



Epidemiologisches Bulletin

13. Juni 2016 / Nr. 23

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Norovirus-Infektionen ein Rückblick auf das Jahr 2015

Erstmals Nachweis des neuen Genotyps GII.17

DOI 10.17886/EPIBULL-2016-038

Einleitung

Noroviren (NV) sind weltweit verbreitet und lösen die Mehrzahl der nicht bakteriellen akuten Gastroenteritiden (AGE) aus.¹ Infektionen mit NV können das ganze Jahr über auftreten, werden aber vermehrt in den Wintermonaten (Oktober bis März) nachgewiesen. Die Magen-Darm-Erkrankung manifestiert sich meist durch wässrige Durchfälle mit schwallartigem Erbrechen und Übelkeit. Vereinzelt können diese typischen Symptome aber auch fehlen, stattdessen klagen die Patienten über Fieber und Schüttelfrost. Die Infektion mit NV ist in der Regel selbstlimitierend, nach 72 Stunden klingen die Symptome vollständig ab. Bei immunsupprimierten Patienten werden häufig persistente NV-Infektionen beobachtet.² Die Übertragung der Viren erfolgt fäkal-oral, über Aerosole, durch Kontakt zu infizierten Personen, über Kontakte mit kontaminierten Flächen oder über kontaminierte Lebensmittel. NV-Infektionen gehören nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) § 6 und § 7 zu den meldepflichtigen Erkrankungen. Seit 2010 wurden jährlich durchschnittlich 107.000 NV-Infektionen an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt. Damit sind NV-Infektionen die am häufigsten gemeldete Infektionskrankheit in Deutschland.

Noroviren werden in sieben Genogruppen unterschieden, nur Viren der Genogruppen GI, GII und GIV sind humanpathogen. Die Genogruppen werden weiter in Genotypen unterteilt. Zurzeit sind mehr als 30 unterschiedliche Genotypen beschrieben.^{3,4} Die Population der NV ist ständigen Veränderungen unterworfen, wobei die Viren sich durch Anhäufung von Mutationen im Genom so weit voneinander unterscheiden können, dass neue Varianten entstehen (sogenannter genetischer Drift). Dies wird vor allem beim weltweit dominanten Genotyp GII.4 beobachtet. Alle 3 bis 4 Jahre tritt eine neue Driftvariante auf, die die vorherige vollständig verdrängt. Neben diesem genetischen Drift verändern sich Noroviren durch Rekombination. Dabei treten inter- und intragenotypische Rekombinanten auf. Neben diesen Veränderungen der Viren selbst kann sich auch die Zusammensetzung der NV-Population durch das gehäufte Auftreten von bislang seltenen detektierten Genotypen verändern. Diese Veränderungen werden vom Konsiliarlabor für Noroviren (KL NV) durch eine umfangreiche molekulare Surveillance analysiert und kommuniziert.

Norovirus-Infektionen im Jahr 2015

Ausbruchsgeschehen

Im Jahr 2015 wurden dem KL NV 273 vorgetestete NV-positive Proben aus insgesamt 129 Ausbrüchen zur Genotypisierung und Aufklärung von Infektionsketten zugesandt. Zusätzlich erhielt das KL NV 27 Proben von sporadischen Fällen einer AGE.

Diese Woche 23/2016[Norovirus-Infektionen ein Rückblick auf das Jahr 2015](#)[Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen März 2016](#)[Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 20. Woche 2016](#)[Listeriose-Ausbruch in Süddeutschland](#)

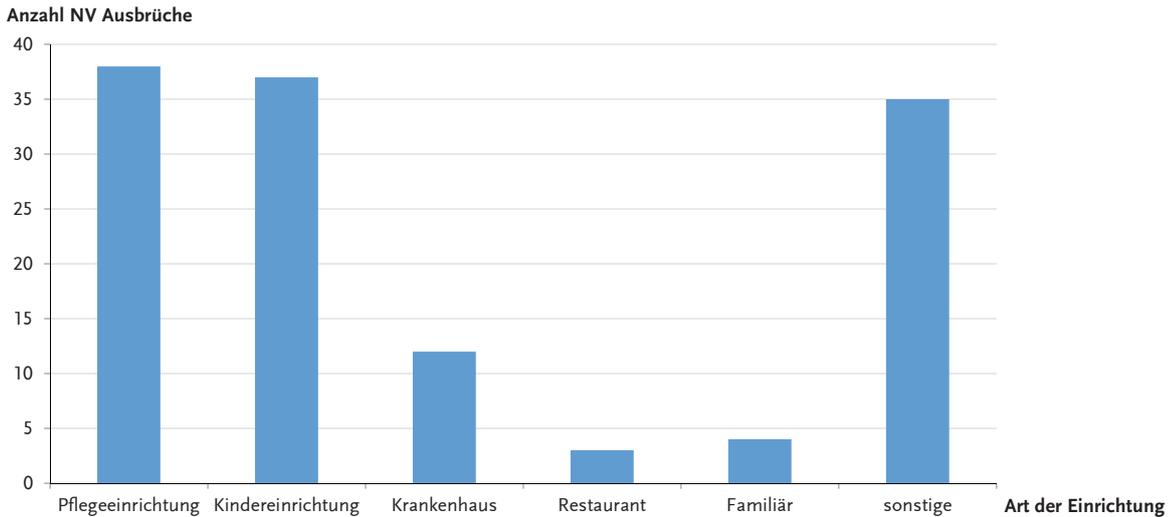


Abb. 1: Anzahl NV-Ausbrüche und Art der Einrichtung von denen 2015 Ausbruchs-Proben an das Konsiliarlabor für Noroviren eingesendet wurden (n=94)

Zu 94 der 129 Ausbrüche waren Informationen über die Einrichtung, in der der Ausbruch stattfand, verfügbar (s. Abb. 1). Dabei waren besonders häufig Alten- und Pflegeeinrichtungen (n = 38), sowie Kindereinrichtungen (n = 37) mit Kindergärten und Schulen betroffen. Hinzu kamen Proben von 12 NV-Ausbrüchen in Krankenhäusern und 3 Ausbrüchen in Restaurants sowie familiäre Ausbruchsgeschehen (n = 4).

Altersverteilung von Norovirus-infizierten Personen

Infektionen mit NV können generell alle Altersgruppen betreffen. Die an das RKI gemeldeten Infektionszahlen zeigen aber deutlich, dass mehr Infektionen von Kleinkindern (0–4 Jahre) und Älteren (> 80 Jahre) gemeldet werden. Die Ergebnisse der eingesandten Proben aus dem KL NV bestätigen diese Verteilung. Über 53% aller am KL NV analysierten NV-Infektionen stammen aus diesen beiden Altersgruppen (s. Abb. 2).

Genotypisierung der Noroviren 2011 bis 2015

Im KL NV wird insbesondere die Zusammensetzung der zirkulierenden NV-Varianten in Deutschland überwacht, damit Veränderungen der Virus-Population erkannt und kommuniziert werden können. Neu auftretende Varianten können durch die molekulare Surveillance schnell erfasst und diagnostische Nachweismethoden effektiv angepasst werden. Die ans KL NV eingesendeten Proben werden molekularbiologisch analysiert und mittels phylogenetischer Analyse entsprechenden Genotypen zugeordnet. In den letzten Jahren (2011–2014) wurden über 50% der analysierten NV-Infektionen durch Viren der Genogruppe GII ausgelöst. Die Genogruppe GI spielte eine untergeordnete Rolle, nur ca. 12% der Infektionen wurden durch Viren dieser Genogruppe ausgelöst. Die Zahl der rekombinanten Viren war in den letzten Jahren weitestgehend stabil und lag bei knapp 40% der Infektionen. Innerhalb der Genogruppe GII sind die Viren des Genotyps GII.4 die weltweit

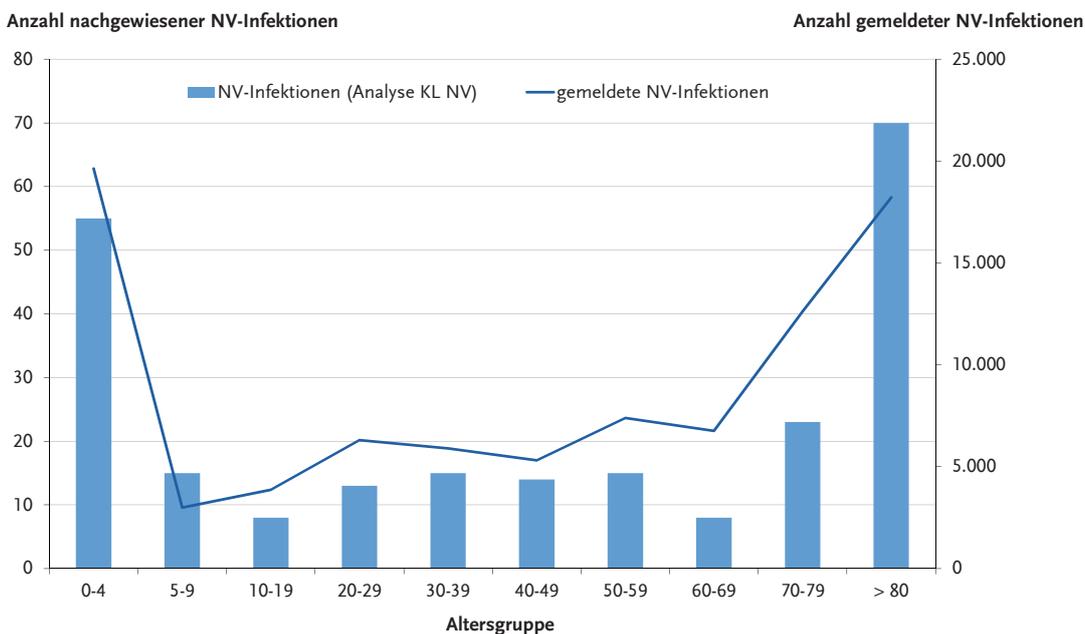


Abb. 2: Verteilung der am Konsiliarlabor für Noroviren analysierten Norovirus-Infektionen nach Altersgruppen in Korrelation zu den 2015 an das RKI gemeldeten Norovirus-Infektionen in Deutschland nach Altersgruppen (<https://survstat.rki.de/>)

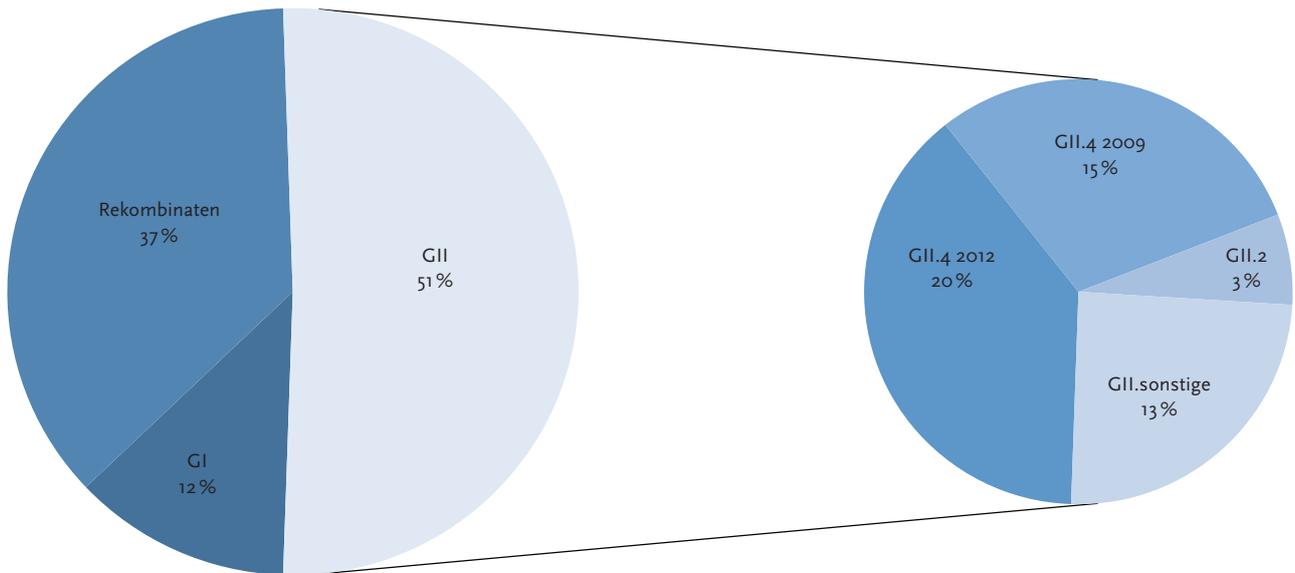


Abb. 3: Zusammensetzung der zirkulierenden Norovirus-Population in den Jahren 2011 bis 2014

am häufigsten detektierten Viren. Im KL NV wurde der Genotyp GII.4 ebenfalls am häufigsten nachgewiesen, wobei in den Jahren 2011 und 2012 die Driftvariante GII.4 2009 dominant war. Diese wurde ab dem Jahr 2013 durch die 2012 erstmalig detektierte neue Driftvariante GII.4 2012 fast vollständig verdrängt (s. Abb. 3).

Aus 129 Ausbrüchen im Jahr 2015 konnten bei 126 die Genotypen der auslösenden NV bestimmt werden (s. Abb. 4). Mit 53% wurden die meisten Ausbrüche durch Viren der Genogruppe GII ausgelöst. Der Anteil der Rekombinanten war 2015 rückläufig und lag bei 29%, hingegen ist der Anteil an Ausbrüchen, die durch Viren der Genogruppe GI ausgelöst wurden mit 18% im Vergleich zu den letzten Jahren leicht gestiegen. Hervorzuheben ist, dass der Genotyp GII.4 2012 der mit Abstand am häufigsten detektierte Genotyp ist, in 35% (n=44) der Ausbrüche konnte er als auslösendes Agens identifiziert werden. Es wurden 11% der untersuchten Ausbrüche vom Genotyp GI.3 ausgelöst

(n=14). Die am häufigsten detektierten Rekombinanten waren GII.P7_GII.6 sowie die seit Herbst 2012 zirkulierende Rekombinante GII.P4 2009_GII.4 2012, die aus den beiden GII.4 Driftvarianten entstanden ist. Beide Rekombinanten wurden in jeweils 9% (n=11) der Ausbrüche als auslösendes Agens bestimmt. Bemerkenswert ist zudem, dass ein neuer Genotyp GII.17 im Jahr 2015 erstmals in Deutschland nachgewiesen werden konnte.

Nachweis des neuen Genotyps GII.17

Im Jahr 2015 sorgten Publikation aus den USA und Japan weltweit für Aufsehen, in denen über das gehäufte Auftreten des bis dahin selten detektierten Genotyps GII.17 berichtet wurde.^{5,6} In China hat dieser Genotyp den zuvor dominanten GII.4 bereits verdrängt und ist mittlerweile der prädominante Genotyp.^{7,8} Erste Untersuchungen aus Südkorea zeigen, dass die Infektion mit dem neuen GII.17 Genotyp symptomatisch nicht von Infektionen mit dem GII.4 Genotyp unterscheidbar ist,⁹ allerdings scheinen von dem

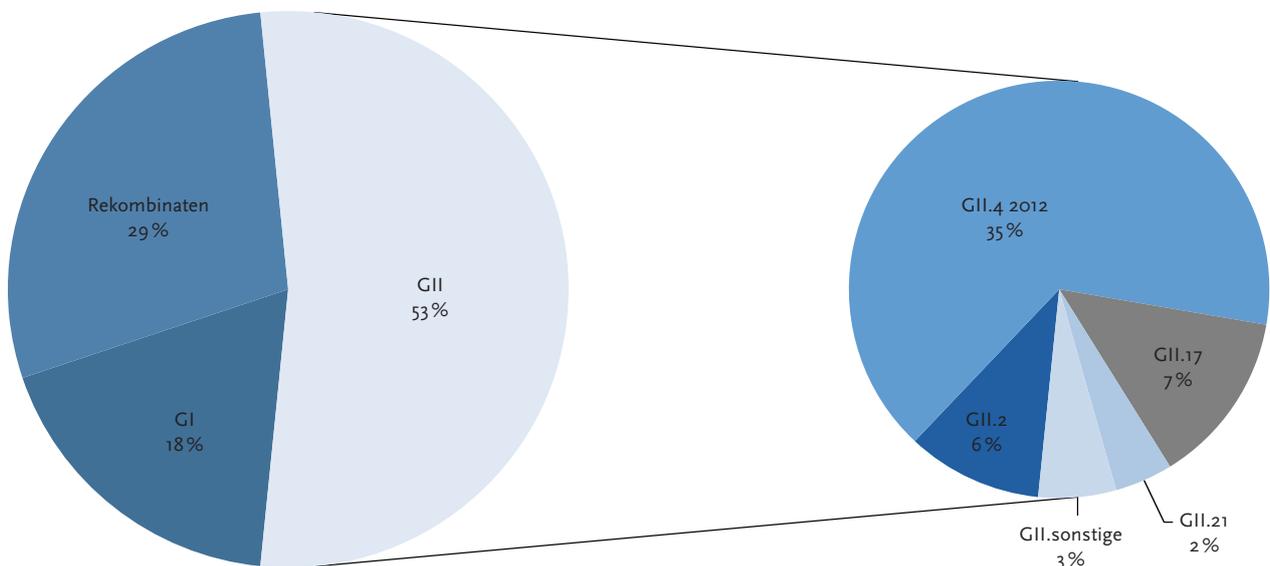


Abb. 4: Zusammensetzung der zirkulierenden Norovirus-Population im Jahr 2015 (n=126)

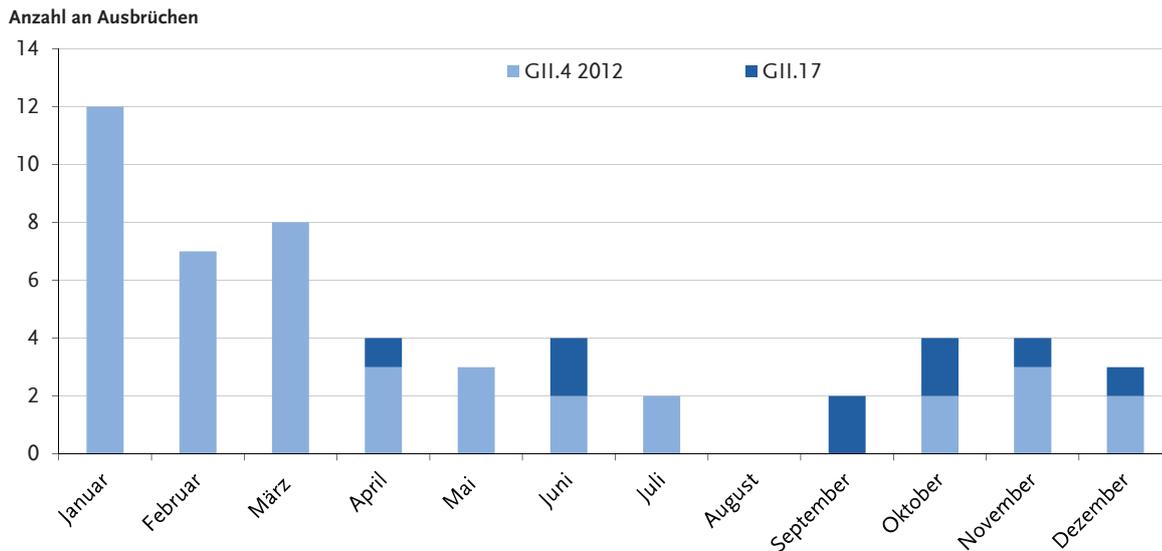


Abb. 5: Nachweise des prädominanten Genotyps GII.4 2012 und des neuen Genotyps GII.17 im Konsiliarlabor für Noroviren 2015

neuen GII.17 Genotyp häufiger Erwachsene betroffen zu sein.^{7,10} Auch aus europäischen Ländern wurde mittlerweile eine Vielzahl an NV GII.17 an das NoroNet, einem globalen Netzwerk zur Erfassung der zirkulierenden Noroviren, gemeldet, unter anderem aus Frankreich, Russland, Belgien, Italien, den Niederlanden, Ungarn und Slowenien.

Im April 2015 wurde dieser Genotyp im KL NV zum ersten Mal in einem Ausbruch in einem Pflegeheim in Niedersachsen nachgewiesen. Seit September 2015 wurde dieser Genotyp in weiteren 9 Ausbrüchen nachgewiesen und scheint auch weiterhin in 2016 zu zirkulieren (s. Abb. 5). Die in Deutschland analysierten GII.17 Viren sind genetisch mit den Virusvarianten aus Asien eng verwandt.

Nachweis des neuen NV-Genotyps GII.17 – Auswirkung auf die diagnostischen Nachweissysteme

Der Nachweis von NV aus Stuhlproben erfolgt in der Regel entweder durch den Nachweis der viralen RNA mittels RT-PCR (*Reverse Transkriptase Polymerase-Kettenreaktion*), durch den Nachweis der viralen Antigene im ELISA (*Enzyme Linked Immunosorbent Assay*) oder mit Hilfe von immunochromatographischen Testmethoden (Schnelltests). Auf Grund der weltweiten Veränderungen innerhalb der NV-Population, wurden verschiedene Studien veröffentlicht, in denen kommerziell erhältliche Testsysteme auf die Detektion des neuen GII.17 Genotyps untersucht wurden.^{11,12} Diese Studien zeigten, dass die Sensitivität der verwendeten Nachweissysteme gegenüber GII.17 deutlich reduziert sein kann. Erste Untersuchungen aus dem KL NV bestätigen die Ergebnisse, dass die Sensitivität des GII.17-Nachweises mit Hilfe von ELISA und immunochromatographischen Methoden deutlich vermindert ist. Dies könnte unter anderem an der spezifischen Antikörper-Antigenbindung der kommerziellen Testsysteme liegen, die für die neue Virusvariante weniger sensitiv ist. Auf Grund dieser Limitation der Testsysteme könnte dies perspektivisch zu einer erhöhten Falsch-Negativ-Rate in den GII.17 positiven Patientenproben führen.

Im KL NV erfolgt der Nachweis von NV mittels *real-time* PCR und RT-PCR.¹³⁻¹⁵ Diese publizierten Verfahren detektieren den neuen GII.17 Genotyp sicher auch in niedrigen Konzentrationen.

Fazit

Die Population der zirkulierenden NV ist ständigen Veränderungen unterworfen. Um diese Schwankungen der NV-Population erfassen zu können, ist eine umfassende molekulare Surveillance notwendig. Die Kenntnis der Verteilung zirkulierender NV-Genotypen ermöglicht es, bei Veränderungen schnellstmöglich die diagnostischen Verfahren anpassen zu können.

Das KL NV bedankt sich ausdrücklich bei allen einsendenden Ärzten, Laboren und Gesundheitsämtern. Wir bitten darum, uns auch weiterhin bei unserer Arbeit zu unterstützen und uns entsprechende Proben von NV-assoziierten Ausbrüchen zukommen zu lassen.

Literatur

- Ahmed SM, Hall AJ, Robinson AE, et al.: Global prevalence of norovirus in cases of gastroenteritis: a systematic review and meta-analysis. *The Lancet Infectious diseases* 2014;14(8):725–30. doi: 10.1016/S1473-3099(14)70767-4. PubMed PMID: 24981041
- Schorh R, Hohne M, Meerbach A, et al.: Chronic norovirus infection after kidney transplantation: molecular evidence for immune-driven viral evolution. *Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America* 2010;51(3):307–14. doi: 10.1086/653939. PubMed PMID: 20575662
- Vinje J: Advances in laboratory methods for detection and typing of norovirus. *Journal of clinical microbiology* 2015;53(2):373–81. doi: 10.1128/JCM.01535-14. PubMed PMID: 24989606; PubMed Central PMCID: PMC4298492
- Kroneman A, Vega E, Vennema H, et al.: Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. *Archives of virology* 2013;158(10):2059–68. doi: 10.1007/s00705-013-1708-5. PubMed PMID: 23615870
- Matsushima Y, Ishikawa M, Shimizu T, et al.: Genetic analyses of GII.17 norovirus strains in diarrheal disease outbreaks from December 2014

- to March 2015 in Japan reveal a novel polymerase sequence and amino acid substitutions in the capsid region. *Euro surveillance : bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin* 2015;20(26). Epub 2015/07/15. PubMed PMID: 26159307
6. Parra GI, Green K: Genome of Emerging Norovirus GII.17, United States, 2014. *Emerging infectious diseases* 2015;21(8):1477–9. doi: 10.3201/eid2108.150652. PubMed PMID: 26196235; PubMed Central PMCID: PMC4517714
 7. Chan MC, Lee N, Hung TN, et al.: Rapid emergence and predominance of a broadly recognizing and fast-evolving norovirus GII.17 variant in late 2014. *Nat Commun* 2015;6:10061. doi: 10.1038/ncomms10061. PubMed PMID: 26625712; PubMed Central PMCID: PMC4686777
 8. Han J, Ji L, Shen Y, et al.: Emergence and predominance of norovirus GII.17 in Huzhou, China, 2014–2015. *Virology journal* 2015;12:139. doi: 10.1186/s12985-015-0370-9. PubMed PMID: 26362650; PubMed Central PMCID: PMC4566299
 9. Dang Thanh H, Than VT, Nguyen TH, et al.: Emergence of Norovirus GII.17 Variants among Children with Acute Gastroenteritis in South Korea. *PLoS one* 2016;11(5):e0154284. doi: 10.1371/journal.pone.0154284. PubMed PMID: 27148739; PubMed Central PMCID: PMC4858242
 10. Chen H, Qian F, Xu J, et al.: A novel norovirus GII.17 lineage contributed to adult gastroenteritis in Shanghai, China, during the winter of 2014–2015. *Emerg Microbes Infect* 2015;4(11):e67. PubMed PMID: 26975060; PubMed Central PMCID: PMC4661427
 11. Chan MC, Kwok K, Hung TN, et al.: Reduced Diagnostic Performance of Two Norovirus Antigen Enzyme Immunoassays for the Emergent Genogroup II Genotype 17 Kawasaki 2014 Variant. *Journal of clinical microbiology* 2016. doi: 10.1128/JCM.00350-16. PubMed PMID: 27030486
 12. Thery L, Bidlot M, Pothier P, et al.: Evaluation of immunochromatographic tests for the rapid detection of the emerging GII.17 norovirus in stool samples, January 2016. *Euro surveillance: bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin* 2016;21(4). doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.4.30115. PubMed PMID: 26848594
 13. Hohne M, Schreier E: Detection and characterization of norovirus outbreaks in Germany: application of a one-tube RT-PCR using a fluorogenic real-time detection system. *Journal of medical virology* 2004;72(2):312–9. doi: 10.1002/jmv.10573. PubMed PMID: 14695676
 14. Hoehne M, Schreier E: Detection of Norovirus genogroup I and II by multiplex real-time RT-PCR using a 3-minor groove binder-DNA probe. *BMC infectious diseases* 2006;6:69. doi: 10.1186/1471-2334-6-69. PubMed PMID: 16606447; PubMed Central PMCID: PMC1524786
 15. Hohne M, Niendorf S, Mas Marques A, Bock CT: Use of sequence analysis of the P2 domain for characterization of norovirus strains causing a large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis in Germany 2012. *Int J Med Microbiol* 2015;305(7):612201–8. doi: 10.1016/j.ijmm.2015.08.010. PubMed PMID: 26341330
- Für diesen Bericht danken wir Dr. Sandra Niendorf, Dr. Sonja Jacobsen und Prof. Thomas Bock (RKI; Fachgebiet 15). Als **Ansprechpartner** steht Dr. Niendorf (E-Mail: NiendorfS@rki.de) zur Verfügung.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten										Berichtsmonat: März 2016 (Datenstand: 1.6.2016)					
Nichtnamentliche Meldungen des Nachweises ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern															
(Hinweise zu dieser Statistik s. <i>Epid. Bull.</i> 41/01: 311–314)															
Land	Syphilis			HIV-Infektion			Malaria			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015
	März*	Jan. – März		März	Jan. – März		März	Jan. – März		März	Jan. – März		März	Jan. – März	
Baden-Württemberg	-	-	-	26	109	94	5	12	16	2	7	4	0	0	0
Bayern	-	-	-	32	138	138	4	28	22	1	13	3	0	0	0
Berlin	-	-	-	24	83	89	5	23	20	0	1	1	0	0	0
Brandenburg	-	-	-	3	10	8	0	3	2	0	0	0	0	0	0
Bremen	-	-	-	3	7	10	0	5	6	1	1	0	0	0	0
Hamburg	-	-	-	11	51	50	5	14	8	0	0	0	0	0	0
Hessen	-	-	-	14	63	66	3	14	15	2	6	6	0	0	1
Mecklenburg-Vorpommern	-	-	-	3	16	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Niedersachsen	-	-	-	12	53	48	4	10	5	1	3	1	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	-	-	-	50	184	181	9	37	28	2	5	4	0	0	0
Rheinland-Pfalz	-	-	-	5	31	34	1	9	7	1	2	5	0	0	0
Saarland	-	-	-	1	6	8	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Sachsen	-	-	-	6	33	45	0	2	3	2	2	0	0	0	3
Sachsen-Anhalt	-	-	-	4	14	19	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Schleswig-Holstein	-	-	-	1	12	18	0	2	4	0	0	0	0	0	0
Thüringen	-	-	-	2	6	10	0	0	1	0	1	1	0	0	0
Deutschland	-	-	-	197	816	829	37	160	139	12	41	25	0	0	4

* Es stehen derzeit keine aktuellen Daten zur Syphilis zur Verfügung.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

20. Woche 2016 (Datenstand: 8. Juni 2016)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015
	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.
Baden-Württemberg	87	1.740	1.901	1	37	32	15	358	298	0	13	12
Bayern	130	2.431	2.348	3	64	78	22	450	467	2	25	35
Berlin	57	984	1.049	2	33	23	4	139	145	0	29	16
Brandenburg	56	603	689	2	18	15	7	146	186	0	1	4
Bremen	4	110	173	0	1	1	0	15	17	0	2	0
Hamburg	23	480	597	0	8	7	3	93	72	1	7	13
Hessen	88	1.354	1.361	1	17	8	10	268	232	0	22	12
Mecklenburg-Vorpommern	34	459	480	0	15	20	3	110	131	0	1	0
Niedersachsen	90	1.706	1.488	1	60	66	20	329	356	0	8	3
Nordrhein-Westfalen	434	6.755	5.533	7	102	84	47	870	825	2	21	14
Rheinland-Pfalz	71	1.134	1.131	2	37	29	9	240	181	1	13	6
Saarland	13	344	334	0	3	2	2	30	47	0	2	0
Sachsen	94	1.557	1.543	1	23	45	20	322	338	0	6	10
Sachsen-Anhalt	29	552	443	0	27	24	7	187	204	0	3	4
Schleswig-Holstein	33	603	695	2	18	9	3	111	90	1	1	4
Thüringen	32	640	564	0	9	11	19	239	163	0	2	1
Deutschland	1.277	21.460	20.340	22	472	454	191	3.908	3.753	7	156	134

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung ⁺			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015
	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.
Baden-Württemberg	3	41	41	51	1.952	4.484	38	539	1.130	10	156	144	2	16	10
Bayern	1	119	120	91	3.588	6.601	97	1.471	1.530	13	233	274	0	29	40
Berlin	1	43	24	31	1.542	1.684	36	1.015	975	7	145	134	3	42	43
Brandenburg	2	47	32	29	1.825	2.276	23	1.293	1.060	2	46	47	0	17	15
Bremen	1	4	1	6	206	332	7	102	95	0	12	13	0	0	1
Hamburg	1	18	27	14	640	1.164	7	488	521	1	38	46	1	32	14
Hessen	1	75	65	40	1.396	3.524	53	789	968	2	86	65	1	36	30
Mecklenburg-Vorpommern	3	23	22	28	1.395	2.275	53	1.307	760	2	33	38	0	55	22
Niedersachsen	5	106	66	90	2.855	4.193	69	825	1.835	1	54	42	2	37	23
Nordrhein-Westfalen	6	234	179	158	6.117	13.606	130	1.946	2.865	9	239	165	1	81	55
Rheinland-Pfalz	2	69	48	37	1.553	3.867	22	466	659	2	40	43	0	12	8
Saarland	0	6	10	9	418	1.206	5	100	135	2	16	10	0	8	0
Sachsen	5	147	110	81	3.582	5.502	97	1.932	3.234	3	97	116	2	52	41
Sachsen-Anhalt	3	55	66	37	1.922	2.944	46	791	1.578	0	43	19	2	35	23
Schleswig-Holstein	1	22	18	22	849	1.427	26	489	388	0	25	24	0	27	8
Thüringen	8	89	77	43	2.082	2.761	48	939	1.764	2	35	54	1	11	14
Deutschland	43	1.098	906	767	31.927	57.863	757	14.492	19.505	56	1.298	1.236	15	490	347

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die die Referenzdefinition erfüllen, in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. <http://www.rki.de> > Infektionsschutz > Infektionsschutzgesetz > Falldefinitionen sowie im *Epidemiologischen Bulletin* 6/2015), **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr**, **3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen, jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

20. Woche 2016 (Datenstand: 8. Juni 2016)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺			Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Tuberkulose		
	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015
	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.
Baden-Württemberg	1	41	18	1	108	33	6	193	334	1	25	25	7	283	242
Bayern	1	51	48	14	341	101	21	336	375	0	21	25	19	453	334
Berlin	0	28	10	2	39	27	6	132	176	1	20	7	4	152	123
Brandenburg	1	10	11	1	25	8	0	17	29	0	5	7	5	80	56
Bremen	0	1	1	0	4	0	0	2	1	0	3	1	2	24	23
Hamburg	0	12	7	2	76	17	3	40	42	0	2	2	5	82	78
Hessen	0	22	19	6	128	69	8	147	187	0	12	3	11	237	211
Mecklenburg-Vorpommern	0	7	2	2	14	4	1	14	16	0	3	3	2	21	18
Niedersachsen	0	35	24	1	53	17	4	116	87	0	13	15	8	163	138
Nordrhein-Westfalen	2	76	68	8	126	82	16	296	218	1	31	24	26	535	452
Rheinland-Pfalz	1	15	14	0	20	16	3	104	85	0	13	14	9	127	106
Saarland	0	6	2	1	6	3	0	14	12	1	2	1	0	9	13
Sachsen	0	7	6	8	131	10	3	87	103	0	6	2	0	68	70
Sachsen-Anhalt	0	12	19	1	26	17	1	38	25	0	4	4	1	52	57
Schleswig-Holstein	1	17	8	0	19	12	8	79	116	0	4	3	2	50	39
Thüringen	0	8	11	0	4	7	1	21	24	0	3	9	1	39	23
Deutschland	7	348	268	47	1.120	423	81	1.637	1.830	4	167	145	102	2.379	1.984

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015	2016		2015
	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.	20.	1.–20.	1.–20.
Baden-Württemberg	1	3	102	0	34	21	0	1	0	1	139	304	73	1.984	1.271
Bayern	2	10	105	0	42	64	0	1	5	1	111	936	96	2.813	1.914
Berlin	6	39	1.099	0	21	19	0	3	3	10	372	296	52	1.123	637
Brandenburg	1	5	92	0	1	5	0	0	0	6	105	268	10	392	269
Bremen	0	0	0	0	2	5	0	0	0	0	7	17	1	178	112
Hamburg	0	1	59	0	8	32	0	4	0	0	21	68	15	266	208
Hessen	0	2	29	1	21	12	0	0	0	0	82	198	28	678	531
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	16	0	3	5	0	0	0	0	27	90	9	93	135
Niedersachsen	0	1	39	0	16	20	0	1	1	3	172	253	20	638	690
Nordrhein-Westfalen	0	9	55	8	72	94	0	4	2	2	142	650	124	2.499	1.969
Rheinland-Pfalz	0	8	4	0	11	19	0	0	1	4	146	140	25	466	274
Saarland	0	0	0	0	0	4	0	0	0	1	6	24	1	57	53
Sachsen	0	0	266	0	5	6	0	0	0	0	28	132	36	1.025	893
Sachsen-Anhalt	0	0	43	1	9	7	0	0	0	0	25	82	18	216	170
Schleswig-Holstein	1	4	34	2	14	17	0	1	0	0	27	54	7	275	161
Thüringen	0	0	158	0	3	6	0	0	1	2	90	236	4	117	253
Deutschland	11	82	2.101	12	262	336	0	15	13	30	1.500	3.748	519	12.820	9.541

⁺ Es werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Erkrankungen in der Statistik ausgewiesen.

⁺⁺ Dargestellt werden Fälle, die vom Gesundheitsamt nicht als chronisch (Hepatitis B) bzw. nicht als bereits erfasst (Hepatitis C) eingestuft wurden (s. *Epid. Bull.* 46/05, S. 422).

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

20. Woche 2016 (Datenstand: 8. Juni 2016)

Krankheit	2016	2016	2015	2015
	20. Woche	1.–20. Woche	1.–20. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	0	185	219	567
Brucellose	0	12	12	44
Chikungunya-Fieber	0	24	67	110
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	22	32	73
Dengue-Fieber	10	466	289	722
FSME	3	27	22	221
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	19	13	69
Hantavirus-Erkrankung	1	47	256	823
Hepatitis D	0	0	9	19
Hepatitis E	22	597	400	1.266
Influenza	101	57.969	76.643	77.767
Invasive Erkrankung durch <i>Haemophilus influenzae</i>	5	273	270	549
Legionellose	16	266	257	881
Leptospirose	2	24	28	86
Listeriose	7	229	291	662
Ornithose	0	4	2	10
Paratyphus	0	9	12	36
Q-Fieber	1	97	62	322
Trichinellose	0	3	8	8
Tularämie	0	14	6	34
Typhus abdominalis	0	22	26	68

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

Listeriose-Ausbruch in Süddeutschland

Am Fachgebiet Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen/NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger des Robert Koch-Instituts (RKI) sowie der Österreichischen Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES), beide Partner im Deutsch-Österreichischen KL für Listerien, wurden seit 2012 bis inkl. 30.5.2016 81 *Listeria monocytogenes* Serotyp 1/2a-Stämme mit identischem Makrorestriktions-/Pulsfeldgelelektrophorese (PFGE)-Typ aus Infektionen des Menschen identifiziert. Davon wurden 45 Stämme einer Genomsequenzierung mittels der *Next Generation Sequencing* (NGS)-Technologie und einer im Juli 2015 weltweit erstmalig publizierten Methodik (s. Ruppitsch et al. J Clin Microbiol. 2015 Sep;53[9]:2869–76) unterzogen, welches eine sehr hochauflösende Diskriminierung der Stammisolate erlaubt. Bei diesen 45 Isolaten wurde ein identischer Clustertyp CT1248 bestimmt. Somit ist ein Zusammenhang dieser Fälle wahrscheinlich (s. auch Ruppitsch et al. Euro Surveill. 2015;20[50]). Die Fälle stammen hauptsächlich aus dem süddeutschen Raum, insbesondere den Bundesländern Bayern, Baden-Württemberg und Hessen.

Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) hat nun ein Lebensmittelisolat *L. monocytogenes* Serotyp 1/2a aus einem Schweinefleischprodukt „Wammerl“ vorliegen, welches den gleichen PFGE-Typ und den gleichen NGS-Clustertyp wie die o.g. Patientenstämme aufweist. Listeriose-Ausbrüche, die in der Bevölkerung und nicht in Verbindung mit einer Einrichtung auftreten, sind schwer und aufwendig, oftmals nur über einen langen Zeitraum, aufzuklären. Die Vielfalt der in Frage kommenden Lebensmittel ist groß. Patienten können aufgrund der Erkrankungsschwere häufig nur eingeschränkt befragt werden. Auch lässt die Erinnerung an verzehrte Lebensmittel mit der Zeit nach und kann dadurch langandauernde Ermittlungen erschweren.

Weitere Informationen zu Listeriose: www.rki.de/listeriose

Impressum**Herausgeber**

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18 754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

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

Redaktion

► Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)

Tel.: 030.18 754-23 24

E-Mail: Seedatj@rki.de

► Dr. med. Markus Kirchner (Vertretung)

E-Mail: KirchnerM@rki.de

► Redaktionsassistent: Francesca Smolinski;

Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Tel.: 030.18 754-24 55, Fax: -24 59

E-Mail: SmolinskiF@rki.de

Vertrieb und Abonentenservice

E.M.D. GmbH

European Magazine Distribution

Einsteinufer 63A, 10587 Berlin

Tel.: 030.330 998 23, Fax: 030.330 998 25

E-Mail: EpiBull@emd-germany.de

Das Epidemiologische Bulletin

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

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Es kann im Jahresabonnement für einen Kostenbeitrag von € 55,- ab Beginn des Kalenderjahres bezogen werden; bei Bestellung nach Jahresbeginn errechnet sich der Beitrag mit € 5,- je Bezugsmonat. Ohne Kündigung bis Ende November verlängert sich das Abonnement um ein Jahr.

Die Ausgaben ab 1997 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de > Infektionsschutz > Epidemiologisches Bulletin.

Hinweis: Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Druck

Brandenburgische Universitätsdruckerei und Verlagsgesellschaft Potsdam mbH

Nachdruck

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

ISSN 1430-0265 (Druck)

PVKZ A-14273