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*-Infek-

tionen erfasst. Gemäß der aktuellen Falldefinition erfüllt nur die Isolierung der darmpathogenen Erregerspezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für einen labor-diagnostischen Nachweis.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2020 wurden 1.873 Erkrankungen übermittelt (2019: 2.171). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz lag gegenüber dem Vorjahr um 14 % niedriger. 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 gleichgeblieben (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. 6.65.1). Der Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2020 steht vermutlich, zumindest teilweise, im Zusammenhang mit den Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie. Die höchsten Fallzahlen wurden in den Monaten Mai bis Juli, sowie vor der ersten COVID-19-Welle, im Januar und Februar, verzeichnet. Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war jedoch nicht erkennbar.

Geografische Verteilung

In Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg lag die Inzidenz im Jahr 2020 über der bundesweiten Inzidenz (2,3 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (9), Sachsen (7) und Sachsen-Anhalt (6) registriert (Abb. 6.65.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 69; Sachsen-Anhalt: 48; Sachsen: 42). In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Bremen (leichte Zunahme), war im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre ein Rückgang der Inzidenz zu verzeichnen. Die relative Abnahme der Inzidenz war in Hamburg (56 %), im Saarland (50 %) und in Niedersachsen (40 %) am größten (s. Abb. 6.65.2). Bei 959 Erkrankungen (51 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 97 % der Nennungen auf Deutschland und knapp 2 % auf ein anderes europäisches Land entfielen (Mehrfachnennungen möglich). Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Österreich (5 Nennungen), Polen (3), Spanien und Kroatien (jeweils 2). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden Mexiko (3), Marokko und Israel (jeweils 2) am häufigsten angegeben.

Tab. 6.65.1:
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2019 und 2020

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13	1 %	4	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.158	87 %	1.869	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	60	2 %	65	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	256	10 %	300	13 %
alle	2.487	100 %	2.238	100 %
Referenzdefinition (B+C)	2.171	87 %	1.873	84 %

Abb. 6.65.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2020

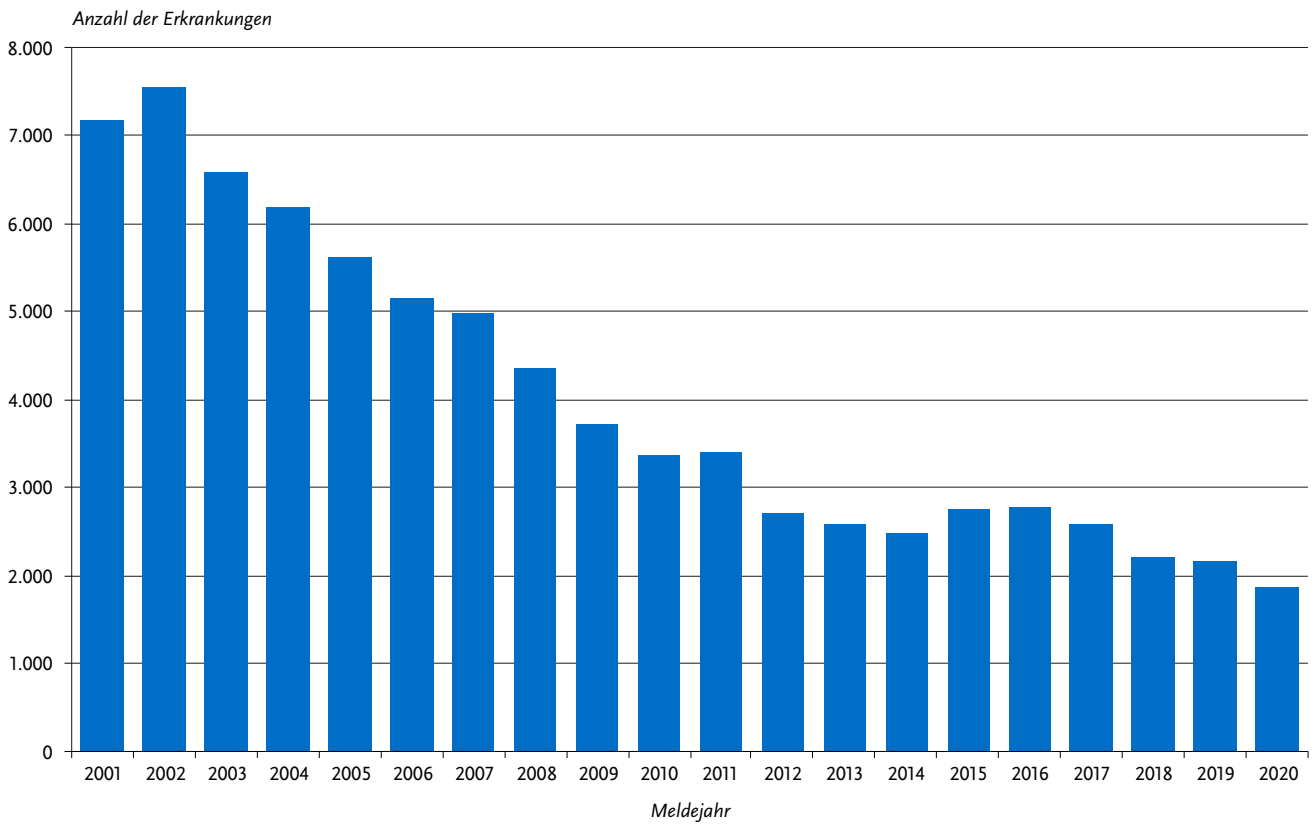


Abb. 6.65.2:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2020 (n=1.873) im Vergleich mit den Vorjahren

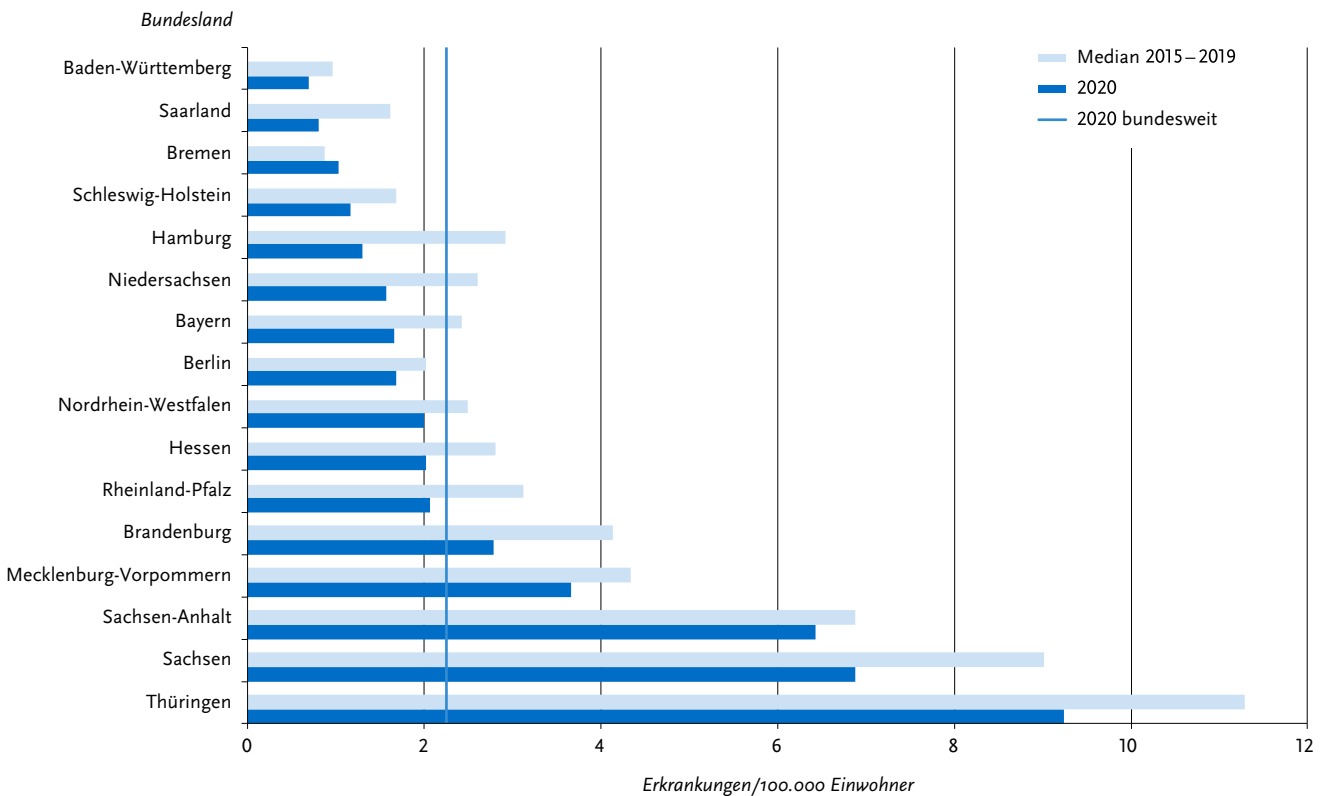
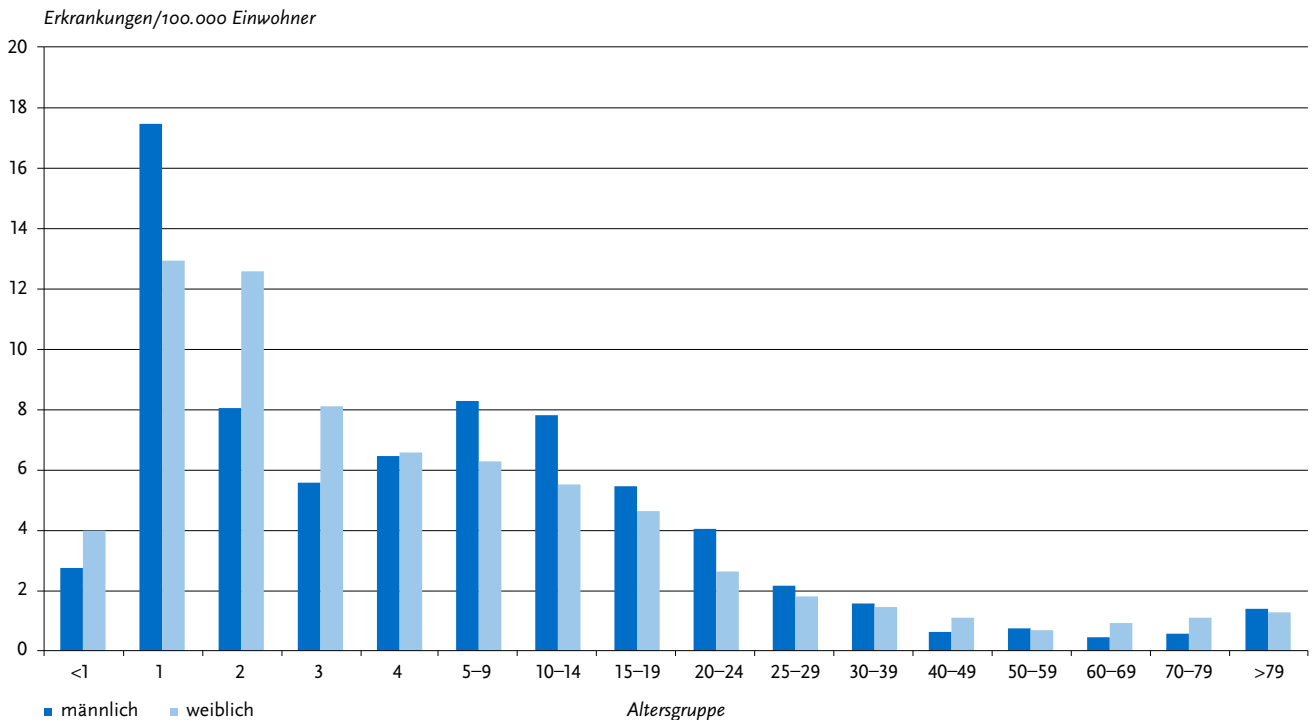


Abb. 6.65.3:

Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2020 (n=1.868)



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 ab 30 Jahren auf niedrigem Niveau ($\leq 1,5$ Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.65.3). Männliche Personen (52 %) waren häufiger betroffen als weibliche (48 %) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (2,4 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,1).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.870 Erkrankungen (fast 100 %) wurden die *Yersinia*-Spezies übermittelt. Bei den Yersiniosen mit einer Angabe zur Spezies wurde am häufigsten *Y. enterocolitica* (99 %, n=1.857) genannt. Bei 729 (82 %) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (11 %, n=94) oder O:5,27 (1,7 %, n=15) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 2,8 % der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt (n=25). Die Spezies *Y. pseudotuberculosis* wurde bei 13 Erkrankungen nachgewiesen (0,7 % der Yersiniosen mit Angabe zur Spezies).

Klinische Aspekte

Für alle 1.873 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (3.910 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (86 %), Bauchschmerzen (73 %) und Fieber (32 %). Im Jahr 2020 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 10 Ausbrüche mit insgesamt 20 Erkrankungen (jeweils 2 Personen pro Ausbruch betroffen) übermittelt (2019: 13 Ausbrüche mit 31 Erkrankungen). Alle Ausbrüche mit Angaben zum Infektionsumfeld (n=9) ereigneten sich in Privathaushalten. Fünf 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. Die Abnahme der Fallzahl im Jahr 2020 im Vergleich zum Vorjahr steht wahrscheinlich, zumindest teilweise, im Zusammenhang mit Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie. Gemäß der Falldefinition (Ausgabe 2019) erfüllt nur die Isolierung der darm-pathogenen Spezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis. Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Labordiagnostik, die die Referenzdefinition nicht erfüllten (2020: 23 %; 2019: 23 %; 2018: 19 %), z. B. weil eine andere Erregerspezies angegeben wurde oder Angaben zur Spezies fehlten, hat dementsprechend zugenommen (Median 2012 bis 2017: 9 %).

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. <https://doi.org/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. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-337>
- RKI: Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland. Epid Bull 2012; 6:47–51. RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.66 Zikavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2020: 6
- ▶ Abnahme der übermittelten Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen 25 bis 59 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. Seit 2015 kam es zu großen Ausbrüchen in vielen Ländern Süd- und Mittelamerikas bis in die südlichen USA. Zikavirus kann eine akute Erkrankung verursachen, die meist nur mit mildem Fieber, Hautausschlag und Kopf- und Gliederschmerzen einhergeht. Viele Infektionen bleiben völlig asymptomatisch. Schwere Verläufe oder Todesfälle sind extrem selten. Durch Übertritt des Virus auf den Fötus, vor allem in der frühen Schwangerschaft, kann es zu schweren Fehlbildungen beim Kind kommen (z. B. Mikrozephalie). Die Prävention konzentriert sich deshalb darauf, die Infektion von Schwangeren zu verhindern. Ein Impfstoff ist 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 2020 wurden 6 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2019: 11, 2018: 18). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 0,01 auf unter 0,01 Erkrankungen/100.000 Einwohner gesunken.

Geografische Verteilung

Zikavirus-Erkrankungen wurden aus 5 Bundesländern übermittelt: 2 Fälle aus Rheinland-Pfalz und jeweils ein Fall aus Bayern, Brandenburg, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen.

Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen je einmal in der Dominikanischen Republik, den Malediven, Thailand und Venezuela.

Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 4 (67%) Frauen und 2 (33%) Männer. Die Altersspanne betrug 25 bis 59 Jahre. Drei (50%) Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen auf, davon waren 2 Männer. In der Altersgruppe der 40- bis 59-Jährigen wurden 3 (50%) Fälle diagnostiziert, dabei handelt es sich um 3 Frauen.

Klinische Aspekte

Von 4 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei keiner Erkrankung eine Hospitalisierung vermerkt. Ein Erkrankter hatte eine Enzephalitis. Bei einer Erkrankten wurde eine Fehlgeburt übermittelt. Ein Guillain-Barré-Syndrom wurde bei keinem Erkrankten übermittelt.

Fazit

Im Jahr 2020 wurden nochmalig weniger Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Zikavirus-Erkrankungen sind reiseassoziiert und der weitere Rückgang von Meldungen in 2020 ist sicherlich von der starken Reduktion der (Fern-)Reisen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

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. <https://doi.org/10.15252/emmm.201506058>
- Frank C, Cadar D, Schlaphof A, et al.: *Sexual transmission of Zika virus in Germany, April 2016*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.23.30252>
- Willing H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Arztebl 2016; 113:547–549.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten* 2019. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.67 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektionen

Kurzbeschreibung

Die Cholera wird hervorgerufen durch den Erreger *Vibrio (V.) cholerae*, der meist spezifische O1- bzw. O139-Antigene trägt und Epidemien auslösen kann. Andere *V. cholerae* tragen diese Antigene nicht, und sind meist auch nicht in der Lage das Cholera-Toxin zu bilden. Bei der Laboruntersuchung mit einem Antiserum gegen O1- bzw. O139-Antigene agglutinieren sie daher im Gegensatz zu Choleravibrionen nicht. Sie und andere *Vibrio*-Spezies wie *V. vulnificus* oder *V. parahaemolyticus* rufen zum Teil ebenfalls Durchfallssymptomen hervor (meist weniger schwerwiegend als eine Cholera-Erkrankung), häufiger aber auch gänzlich andere Krankheitsbilder, wie z. B. Wund- und Ohrinfektionen. Alle pathogenen Vibrionen außer den Erregern der Cholera fasst man auch als Nicht-Cholera-Vibrionen zusammen. Einige davon kommen auch als Teil der nor-

malen Bakterienflora von Meerwasser auch an den Küsten von Nord- und Ostsee, und (selten) auch in leicht salzhaltigen Binnengewässern vor. Menschen infizieren sich z. B. über Kontakt von offenen Wunden zu Meerwasser, Verletzungen an rohem, z. B. selbst gefangenem Fisch/Meeresfrüchten, oder dem Verzehr roher Meeresfrüchte. Von klinisch apparenten Infektionen betroffen sind vor allem ältere Personen und/oder solche mit Vorerkrankungen bzw. Immunschwäche. Insbesondere Wundinfektionen bzw. Sepsis-Fälle können bei dieser Personengruppe auch zum Tode führen, z. B. wenn eine antibiotische Behandlung erst verzögert erfolgt. Die Meldepflicht erstreckt sich bei *V. cholerae* auf alle Infektionen, bei den anderen Spezies auf alle außer Ohrinfektionen. Eine Referenzdefinition gibt es bislang nicht. Fälle von Cholera werden im entsprechenden Kapitel beschrieben.

Situation in Deutschland

Dem RKI wurden in der Übermittlungskategorie der »Weiteren bedrohlichen Krankheiten« 2020 13 Infektionen mit Nicht-Cholera-Vibrionen übermittelt; betroffen waren 9 Männer und 4 Frauen im Alter von 22 bis 87 Jahren. Alle Infektionen wurden als in Deutschland erworben übermittelt – bei 9 Fällen mit bekanntem Erkrankungsbeginn lagen diese im August und September. Bei 4 Infektionen wurden nicht-toxigene *V. cholerae* nachgewiesen (davon sind 2 als Ohrinfektionen angegeben); 8 Infektionen betrafen *V. vulnificus* und eine Infektion *V. parahaemolyticus*. Bis auf einen Fall ohne Angabe, sind alle Fallpersonen als nicht-verstorben übermittelt. Soweit Infektionsorte bekannt sind, lagen 9 entlang der Ostseeküste und nur bei der Infektion mit *V. parahaemolyticus* an der Nordseeküste.

In den Vorjahren 2002 bis 2019, in denen die Meldepflicht noch nicht bestand, wurde dem RKI jährlich eine Größenordnung von 0 bis 20 Fällen von Nicht-Cholera-Vibrio-Infektionen an deutschen Küsten bekannt. Die Fälle traten vermehrt in den wärmeren Sommern 2003, 2006, 2010, 2018 und 2019 auf. Darüber hinaus gab es vereinzelt auch reiseassoziierte Infektionen nach marinen Expositionen in anderen Meeren.

Literaturhinweise

RKI: Antworten auf häufig gestellte Fragen zu Nicht-Cholera-Vibrionen (Stand 07.05.2020). www.rki.de/vibrionen

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2020
Robert Koch-Institut, Berlin, 2021

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin

Internet: www.rki.de
E-Mail: zentrale@rki.de
Twitter: [@rki_de](https://twitter.com/rki_de)

Redaktion

Mona Askar, Abteilung für Infektionsepidemiologie

Satz

cocoköbel GbR, Berlin

Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist NUR online abrufbar unter www.rki.de/jahrbuch.

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 2020, Berlin 2021

ISBN 978-3-89606-311-3
DOI 10.25646/8773

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.