



Epidemiologisches Bulletin

16. Februar 2017 / Nr. 7

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Vermehrter Anstieg der Norovirus-Infektionen in der Winter-Saison 2016/2017

Nachweis einer neuen Norovirus-Variante

Hintergrund

Noroviren sind weltweit verbreitet und verursachen 18% der akuten Gastroenteritiden, sie werden in der nördlichen Hemisphäre vermehrt in den Wintermonaten (Oktober bis März) nachgewiesen.¹ Humanpathogene Noroviren werden in drei Genogruppen unterteilt (GI, GII und GIV) wobei die Genogruppen weiterhin in Genotypen differenziert werden. Zur Zeit unterscheidet man neun GI und 22 GII Genotypen.² Der weltweit dominante Genotyp GII.4 verursacht 70%–80% der akuten Gastroenteritiden.³ Dieser Genotyp verändert sich fortlaufend durch Anhäufung von Mutationen im Genom und bildet alle 3–4 Jahre eine neue Driftvariante aus, die die vorherige vollständig verdrängt. Neben genetischer Drift verändern sich Noroviren auch durch Rekombinationen. Dabei treten sowohl inter- als auch intragenotypische Rekombinanten auf. In den Saisons zirkulieren in der Regel mehrere Virusvarianten, wobei meist ein Genotyp dominant vorherrschend ist.

Verlauf des Saisonbeginns 2016/2017

Im Jahr 2016 begann die Norovirus-Saison mit einer unerwartet hohen Anzahl an Norovirus-Erkrankungen. Bereits für den Monat November wurden 14.935 labordiagnostisch bestätigte Norovirus-Erkrankungen an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt, während für denselben Zeitraum der letzten fünf Jahre der Median bei 7.810 bestätigten Erkrankungen lag (s. Abb. 1). Es ist bekannt, dass ein starker Anstieg von Norovirus-Infektionen oft durch das Auftreten von neuen Virusvarianten verursacht werden kann, da diese veränderten Viren oft als *Escape*-Varianten der Herdenimmunität entkommen. So auch in der Saison

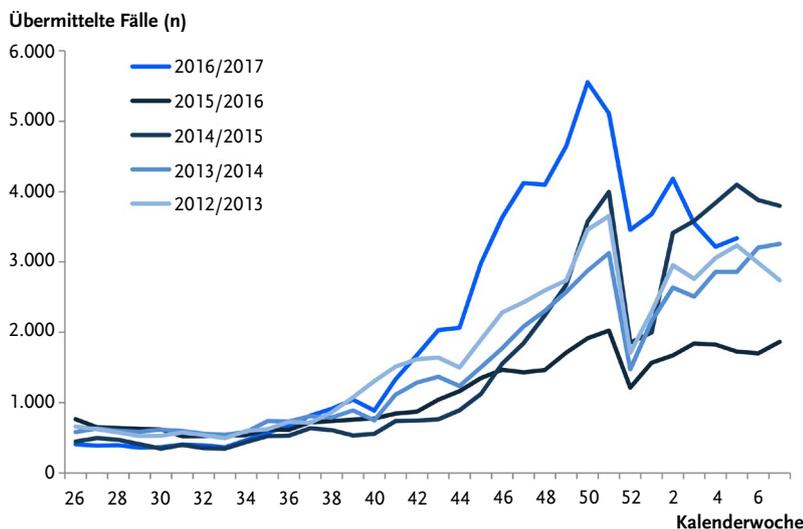


Abb. 1: Übermittelte Norovirus-Fälle nach RKI-Referenzdefinition (laborbestätigte Erkrankungen) pro Kalenderwoche in Deutschland in der Saison 2016/17 im Vergleich zu früheren Saisons, Stand 13.2.2017

Diese Woche 7/2017

Vermehrter Anstieg der Norovirus-Infektionen in der Winter-Saison 2016/2017 – Nachweis einer neuen Norovirus-Variante

Hinweis auf Veranstaltungen

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten
4. Woche 2017

Zur Situation von Influenza-Erkrankungen für die
6. Kalenderwoche 2017



2007/2008, in der ein früher und starker Anstieg an labor-diagnostisch bestätigten Erkrankungen registriert wurde. Dieser Anstieg war bedingt durch das Auftreten der damals neuen Variante GII.4 2006b.^{4,5} Um zu überprüfen, ob es einen Zusammenhang zwischen dem außergewöhnlich starken Anstieg von Norovirus-Erkrankungen und dem Auftreten einer oder mehrerer Norovirus-Rekombinanten in der Saison 2016/2017 gibt, wurden am Konsiliarlabor für Noroviren molekularepidemiologische Untersuchungen der aktuell zirkulierenden Viren verstärkt durchgeführt.

Phylogenetische Untersuchung von Norovirus-positiven Proben

Zwischen September und Dezember 2016 wurden 240 Norovirus-positive Stuhlproben von Patienten mit Norovirus-bedingter akuter Gastroenteritis aus 13 Bundesländern untersucht. 175 Proben stammten aus insgesamt 69 Ausbrüchen, davon waren 39 Ausbrüche aus Kindertagesstätten sowie 12 Ausbrüche aus Pflegeeinrichtungen, diese Proben stammten aus insgesamt 11 Bundesländern (Baden-Württemberg, Bayern, Berlin, Hessen, Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Sachsen, Schleswig-Holstein und Thüringen). Sporadischen Norovirus-Erkrankungen konnten 65 Proben zugeordnet werden. Diese Proben stammten aus sechs Bundesländern (Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg, Hamburg, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen) und wurden von Krankenhäusern und Diagnostiklaboren

an das Konsiliarlabor für Noroviren zur weiteren Feintypisierung eingesandt. Alle Proben wurden molekularbiologisch charakterisiert. Genombereiche der offenen Leserahmen (*open reading frames*) ORF1 und ORF2 wurden sequenziert und mittels phylogenetischen Analysen entsprechenden Genotypen zugeordnet.

Norovirus-Rekombinante GII.P16-GII.2

In 240 untersuchten und genotypisierten Proben konnte eine neu auftauchende Norovirus-Variante nachgewiesen werden, die bisher nicht in Deutschland bei Ausbrüchen oder sporadischen Fällen beschrieben wurde (s. Tab. 1, S. 69). Die Untersuchungen zeigten, dass eine Rekombination von GII.P16 Viren (ORF1) und GII.2 Viren (ORF2) stattgefunden hat und dadurch die Rekombinante GII.P16-GII.2 entstanden ist (s. Abb. 2 a+b).

Zur Analyse des Rekombinationspunktes wurde von 14 Proben ein Genombereich mit 2.019 Nukleotiden amplifiziert und sequenziert, der sowohl einen Teil des ORF1 als auch einen großen Teil des ORF2 umfasst. Die Rekombinationsanalysen ergaben einen Rekombinationspunkt im Übergangsbereich des ORF1 und ORF2 in der *Junction*-Region gelegen (Nukleotid Position 732–734 des Norovirus-Genoms); s. Abb. 3, Seite 69.

Die neue Rekombinante konnte in 29 von 69 Ausbrüchen in neun Bundesländern identifiziert werden (Thüringen,

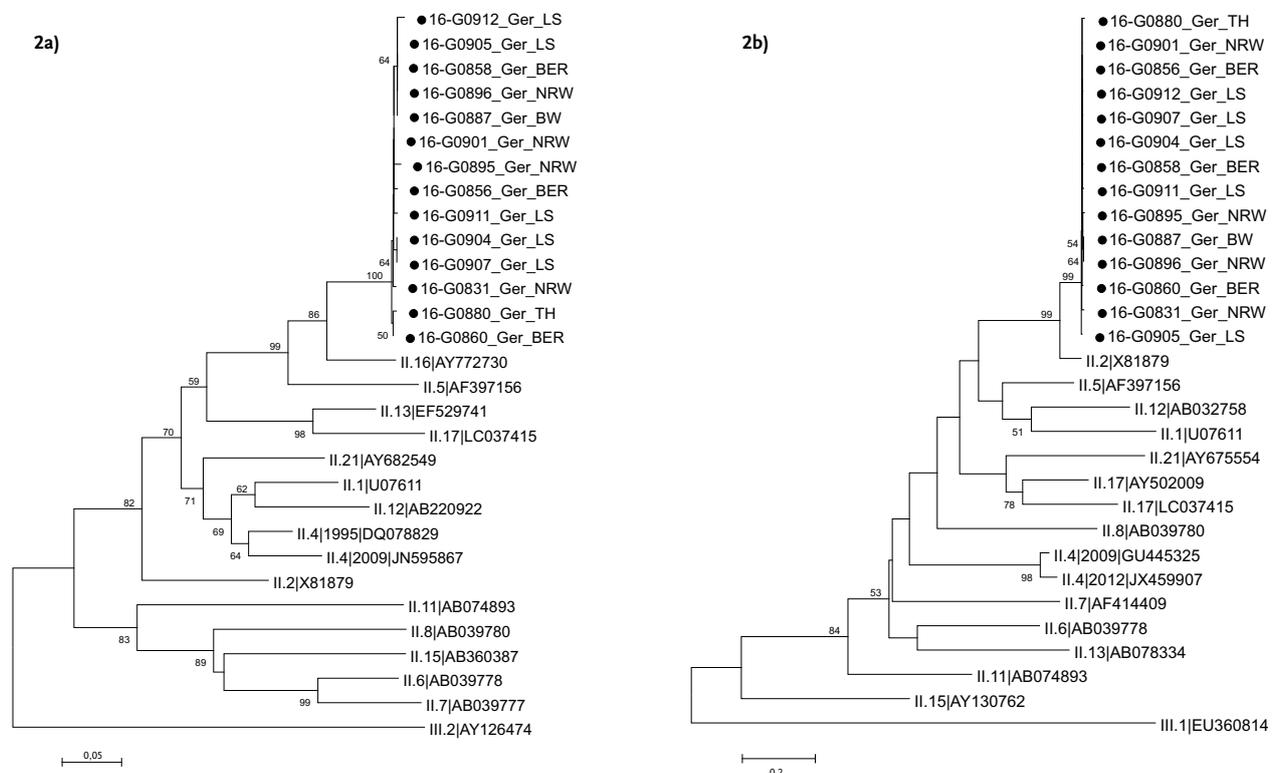


Abb. 2: Phylogenetische Analyse a) eines 357 bp großen Genombereiches des ORF1 und b) eines 628 bp großen Genombereiches der P2 Region im ORF2. Dargestellt sind 14 repräsentative Proben, gekennzeichnet mit schwarzem Punkt. Die Zuordnung der Genotypen erfolgt mit Hilfe von Referenzsequenzen. Sequenz-Alignments wurden mittels ClustalW und der *Neighbor-Joining*-Stammbäume mit dem Programm MEGA7 errechnet. Die *Bootstrap*-Analyse wurde mit 1.000 Wiederholungen durchgeführt und Werte größer als 50 wurden dargestellt. Verwendete Abkürzungen im Probenamen: GER: Deutschland, NRW: Nordrhein-Westfalen; LS: Niedersachsen; BW: Baden-Württemberg; BER: Berlin; TH: Thüringen

Norovirus-Genotyp	Detektiert in sporadischen Erkrankungen (n/%)	Detektiert in Ausbrüchen (n/%)
GI.P1-GI.1	0/0	1/1,4
GI.P3-GI.3	3/4,6	2/2,9
GI.P4-GI.4	1/1,5	3/4,3
GI.P5-GI.5	0/0	1/1,4
GI.Pb-GI.6	0/0	2/2,9
GII.P2-GII.2	1/1,5	0/0
GII.P4 2009-GII.4 2012	5/7,7	7/10,1
GII.P7-GII.6	1/1,5	4/5,8
GII.P7-GII.7	0/0	3/4,3
GII.P8-GII.8	0/0	1/1,4
GII.P16-GII.2	31/47,7	29/42,0
GII.P16-GII.4 2012	7/10,8	7/10,1
GII.P17-GII.17	0/0	6/8,7
GII.P21-GII.3	2/3,1	1/1,4
GII.P21-GII.13	1/1,5	0/0
GII.Pe-GII.4 2012	12/18,5	2/2,9
GII.Pg-GII.1	1/1,5	0/0
Gesamt	65	69

Tab. 1: Verteilung der zirkulierenden Norovirus-Genotypen, die zwischen September und Dezember 2016 am Konsiliarlabor für Noroviren analysiert wurden

Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Hessen, Berlin, Bayern). In den 65 untersuchten Proben von sporadischen Norovirus-Infektionen konnte in 31 Proben die neue Rekombinante GII.P16-GII.2 als ätiologisches Agens detektiert werden. Diese Proben stammten aus vier Krankenhäusern in Berlin, Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg und Niedersachsen (s. Tab. 1). Neben der neuen

GII.P16-GII.2 Virusvariante wurden weitere Norovirus-Genotypen detektiert, die jedoch im geringeren Maß vorherrschend waren als z. B. in der Saison 2015/2016. Diese waren im Einzelnen die Norovirus-Genotypen GI.P3-GI.3, GII.P17-GII.17 sowie die rekombinanten Viren GII.Pe-GII.4 2012 und GII.P4 2009-GII.4 2012 (s. Beitrag im *Epidemiologischen Bulletin* 23/2016).

Auswirkungen auf den labordiagnostischen Nachweis von Noroviren durch die Rekombinante GII.P16-GII.2

Der Nachweis von Norovirus aus Stuhlproben erfolgt meist durch Detektion der viralen RNA mittels RT-PCR, durch den Nachweis der viralen Antigene im ELISA oder mit Hilfe von immunochromatographischen Testmethoden erhältlich als kommerzielle Produkte oder durch *in-house* Methoden. In der Saison 2014/2015 ist der Genotyp GII.17 weltweit gehäuft aufgetreten. GII.17 ist jedoch in den Antikörper-basierten Testsystemen nur unzureichend detektierbar.^{6,7} Das Viruskapsid der neuen Rekombinante GII.P16-GII.2 wird von einem Genotyp gebildet (GII.2), der schon seit langem in Deutschland und Europa zirkuliert und bislang von allen gängigen kommerziellen Nachweismethoden zuverlässig detektiert werden konnte. Erste vorläufige Untersuchungen am Konsiliarlabor für Noroviren deuten darauf hin, dass die neue Virusrekombinante GII.P16-GII.2 von den Antikörper-basierten Testsystemen detektiert wird. Mit Hilfe der am Konsiliarlabor für Noroviren generierten Sequenzdaten, die in der GenBank unter der *Accession Nr.* KY357449 bis KY357462 abrufbar sind, können bestehende PCR-Systeme überprüft werden. Hierzu kann das Konsiliarlabor für Noroviren nach Rücksprache entsprechendes Referenzmaterial zur Prüfung der diagnostischen Nachweissysteme zur Verfügung stellen.

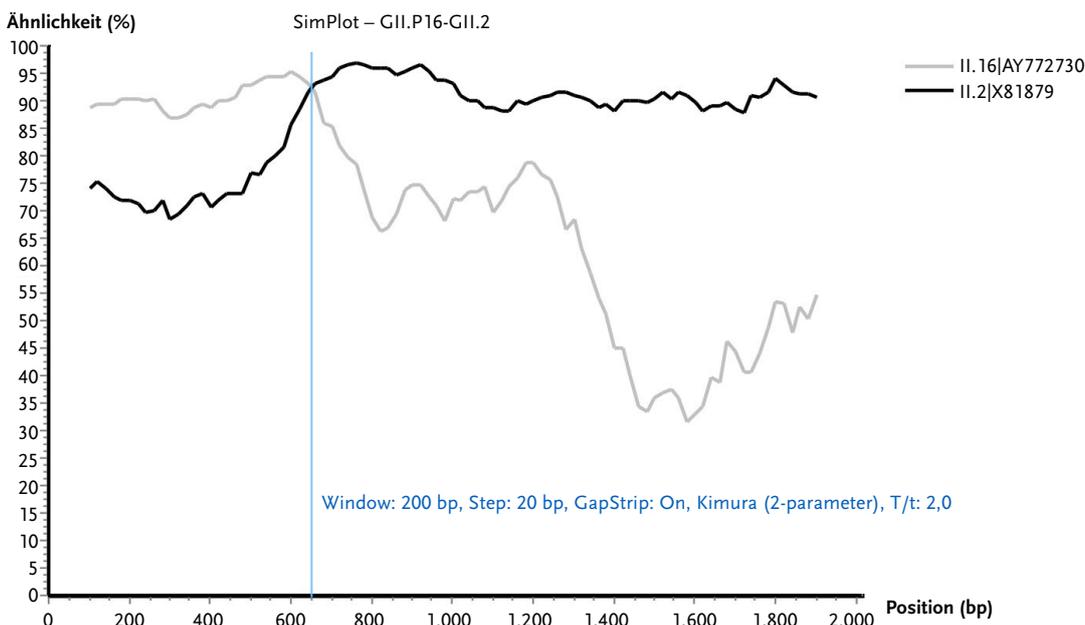


Abb. 3: SimPlot Analyse eines 2.019 bp Fragments vom ORF1 bis zum ORF2 der GII.P16-GII.2 Rekombinante. Die Y-Achse zeigt die Ähnlichkeit der Sequenzen mit den Referenzsequenzen (GII.16|AY772730 und GII.2|X81879). Die X-Achse zeigt die Nukleotidposition, entsprechend der Nukleotid-Position 4.411–6.430 des GII.16 Genotyps (*Accession Nr.* AY772730)

Fazit

Unsere eingehenden Untersuchungen konnten belegen, dass die unerwartet hohe Anzahl an Norovirus-Erkrankungen der Saison 2016/2017 in Zusammenhang mit dem Auftreten eines neuen rekombinanten Norovirus-Typs GII.P16-GII.2 steht. Diese Rekombinante konnte sowohl in sporadischen Infektionen als auch in Norovirus-assoziierten Ausbrüchen nachgewiesen werden, die insgesamt neun Bundesländer betrafen. GII.P16-GII.2 wurde im letzten Jahr sporadisch in verschiedenen Ländern nachgewiesen und an das internationale Netzwerk NoroNet gemeldet. Sequenzdaten und Berichte gibt es aus Australien, Finnland, Frankreich und Russland. Des Weiteren wurde die neue Rekombinante auch in Japan und China sporadisch detektiert.^{8,9} Diese Berichte lassen den Schluss zu, dass es sich bei der neuen Rekombinanten um eine weltweit zirkulierende Virusvariante handelt. Ob sie den in Deutschland dominanten Genotyp GII.Pe-GII.4 2012 ersetzen kann, können nur weitergehende Untersuchungen klären. Auch der Einfluss auf Ausbruchsgeschehen, den Einfluss auf die Herdenimmunität und Schwere der Symptomatik muss in weiteren Studien geklärt werden.

Das Konsiliarlabor für Noroviren bedankt sich bei allen einsendenden Ärzten, Laboren und Gesundheitsämtern.

Dieser Artikel ist im Original bei Eurosurveillance erschienen und wurde für das *Epidemiologische Bulletin* angepasst: Niendorf S, Jacobsen S, Faber M, Eis-Hübinger AM, Hofmann J, Zimmermann O, Höhne M, Bock CT: Steep rise in norovirus cases and emergence of a new recombinant strain GII.P16-GII.2, Germany, winter 2016. *Euro Surveill.* 2017;22(4):pii=30447. DOI: <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30447>

Literatur

1. Ahmed SM, et al.: Global prevalence of norovirus in cases of gastroenteritis: a systematic review and meta-analysis. *Lancet Infect Dis* 2014;14(8):725–30
2. Kroneman A, et al.: Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. *Arch Virol* 2013;158(10):2059–68
3. de Graaf M, et al.: Emergence of a novel GII.17 norovirus – End of the GII.4 era? *Euro Surveill* 2015;20(26)
4. Bruggink L, Catton M, Marshall J: A norovirus intervariant GII.4 recombinant in Victoria, Australia, June 2016: the next epidemic variant? *Euro Surveill* 2016;21(39)
5. Bernard H, et al.: Epidemiology of norovirus gastroenteritis in Germany 2001–2009: eight seasons of routine surveillance. *Epidemiol Infect* 2013;1–12
6. Chan MC, et al.: Reduced Diagnostic Performance of Two Norovirus Antigen Enzyme Immunoassays for the Emergent Genogroup II Genotype 17 Kawasaki 2014 Variant. *J Clin Microbiol* 2016
7. Thery L, et al.: Evaluation of immunochromatographic tests for the rapid detection of the emerging GII.17 norovirus in stool samples, January 2016. *Euro Surveill* 2016;21(4)
8. Iritani N, et al.: Detection and genetic characterization of human enteric viruses in oyster-associated gastroenteritis outbreaks between 2001 and 2012 in Osaka City, Japan. *J Med Virol* 2014;86(12):2019–25
9. Wang YH, et al.: Molecular epidemiology of noroviruses in children and adults with acute gastroenteritis in Wuhan, China 2007–2010. *Arch Virol* 2012;157(12):2417–24

■ *Dr. Sandra Niendorf, †Dr. Sonja Jacobsen und **Dr. Mirko Faber.
Robert Koch-Institut | †Abteilung für Infektionskrankheiten – FG 15 Virale Gastroenteritis- und Hepatitisserreger und Enteroviren | **Abteilung Infektionsepidemiologie – FG 35 Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen

Korrespondenz: NiendorfS@rki.de

■ Vorgeschlagene Zitierweise:
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

Konsiliarlabor für Noroviren

Institution: Robert Koch-Institut
Fachgebiet 15
Seestraße 10
13353 Berlin

Ansprechpartner: Dr. Sandra Niendorf
Dr. Sonja Jacobsen

Telefon: +49 (0)30 18754–2375

Telefax: +49 (0)30 18754–2617

E-Mail: KL-Noroviren@rki.de

Homepage: www.rki.de/kl-noroviren

Leistungsübersicht

- ▶ Molekularbiologischer Nachweis von Norovirus-RNA mittels qualitativer und quantitativer Nukleinsäureamplifikationstechniken aus Stuhlproben;
- ▶ Molekulare Feincharakterisierung im Rahmen von Ausbrüchen (Genotypdifferenzierung) mittels Sequenzierung in verschiedenen Genomregionen, Infektketten-Aufklärung;
- ▶ Aufbau und Optimierung von molekularen Methoden zur Diagnostik viraler Gastroenteritis-Erreger;
- ▶ Beratung und Unterstützung zur Diagnostik weiterer viraler Gastroenteritis-Erreger;
- ▶ Molekularbiologischer Nachweis von Sapovirus-, Astrovirus- und Bocavirus aus Stuhlproben;
- ▶ Beratung zu Anforderungen an das Untersuchungsmaterial und Versandbedingungen;
- ▶ Bereitstellung von Referenzmaterial

Hinweis: Vor Einsendung von Untersuchungsmaterial wird um telefonische Absprache mit dem Labor gebeten.

Hinweis auf Veranstaltungen

Fortbildung für den Öffentlichen Gesundheitsdienst

Die Veranstaltung ist nicht öffentlich. Die Veranstaltung richtet sich an Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Gesundheitsämter, der Medizinal-, veterinärmedizinischen und chemischen Untersuchungsämter, an die Hygienebeauftragten der Krankenhäuser sowie an Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter anderer staatlicher Einrichtungen.

Termin:	29.–31. März 2017
Veranstaltungsort:	Bundesinstitut für Risikobewertung Hörsaal Diedersdorfer Weg 1 D-12277 Berlin (Marienfelde)
Veranstalter:	Robert Koch-Institut (RKI) Umweltbundesamt (UBA) Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR)
Telefon:	+49 (0)30.18412–3456
Telefax:	+49 (0)30.18412–63456
Homepage:	akademie@bfr.bund.de

Themen

Wissenschaftliches Publizieren – Wie kann ich meine Arbeitsergebnisse anderen mitteilen? (workshop)

BfR: Vorkommen von Salmonellen im Tier, Lebens- und Futtermittel in Deutschland: Aktueller Bericht aus dem NRL *Salmonella*, Stillen in der Öffentlichkeit – Gesellschaftlich akzeptiert?, Von der Pest zur Enteritis – die etwas anderen Yersinien, *Clostridium difficile* in Lebensmitteln – ein Risiko?, Gesundheitliche Bewertung endokriner Disruptoren unter

REACH, Vorstellung des BfR, Spezifische Vergiftungsrisiken bei Migranten und durch migrierende Gifte

RKI: Neue Meldepflicht bei schwerer *Clostridium-difficile*-Infektion, und sonst?, Schwer erreichbar gibt es nicht: STI-Prävalenz bei Sexarbeiterinnen ohne gute Anbindung, Quarantäne und Co. – Herausforderung beim Management hochkontagiöser, lebensbedrohlicher Krankheiten, Das Selbe oder das Gleiche – Infektionsketten eindeutig identifizieren – Neue Sequenziertechnologien und Public Health am Beispiel der Listeriose in Deutschland, *Health Literacy* – Welchen Beitrag leistet Gesundheitskompetenz?, Krebs aus verschiedenen Blickwinkeln, „Gesundheit in Deutschland“ – Alles, was Sie wissen müssen, Die neusten Empfehlungen aus der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention

UBA: Innenraumluftschadstoffe – Aktuelle Richtwerte und gesundheitliche Bewertungen aus dem Ausschuss für Innenraumrichtwerte (AIR), Die Bewertung von Gerüchen in der Innenraumluft aus Betroffenen-sicht – Ergebnisse einer internetbasierten Umfrage, Krank durch krankmachende Räume? Sick Building Syndrom und MCS, Pflanzen in Innenräumen: Einfluss auf Raumluft und Behaglichkeit, Die Kleiderlaus des Menschen und ihre Bekämpfung, Die neue 42. Immissionsschutzverordnung zu Legionellen in Verdunstungskühlanlagen, Das LeTriWa-Projekt – Legionellen in der Trinkwasser-Installation

Die Anerkennung als Fortbildung für Ärztinnen und Ärzte und die ATF-Anerkennung für Tierärztinnen und Tierärzte werden beantragt. Auch die Zertifizierung durch die Apothekerkammer und die Zertifizierungsstelle für die Fortbildung von Lebensmittelchemikern ist geplant.

Anmeldung

Bitte melden Sie sich über das Online-Formular unter dem Menüpunkt „Veranstaltungen“ an: www.bfr.bund.de/de/veranstaltungen.html

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland 4. Woche 2017 (Datenstand: 15. Februar 2017)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.
Baden-Württemberg	77	379	489	1	12	6	6	52	66	1	3	6
Bayern	101	462	637	5	18	13	18	74	101	0	3	4
Berlin	25	137	250	2	8	7	2	17	32	1	1	12
Brandenburg	15	77	133	3	5	2	3	9	31	0	0	0
Bremen	6	32	30	0	0	0	0	4	3	0	1	2
Hamburg	16	110	134	0	2	3	4	15	29	1	4	2
Hessen	38	231	372	0	4	4	8	27	62	0	1	8
Mecklenburg-Vorpommern	26	97	95	0	2	4	10	25	17	0	0	1
Niedersachsen	45	304	481	1	16	12	18	57	49	0	0	4
Nordrhein-Westfalen	252	1.320	1.723	5	23	20	28	129	196	0	2	4
Rheinland-Pfalz	30	83	288	2	6	9	6	16	51	0	0	8
Saarland	9	97	98	0	0	1	2	8	11	0	0	1
Sachsen	59	275	401	2	4	8	5	35	42	0	1	0
Sachsen-Anhalt	15	92	139	1	8	9	5	27	40	0	0	0
Schleswig-Holstein	22	138	153	0	6	3	8	26	16	0	0	0
Thüringen	38	121	164	2	4	0	6	37	25	0	0	0
Deutschland	777	3.972	5.587	24	118	101	130	559	771	3	16	52

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Erkrankung ⁺			Rotavirus-Erkrankung			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.	4.	1.-4.	1.-4.
Baden-Württemberg	1	6	11	307	1.397	397	48	141	86	6	27	21	0	2	6
Bayern	3	18	28	373	1.806	814	88	290	154	12	36	50	4	8	6
Berlin	1	5	13	97	504	372	16	43	116	9	14	28	2	8	7
Brandenburg	2	7	11	103	419	530	56	104	131	2	8	9	2	4	4
Bremen	0	0	2	7	48	36	5	9	8	0	3	5	0	0	0
Hamburg	1	2	3	34	199	185	10	28	41	3	9	7	2	5	3
Hessen	3	10	12	120	592	267	21	68	100	5	10	21	4	11	15
Mecklenburg-Vorpommern	2	5	5	117	529	370	11	40	190	2	8	6	1	8	10
Niedersachsen	4	14	30	208	894	512	41	143	109	6	12	13	2	6	8
Nordrhein-Westfalen	13	37	54	751	3.484	1.068	77	230	260	12	35	50	1	6	14
Rheinland-Pfalz	4	5	17	146	550	307	8	24	45	1	2	5	0	0	3
Saarland	0	0	2	58	341	121	15	59	14	0	1	4	1	1	5
Sachsen	15	44	39	268	1.158	871	86	255	232	5	13	20	1	5	5
Sachsen-Anhalt	8	23	11	164	558	340	14	67	130	3	13	5	0	2	8
Schleswig-Holstein	0	2	6	87	376	175	11	37	39	2	5	5	1	1	3
Thüringen	5	18	21	209	799	540	37	93	134	2	5	7	0	1	0
Deutschland	63	197	265	3.066	13.701	6.906	545	1.634	1.789	70	202	256	21	68	97

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 4. Woche 2017 (Datenstand: 15. Februar 2017)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺			Meningokokken-Erkrankung, invasiv			Tuberkulose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.
Baden-Württemberg	2	4	12	12	34	19	7	38	40	1	4	4	18	51	56
Bayern	2	8	24	20	66	72	11	68	71	1	4	3	21	57	115
Berlin	4	23	11	3	10	5	1	12	25	0	0	2	0	0	31
Brandenburg	1	2	3	1	6	2	0	1	4	0	0	1	1	6	17
Bremen	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	3	6
Hamburg	0	1	3	1	6	12	0	4	11	0	0	0	5	19	17
Hessen	3	11	5	5	22	33	7	26	32	2	5	3	11	35	51
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	0	0	3	3	0	3	3	0	0	0	1	6	4
Niedersachsen	1	6	11	2	9	7	7	24	25	1	3	4	4	21	28
Nordrhein-Westfalen	3	20	22	6	18	28	12	64	47	1	3	9	23	61	111
Rheinland-Pfalz	3	3	8	0	1	2	4	6	26	1	2	5	2	7	32
Saarland	1	1	2	1	1	0	0	1	5	0	1	0	1	4	4
Sachsen	2	5	3	4	17	37	2	8	20	0	0	1	1	12	19
Sachsen-Anhalt	1	3	3	0	0	5	3	5	5	0	0	1	3	11	13
Schleswig-Holstein	0	1	9	2	7	1	9	21	14	0	1	1	3	14	10
Thüringen	1	1	2	0	1	1	1	2	5	0	0	1	2	9	5
Deutschland	25	92	119	57	203	228	64	284	334	7	24	36	96	317	520

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.	4.	1.–4.	1.–4.
Baden-Württemberg	3	7	0	4	10	5	0	0	0	32	111	76	71	330	488
Bayern	0	3	0	5	16	6	0	0	0	75	271	198	60	265	548
Berlin	1	7	2	1	4	2	0	0	1	18	62	93	0	2	309
Brandenburg	0	0	0	0	0	1	0	0	0	26	72	51	14	36	86
Bremen	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	7	10	0	0	40
Hamburg	0	0	0	0	0	2	0	0	0	14	56	26	10	38	59
Hessen	5	5	0	3	8	3	0	0	0	27	88	62	3	8	162
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	1	1	2	0	0	0	10	46	21	2	10	26
Niedersachsen	0	0	0	0	4	4	0	0	0	10	66	65	29	79	145
Nordrhein-Westfalen	1	2	3	1	18	9	0	1	1	63	237	175	62	255	525
Rheinland-Pfalz	0	0	0	0	1	4	0	0	0	21	37	44	0	0	94
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	10	9	0	7	11
Sachsen	11	15	0	0	1	0	0	0	0	28	52	47	30	143	177
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	1	1	0	0	0	9	33	35	5	5	40
Schleswig-Holstein	0	1	1	0	1	2	0	0	0	6	20	18	1	14	58
Thüringen	0	3	0	2	2	2	0	0	0	17	67	99	6	18	24
Deutschland	21	43	6	17	68	43	0	1	2	362	1.238	1.029	293	1.210	2.792

⁺ 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).

Allgemeiner Hinweis: Wegen Verwendung veralteter Softwareversionen werden die übermittelten Fälle der folgenden Gesundheitsämter (GA) seit der 1. Meldewoche 2017 nicht ausgewiesen: GA Wildeshausen, GA Berlin-Friedrichshain/Kreuzberg, GA Berlin-Treptow/Köpenick, GA Beeskow, GA Perleberg, GA Luckenwalde und Zentrum für Tuberkulosekranke- und gefährdete Menschen Berlin.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

4. Woche 2017 (Datenstand: 15. Februar 2017)

Krankheit	2017	2017	2016	2016
	4. Woche	1.–4. Woche	1.–4. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	6	44	51	731
Brucellose	1	1	2	36
Chikungunya-Fieber	0	2	2	73
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	1	4	5	90
Dengue-Fieber	6	21	81	940
FSME	0	2	2	344
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	5	2	69
Hantavirus-Erkrankung	14	51	15	278
Hepatitis D	0	0	0	12
Hepatitis E	29	132	102	1.983
Influenza	9.294	20.284	3.312	63.817
Invasive Erkrankung durch Haemophilus influenzae	12	83	56	621
Legionellose	10	53	44	992
Leptospirose	0	2	5	93
Listeriose	16	54	68	707
Ornithose	0	0	1	9
Paratyphus	1	1	2	36
Q-Fieber	2	3	33	275
Trichinellose	0	0	0	4
Tularämie	0	0	2	41
Typhus abdominalis	1	2	4	58

* Meldepflichtige Erkrankungsfälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK.

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 6. Kalenderwoche (KW) 2017

Die Aktivität der ARE ist in der 6. KW 2017 im Vergleich zur Vorwoche bundesweit leicht gesunken. Die Werte des Praxisindex lagen insgesamt im Bereich stark erhöhter ARE-Aktivität. Die Grippewelle in Deutschland hält bei hoher Influenza-Aktivität weiter an, was sich in einer hohen Influenza-Positivenrate (54%), einer stark erhöhten ARE-Aktivität und einem weiteren Anstieg der wöchentlichen Influenzameldungen gemäß IfSG widerspiegelt. Der Höhepunkt der Grippewelle scheint erreicht zu sein. Es ist weiterhin eine deutliche Zirkulation von RSV zu verzeichnen, die insbesondere in der Altersgruppe der 0- bis 1-Jährigen zu Arztbesuchen führt.

Internationale Situation

Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance (Flu News Europe)

Von den 43 Ländern, die für die 5. KW 2017 Daten an TESSy sandten, berichtete Ungarn über eine sehr hohe klinische Aktivität, 6 Länder berichteten über eine hohe (darunter auch Deutschland), 21 Länder über eine mittlere und 15 Länder über eine niedrige Aktivität. Im Bericht werden auch regelmäßig Ergebnisse aus dem europäischen Projekt zum Mortalitäts-Monitoring berichtet (EuroMOMO), an dem sich in der 5. KW 2017 19 Länder beteiligten. Bereits seit mehreren Wochen wird insbesondere für die Altersgruppe der ab 65-Jährigen eine erhöhte Mortalität verzeichnet, die wahrscheinlich auf die Grippewelle in Europa und die zirkulierenden Influenza A(H3N2)-Viren zurückzuführen ist (www.euromomo.eu/).

Ergebnisse der Influenzüberwachung in den USA (CDC FluView Week 5)

Für Informationen s. unter: www.cdc.gov/flu/weekly/.

Aviäre Influenza

Humane Erkrankungen mit aviären Influenza A(H7N9)-Viren (WHO)

Am 10.02.2017 hat die WHO aktuelle wissenschaftliche Ergebnisse zu den humanen Fällen mit aviärer Influenza A(H7N9) in China veröffentlicht. Seit Oktober 2016, insbesondere im Dezember 2016 und Januar 2017, berichteten die chinesischen Gesundheitsbehörden über einen deutlichen Anstieg der Fallzahlen, die inzwischen höher sind als in den vier vorangegangenen Erkrankungswellen seit dem ersten Auftreten in 2013. Laut den aktuellen Untersuchungen haben sich die Epidemiologie und die Viruseigenschaften nicht grundlegend geändert. Die Risikoeinschätzung der WHO bleibt unverändert. Bislang gibt es für die bekannten aviären Influenzavirussubtypen keinen Anhalt für eine fortgesetzte Mensch-zu-Mensch-Übertragung in der Bevölkerung. Ein relevantes Infektionsrisiko besteht bei engem Kontakt zu infiziertem Geflügel. (www.who.int/influenza/human_animal_interface/avian_influenza/riskassessment_AH7N9_201702/en/)

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 6. KW 2017

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18754-0
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.: 030.18754-2324

E-Mail: Seedatj@rki.de

Dr. rer. nat. Astrid Milde-Busch (Vertretung)

► Redaktionsassistentin: Francesca Smolinski

Tel.: 030.18754-2455

E-Mail: SmolinskiF@rki.de

Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

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). Die Printversion wurde zum Jahresende 2016 eingestellt. Wir bieten einen E-Mail-Verteiler an, der wöchentlich auf unsere neuen Ausgaben hinweist. Gerne können Sie diesen kostenlosen Verteiler in Anspruch nehmen. Die Anmeldung findet über unsere Internetseite (s. u.) statt.

Die Ausgaben ab 1996 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de/epidbull

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

Nachdruck

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

ISSN 1430-0265 (Druck)

PVKZ A-14273