

COVID-19-Pandemie führte zu starkem Rückgang von darmpathogenen Erregern – Ergebnisse der integrierten molekularen Surveillance

Bericht aus dem Nationalen Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

Im März 2020 wurden zur Bewältigung der Coronavirus Disease 2019-(COVID-19-)Pandemie durch Bundesregierung und Bundesländer umfangreiche Infektionsschutzmaßnahmen in Deutschland ergriffen. Als zusätzlicher Effekt der Kontaktbeschränkungen für die Bevölkerung wurde bereits frühzeitig ein abrupter Rückgang von Atemwegserkrankungen beobachtet, welcher hauptsächlich auf die Einhaltung der AHA+L-Regeln (Abstand halten, Hygiene beachten, Alltag mit Maske und Lüften) zurückgeführt wurde.¹ Ein derartiger Effekt konnte im Verlauf des Jahres bei einer Vielzahl meldepflichtiger Erreger beobachtet werden. Abgebildet wurde dieser Trend durch die erfassten Fallzahlen im Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG).² So lag bis zur 32. Kalenderwoche (KW) 2020 die Anzahl der gemeldeten Salmonellosen 45,4 % unter dem durchschnittlichen Wert des gleichen Zeitraums der Jahre 2015–2019. Die Anzahl der *Campylobacter*-Enteritiden ging um 22,2 % zurück, Infektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia (E.) coli* (EHEC) um 46,4 %, Shigellose um 82,9 %, Listeriose um 21,8 % und Yersiniose um 7%.^{2,3} Mit Beginn der Infektionsschutzmaßnahmen ab der 11. KW bis zu den ersten umfangreicheren Lockerungen der Restriktionen in der 19. KW 2020 und nochmals mit Beginn der zweiten Infektionswelle (40. KW) verzeichneten auch das Nationale Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger (NRZ Salm) und das Konsiliarlabor für Listerien (KL *Listeria*) einen in diesem Umfang nicht erwarteten Rückgang an eingesandten Proben. Zu Beginn des Jahres 2020 lagen die Probeneingangszahlen am NRZ Salm im Mittel der Vorjahre 2015–2019 (s. Abb. 1–3). Bis zur 12. KW wurden ausbruchsbedingt sogar mehr Salmonellen-Isolate für die Typisierung eingesandt. Ab März wurde für alle zu bearbeitenden Erreger ein mehr oder weniger starker Rückgang an Einsendungen

registriert, der sich bis auf geringfügige Veränderungen auch Anfang 2021 noch nicht auf dem Einsendeniveau der Vorjahre befand.

Eine Abfrage unter 20 Haupteinsendern an das NRZ Salm/KL *Listeria* ergab, dass die Labore der Primärdiagnostik zwar eine große Anzahl von Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Typ 2-(SARS-CoV-2-)Testungen bewältigen mussten, jedoch in ausreichendem Maße Kapazitäten zur Testung bakterieller Erreger (Stuhldiagnostik) zur Verfügung standen. Die Labore berichteten allerdings, eine geringere Anzahl von Anforderungen auf derartige Untersuchungen erhalten zu haben. Der deutliche Rückgang an Arztbesuchen hatte in diesem Zusammenhang zudem eine große Bedeutung.⁴

Dies implizierte, dass mit dem Lockdown nicht nur die Verbreitung viraler Erreger durch die Reduktion sozialer Kontakte verringert wurde.¹ Wahrscheinlich war die Verarbeitung und Ausgabe von Lebensmitteln in so großem Maße eingeschränkt durch die Schließung von Gemeinschaftseinrichtungen (wie z. B. Kindertagesstätten, Schulen etc.) und Gastronomiebetrieben, die geringeren Belegungszahlen in Krankenhäusern und Kliniken sowie das Verbot von Großveranstaltungen und größeren Familienfeiern, dass auch daraus resultierende Infektionen mit bakteriellen Enteritiserregern verringert wurden. Neben der Küchenhygiene und der Lebensmittelverarbeitung als solches könnte zudem der Warenverkehr eine Rolle gespielt haben. So wurde analysiert, dass das Verhalten der Konsumierenden in dieser Zeit auf den Verzehr von Dauerlebensmitteln ausgerichtet war^{5,6} und regionale Lebensmittel bevorzugt wurden. Die Zubereitung von Speisen erfolgte in größerem Maße individuell oder Lieferangebote wurden in Anspruch genommen.^{7,8} Auch die Ausweisung von Risikogebieten und die Einschränkung

Anzahl Einsendungen

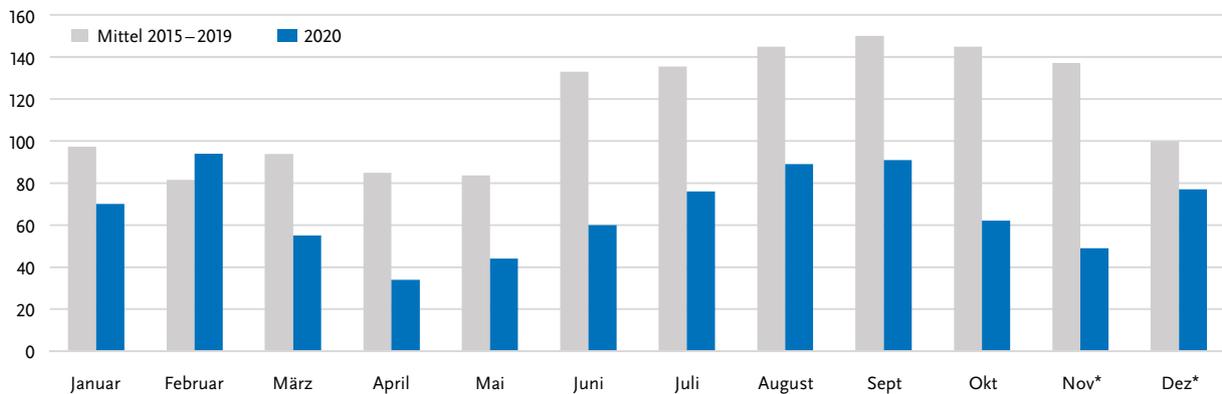


Abb. 1 | Anzahl der Einsendungen von Shigatoxin-produzierenden *Escherichia coli* (EHEC) an das NRZ Salm 2020 im Vergleich zum Mittelwert der vorangegangenen fünf Jahre. * ausbruchsbedingt hohe Einsendezahlen

Anzahl Einsendungen

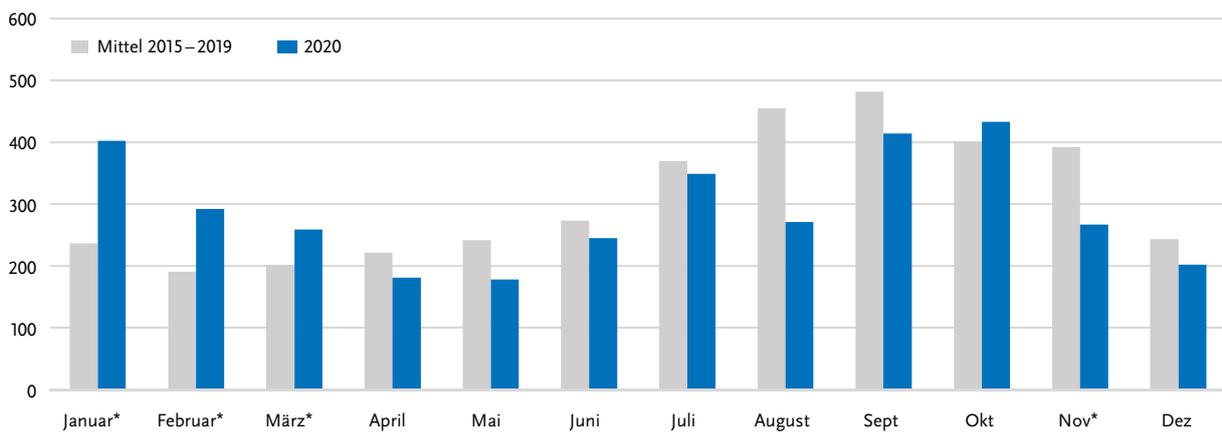


Abb. 2 | Anzahl der Einsendungen von *Salmonella enterica* an das NRZ Salm 2020 im Vergleich zum Mittelwert der vorangegangenen fünf Jahre. * ausbruchsbedingt hohe Einsendezahlen

Anzahl Einsendungen

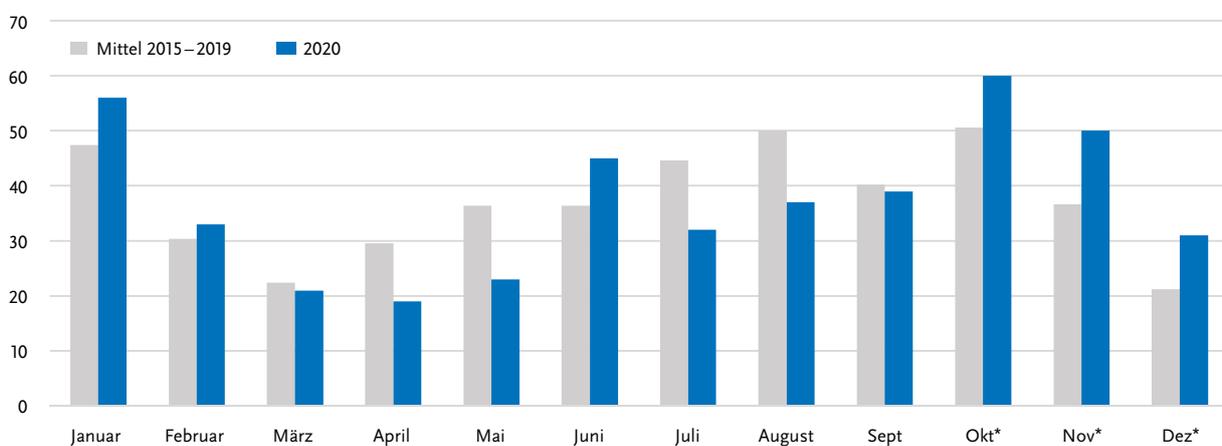


Abb. 3 | Anzahl der Einsendungen von *Listeria monocytogenes* an das KL Listeria 2020 im Vergleich zum Mittelwert der vorangegangenen fünf Jahre. * ausbruchsbedingt hohe Einsendezahlen

der Reisetätigkeit in das Ausland hatten im Jahr 2020 einen Einfluss auf die Infektionsraten. Sichtbar war dies vor allem bei den mehrheitlich reiseassoziierten viralen Erkrankungen (Dengue- und Chikungunya-Fieber, Rückgang um 86 % bzw. 78 % gegenüber 2019)⁹ sowie den bakteriell verursachten Infektionen (drastischer Rückgang der Meldezahlen für Paratyphus, Typhus abdominalis und Shigellose um jeweils 78 %, 77 % und 82 % gegenüber 2019⁹). Veranstaltungsverbote und Einschränkungen der Freizeitaktivitäten wurden dagegen in der Anzahl gemeldeter EHEC-Infektionen und Fällen von hämolytisch-urämischem Syndrom (HUS) abgebildet. Die Infektionsursache ist in solchen Fällen neben dem Konsum von Risikolebensmitteln wie Rohmilch oder nicht durchgegartem Fleischprodukten häufig im direkten Tierkontakt zu suchen, wie beim Besuch von Streichelzoos oder Bauernhöfen.¹⁰ Dies war bis zur zwischenzeitlichen Lockerung der Restriktionen – wenn überhaupt – nur eingeschränkt möglich. Bis zur 53. KW 2020 wurden insgesamt 58,4 % weniger EHEC-Enteritiden an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt als 2019 (HUS: -54,9 %).⁹

In den nächsten Abschnitten soll anhand von ausgewählten lebensmittelbedingten darmpathogenen Infektionserregern auf die Bedeutung der molekularen Analyse mittels Genomsequenzierung (WGS) im Sinne einer integrierten molekularen Surveillance (IMS) eingegangen werden. Sie ist besonders für die Darstellung der Erregervielfalt, ihrer Häufigkeitsverteilung und der Detektion von Ausbrüchen relevant.

Molekulare Surveillance darmpathogener bakterieller Enteritiserreger

Auch wenn die Isolat-Einsendungen an das NRZ Salm im Jahr 2020 ganz unter dem Zeichen der Pandemie deutlich geringere Zahlen als in den Vorjahren aufwies, konnte die Weiterführung und der Ausbau der IMS weiter umgesetzt werden. Seit September 2017 hat sie im §13 IfSG eine rechtliche Grundlage gefunden und soll bei der Aufklärung von lebensmittelbedingten Ausbrüchen durch bakterielle Enteritiserreger eine Schlüsselfunktion einnehmen. Im Mittelpunkt steht hierbei die WGS, deren Leistungsfähigkeit bereits an vielen Beispielen gezeigt werden konnte.^{13–15} Die gewonnenen Daten

sind in hohem Maß standardisierbar und vergleichbar, was einen nationalen und internationalen Datenabgleich vereinfacht.²⁰ Das NRZ Salm und das KL *Listeria* koordinieren bzw. beteiligen sich in mehreren durch das Bundesministerium für Gesundheit geförderten Projekten ([IGS-Zoo](#); [GenoSalmSurv](#)) aktiv an der Fortentwicklung dieses molekular-epidemiologischen Tools. Die Sequenzanalyse dient sowohl der frühzeitigen Erkennung von Veränderungen in der Erregerpopulation als auch der Entdeckung von Krankheitsclustern. *Salmonella* (*S.*) *enterica*, EHEC und *Listeria* (*L.*) *monocytogenes* stehen als Krankheitserreger dabei im Vordergrund (s. nachfolgende Ausführungen). WGS-basierte Methoden zur Analyse der Epidemiologie von *Shigella*, *Campylobacter* (s. nachfolgende Ausführungen) und *Yersinia* befinden sich in der Entwicklung.

Salmonella enterica

Priorisierte Serovare für die WGS-basierte Surveillance am NRZ Salm sind *S. Enteritidis* sowie *S. Typhi*. Bei letzterem standen insbesondere die mit Pakistan-Aufenthalt assoziierten extensiv antibiotikaresistenten Stämme im Fokus.¹¹ Anlassbezogen werden auch Ausbruchsgeschehen mit anderen Serovaren untersucht, wobei die Sequenzierung i. d. R. während des laufenden Geschehens durchgeführt wird. Die Auswertung der Genomdaten erfolgt mittels core genome multi locus sequence typing (cgMLST) unter Einsatz der Ridom SeqSphere⁺-Software, wobei die 3.002 Genloci des international etablierten EnteroBase-Schemas zum Sequenzvergleich herangezogen werden. Zur Ermittlung und Bestätigung von Infektionsquellen findet ein regelmäßiger Austausch von Isolaten und Sequenzdaten mit dem Nationalen Referenzlabor (NRL) *Salmonella* am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) sowie mit den Landesstellen des Öffentlichen Gesundheitsdiensts (ÖGD) statt, bei denen WGS bereits etabliert ist. 2020 ließen sich 264 von 510 analysierten *S. Enteritidis*-Genomen 17 NGS-Clustern zuordnen (Clusterdefinition: mindestens fünf Isolate mit maximal fünf Alleldifferenzen (AD) zum nächsten Nachbarn). Sechs Cluster wiesen 2020 mehr als 20 Isolate auf. Das größte Cluster umfasste 44 Isolate acht verschiedener Komplextypen mit maximaler paarweiser Distanz von 13 AD. Für zwei multinationale *S. Enteritidis*-Ausbrüche wurden sehr eng verwandte deutsche Isolate identifiziert und an das

Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) übermittelt. Als zunehmend problematisch erweist sich mit steigender Anzahl sequenzierter Genome dieses klonalen Serovars das Verschmelzen von Clustern zu großen Pseudoclustern, die Entstehung von Clustern mit mehreren Komplextypen sowie die Beurteilung „grenzwertiger“ Matches. Dies unterstreicht die Notwendigkeit WGS-Daten mit epidemiologischen Informationen zu untermauern, um distinkte Ausbruchsgeschehen zu identifizieren (WGS-Cluster sind nicht automatisch Ausbrüchen gleichzusetzen!). Das NRZ Salm und das für gastrointestinale Infektionen zuständige Fachgebiet 35 der Abteilung für Infektionsepidemiologie am RKI stehen in engem Austausch, um unter Berücksichtigung epidemiologischer Erkenntnisse bessere Kriterien zur Abgrenzung von relevanten NGS-Clustern zu entwickeln und die Kommunikation mit dem ÖGD und den weiteren Beteiligten an Ausbruchsuntersuchungen effizient zu gestalten.

Escherichia coli

Die Analyse dieses Erregers ist fokussiert auf die mit dem HUS assoziierten Shigatoxin-produzierenden *E. coli* (EHEC/STEC) der Serovare O157:H7, O26:H11, O103:H2, O111:H8 und O145:H28 sowie auf Isolate mit Hinweis auf schwerwiegende Symptomatik (blutige Diarrhö, atypisches oder partielles HUS). Das für die bioinformatische Auswertung verwendete EnteroBase cgMLST v1-Schema umfasst 2.513 Genomloci. Ein epidemiologischer Zusammenhang wird hierbei als wahrscheinlich erachtet, wenn zehn oder weniger AD zwischen zwei Isolaten vorliegen. Für Isolate aus detektierten Clustern erfolgt zusätzlich ein single nucleotide polymorphism-(SNP-)basiertes Mapping an Referenzgenomen und ein Mapping an Referenzsequenzen für die Analyse der Virulenzfaktoren und der O- und H-Antigencluster.¹² Diese systematische Analyse der EHEC-Erreger mit erhöhtem Risikopotenzial ist derzeit noch einmalig in Deutschland.

Im Jahr 2020 konnten 774 EHEC-Reinkulturen (58 % aller Meldedfälle⁹) weiterführend typisiert werden. Im Frühjahr wurde in Nordwestdeutschland ein größeres Geschehen detektiert: STEC O153 (OgN3):H25 (stx2a positiv; 9 Isolate am NRZ). Von einem Ausbruch mit EHEC-Gastroenteritis, der

Ende November und Anfang Dezember zeitgleich mehrere Kindereinrichtungen in Nordwestmecklenburg betraf, erhielt das NRZ Salm 19 Isolate, bei denen der Serovar O26:H11 (stx2a positiv) mit einheitlichem cgMLST-Profil nachgewiesen wurde. Dieses cgMLST-Profil fand sich ausschließlich bei Fällen, die auch nach epidemiologischen Kriterien zu diesem Ausbruch gehörten. Im Fall einer im Spätsommer (Ende Juli bis Anfang Oktober 2020) registrierten Häufung von insgesamt 50 HUS-Fällen vor allem in Süddeutschland (Bayern, Baden-Württemberg) konnte in enger Kooperation mit dem KL HUS der Universität Münster ein Ausbruch ausgeschlossen werden. Von 22 Infizierten waren Isolate zur Sequenzierung verfügbar. Es fanden sich 12 verschiedene Serovare, wobei nur die Serovare O157:H7, O26:H11 und O145:H28 bei mehreren Patientinnen und Patienten nachweisbar waren, ohne eine cgMLST-Überstimmung aufzuweisen. Darüber hinaus zeigten sich in der molekularen Surveillance insgesamt 27 kleinere Cluster (2–5 Isolate), wobei es sich häufig um familiäre Erkrankungsgeschehen handelte. Bei keinem der untersuchten Häufungen gab es Hinweise auf bestimmte Lebensmittel als Infektionsquelle. Für die Ermittlung solcher Quellen erfolgt seit 2019 ein aktiver Austausch von Referenz-Sequenzdaten mit dem NRL für *E. coli* am BfR.

Listeria monocytogenes

Zur Identifikation von Listeriose-Erkrankungsklustern werden WGS und das cgMLST genutzt. Das verwendete cgMLST-Schema nutzt 1.701 Genomloci für die Verwandtschaftsanalyse,¹³ unterscheidet bislang >14.000 Clustertypen und erreicht damit eine weitaus höhere Auflösung als die klassische Pulsfeldgelelektrophorese (PFGE).¹⁴

Ein epidemiologischer Zusammenhang wird zwischen Isolaten mit AD ≤7 angenommen. Es erfolgt eine Clusterermittlung (Nomenklatur-Benennung: Alpha1, Omega1, Alpha2, usw.) und ausgewählte Cluster werden durch ein SNP-Calling bestätigt.¹⁴ Das KL *Listeria* erhielt im Jahr 2020 insgesamt 441 Einsendungen von klinischen *L. monocytogenes*-Isolaten aus Deutschland und deckte damit etwa 80 % der 575 registrierten Meldedfälle ab. Mit Hilfe einer Multiplex-PCR wurden Speziesidentität und molekulare Serogruppen für alle eingesandten

Isolate ermittelt und die Genome der bestätigten *L. monocytogenes*-Isolate sequenziert. Aktuell ist diese hohe Probenabdeckung von Erregerisolaten mit WGS-basierten Typisierverfahren bei *L. monocytogenes* beispielgebend bei den gastrointestinalen bakteriellen Erregern in Deutschland. Insgesamt 259 der Isolate (58,7 %) ließen sich 82 Erkrankungsclustern zuordnen, die verbleibenden Isolate (41,3 %) stellen nach derzeitigem Untersuchungsstand sporadische Erkrankungsfälle dar. Die Erkrankungscluster mit den meisten Fällen im Jahr 2020 sind Ny9 (IIa, ST394, CT13516+14488; 55 Isolate), Omikron1 (IIa, ST155, CT1128; 16 Isolate), sowie Tau8 und Pi4 (je 12 Isolate). Durch Abgleich von Referenzsequenzen mit dem NRL für *L. monocytogenes* am BfR konnten für 26 der im Jahr 2020 aktiven Cluster passende Lebensmittelisolate identifiziert werden.¹⁵

Shigella

Durch die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie war ein Rückgang der Shigellose-Meldezahlen um 82,1 % von 764 im Jahr 2019 auf 137 im Jahr 2020 zu verzeichnen.⁹ Am NRZ Salm wurden 31 Isolate in die molekulare Surveillance einbezogen, welche auf Basis einer Multiplex-PCR hinsichtlich Speziesidentifikation getestet wurden. Es konnten zwei *Shigella* (*S.*) *flexneri*-Isolate einem neuen Cluster (SHF_2020_NGS_1) zugeordnet und jeweils ein Isolat in zwei bereits bekannte Cluster eingefügt werden (SHF_2019_NGS_1, SHF_2019_NGS_6). Von den *S. sonnei*-Isolaten wurden vier neuen Clustern zugeordnet (SHO_2020_NGS_1, SHO_2020_NGS_2) und 11 weitere Isolate drei bereits bekannten Clustern (SHO_2018_NGS_1, SHO_2018_NGS_4, SHO_2019_NGS_1). Cluster SHO_2018_NGS_1 ist seit 2018 in Deutschland erfasst und mittlerweile das größte Cluster mit zwei Unterclustern 1A und 1B. Es enthält inzwischen 41 Isolate, die durch Vergleichsanalysen mit Sequenzen aus dem Vereinigten Königreich mit hoher Wahrscheinlichkeit einer dort bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), dominierenden assoziierten klonalen Linie angehören. Weiterhin sind ca. 60 % aller *Shigella*-Isolate 3- oder 4-MRGN (MRGN – multi-resistente gramnegative Erreger). Besonders bemerkenswert ist der ansteigende Anteil Azithromycin-resistenter Isolate, der im Probenanteil des NRZ Salm bereits bei 43 % lag, zuzüglich einer Fluorchinolon-Resistenz in 4/5 der Fälle.¹⁶

Campylobacter

Im Jahr 2020 wurde eine IMS für *Campylobacter* aufgebaut mit dem Ziel der systematischen Untersuchung auf Genomebene. Die an das NRZ Salm eingesandten Isolate decken den mittleren Teil Deutschlands mit Nordrhein-Westfalen (NRW), Niedersachsen, Thüringen, Berlin und Brandenburg sehr gut ab. Hierbei ist als Bundesland besonders NRW mit 21 % der *Campylobacter*-Enteritis-Meldefällen gut repräsentiert. Weitere Bundesländer sollen in der nächsten Phase aktiv eingebunden werden. 2020 gehörten 84 % der eingesandten Isolate der Spezies *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* an, 15 % *C. coli*, 0,5 % *C. fetus*, 0,3 % *C. hyointestinalis* und 0,1 % *C. upsaliensis*. 901 Isolate wurden mittels einer *C. jejuni*-/*C. coli*-spezifischen cgMLST (Ridom SeqSphere+ Schema mit 637 Loci) und einer Cluster-Obergrenze von 4 AD analysiert. Insbesondere für *C. jejuni* konnten so vier größere phylogenetische Cluster identifiziert werden, die aktuell 18, 22, 27 und 71 Isolate pro Cluster aufweisen. Zu allen diesen Clustern finden sich passende Isolate aus Nachbarländern (insbesondere Dänemark und Luxemburg), so dass diese offenbar grenzüberschreitend auftreten.

Zusammenfassung

Zusammenfassend wurde im Jahr 2020 seit dem Beginn der COVID-19-Pandemie und den damit verbundenen Infektionsschutzmaßnahmen ein in diesem Maß nicht erwarteter Rückgang an bakteriellen Enteritiden registriert, die besonders mit dem Konsum kontaminierter Lebensmittel oder einer Mensch-zu-Mensch-Übertragung assoziiert sind.² In vielen Publikationen werden einige häufig bekannte Infektionsrisiken benannt, z. B. ungenügende Küchenhygiene, Verzehr von Risikolebensmitteln, Reisetätigkeit und Tierkontakt.^{17,18,19} Durch den Rückgang von Arztbesuchen in der Pandemie ist eine Untererfassung von Fällen bzw. eine entsprechende Dunkelziffer ebenfalls nicht auszuschließen.⁴ Eine Rückstellung oder Priorisierung von labordiagnostischen Analysen wegen Untersuchungsanforderungen auf SARS-CoV-2 konnte als Grund für den Rückgang an Einsendungen durch selektive Befragung von Einsendenden an das NRZ Salm weitestgehend ausgeschlossen werden.

Auch wenn eine geringere Zahl an Erkrankungsfällen bzw. Einsendungen zu verzeichnen war, konnte am NRZ Salm die IMS der in dieser Arbeit vorgestellten Erreger erfolgreich fortgeführt und ausgebaut werden. Trotz ähnlicher Bearbeitungsansätze (z. B. Analyse mittels spezifischer cgMLST-Schemata) kann es für die genom-basierte Analyse der verschiedenen Erreger kein universelles Vorgehen geben. So müssen sich aufgrund der unterschiedlichen Erreger-eigenschaften zum Beispiel die spezifischen Clusterdefinitionen und Ausschlusskriterien unterscheiden.

Für die Anwendung der IMS zur prospektiven Detektion von Erkrankungshäufungen ist die Gewinnung von Isolaten aus Primärproben entscheidend. Diese sollten zeitnah zur Weiterverarbeitung (Genomsequenzierung) an Speziallabore wie das NRZ Salm weitergeleitet werden. Wir bedanken uns an dieser Stelle bei allen aktiven Einsendenden der Primärdiagnostik für die kontinuierliche Unterstützung dieser Arbeit. Gleichzeitig möchten wir weitere Interessierte ermuntern, eine flächendeckende molekulare Surveillance durch ihre Beteiligung zu ermöglichen und bitten um Kontaktaufnahme (s. u.).

Am Nationalen Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger (NRZ Salm) und dem Konsiliarlabor für Listerien (KL *Listeria*) im Fachgebiet Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen am Robert Koch-Institut (RKI) wird ein großes Erregerspektrum analysiert. Im Mittelpunkt stehen die Feintypisierung und molekulare Surveillance von *Salmonella enterica* (incl. *S. Typhi* und *S. Paratyphi*), den humanpathogenen Varianten von *Escherichia coli* (im Fokus enterohämorrhagische Shigatoxin-produzierende *E. coli* = EHEC/STEC), *Listeria monocytogenes*, *Shigella (flexneri* und *sonnei*), *Yersinia (enterocolitica, pseudotuberculosis)* sowie *Campylobacter (jejuni, coli)*. Es werden Isolat-Einsendungen von Laboren der Primärdiagnostik und Landeslaboren subtypisiert und es wurden Diagnostik- und Surveillance-Netzwerke (z. B. Netzwerk „Molekulare Surveillance von EHEC-Infektionen in Deutschland“) aufgebaut, um eine flächendeckende und repräsentative Abdeckung der Erregervielfalt zu gewährleisten und effektive Ausbruchsdetektion zu ermöglichen.

Literatur

- 1 Buchholz U, Buda S, Prahm K: Abrupter Rückgang der Raten an Atemwegserkrankungen in der deutschen Bevölkerung. *Epid Bull* 2020;16:7-9.
- 2 Schranz M, Ullrich A, Rexroth U, Hamouda O, Schaade L, Diercke M, Boender S: 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.
- 3 Krings A, Steffen G, Germershausen C, Zimmermann R: Auswirkungen der COVID-19-Krise auf Präventionsangebote zu durch Blut und sexuell übertragenen Infektionen bei Drogengebrauchenden. *Epid Bull* 2020;42:3-9.
- 4 Hardt W. COVID-19: Honorarrückgang im privatärztlichen Bereich. *Dtsch Dermatolog*. 2020;68(7):486–7. German. DOI: 10.1007/s15011-020-3240-8. Epub 2020 Jul 15. PMID: PMC7338287.
- 5 <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1102965>
- 6 <https://www.fruchthandel.de>
- 7 <https://www.cash.at/handel/news/ama-marketing-bio-austria-corona-befluegelt-den-bio-boom-23349>
- 8 https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/_Ernaehrung/forsa-ernaehrungsreport-2020-tabellen-corona.pdf?__blob=publicationFile&v=2
- 9 Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten. *Epid Bull* 2021;1:26-28.

- 10 RKI-Ratgeber EHEC-Erkrankung (https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_EHEC.html#doc2374530bodyText6).
- 11 Robert Koch-Institut: Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) Salmonella Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan. *Epid Bull* 2019;30: 285.
- 12 Lang C, Hiller M, Konrad R, Fruth A, Flieger A. Whole-Genome-Based Public Health Surveillance of Less Common Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Serovars and Untypeable Strains Identifies Four Novel O Genotypes. *J Clin Microbiol*. 2019 July 57:e00768-19. doi: 10.1128/JCM.00768-19.
- 13 Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S, Hyden P, Pietzka A, Huhulescu S, Lohr D, Schönberger K, Aichinger E, Hauri A, Stark K, Vygen S, Tietze E, Allerberger F, Wilking H. Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015. *Euro Surveill*. 2015;20(50). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30094. PMID: 26691727.
- 14 Halbedel S, Prager R, Fuchs S, Trost E, Werner G, Flieger A. Whole-Genome Sequencing of Recent *Listeria monocytogenes* Isolates from Germany Reveals Population Structure and Disease Clusters. *J Clin Microbiol*. 2018 May 25;56(6):e00119-18. DOI: 10.1128/JCM.00119-18.
- 15 Bundesinstitut für Risikobewertung, Robert Koch-Institut (Flieger A, Halbedel S, Holzer A, Lachmann R, Stark K, Wilking H): Mehrere Listeriose-Ausbrüche in Deutschland mit Hinweisen auf geräucherte oder gebeizte Lachsprodukte als Ursache von Infektionen. *Epid Bull* 2021;3:3-9.
- 16 RKI-Ratgeber Shigellose: https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Shigellose.html
- 17 Friesema IH, Schotsborg M, Heck ME, Van Pelt W. Risk factors for sporadic Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157 and non-O157 illness in The Netherlands, 2008-2012, using periodically surveyed controls. *Epidemiol Infect*. 2015 May;143(7):1360-7. DOI: 10.1017/S0950268814002349. Epub 2014 Sep 8. PMID: 25195737.
- 18 Schlager S, Lepuschitz S, Ruppitsch W, Ableitner O, Pietzka A, Neubauer S, Stöger A, Lassnig H, Mikula C, Springer B, Allerberger F. Petting zoos as sources of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) infections. *Int J Med Microbiol*. 2018 Oct; 308(7):927-932. DOI: 10.1016/j.ijmm.2018.06.008. Epub 2018 Jun 27. PMID: 30257809.
- 19 Karmali MA. Factors in the emergence of serious human infections associated with highly pathogenic strains of shiga toxin-producing *Escherichia coli*. *Int J Med Microbiol*. 2018 Dec; 308(8):1067-1072. DOI: 10.1016/j.ijmm.2018.08.005. Epub 2018 Aug 19. PMID: 30146439
- 20 ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EFSA (European Food Safety Authority), Van Walle I, Guerra B, Borges V, Carrico JA, Cochrane G, Dallman T, Franz E, Karpíšková R, Litrup E, Mistou M-Y, Morabito S, Mossong J, Alm E, Barrucci F, Bianchi C, Costa G, Kotila S, Mangone I, Palm D, Pasinato L, Revez J, Struelens M, Thomas-López D and Rizzi V, 2019. EFSA and ECDC technical report on the collection and analysis of whole genome sequencing data from food-borne pathogens and other relevant microorganisms isolated from human, animal, food, feed and food/feed-environmental samples in the joint ECDC – EFSA molecular typing database. EFSA supporting publication 2019:EN-1337. 92 pp. DOI:10.2903/sp.efsa.2019.EN-1337

Autorinnen und Autoren

Dr. Angelika Fruth | Dr. Sandra Simon |
PD Dr. Sven Halbedel | Dr. Sangeeta Banerji |
Prof. Dr. Antje Flieger

Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten,
FG 11 Bakterielle darmpathogene Erreger und
Legionellen

Korrespondenz: FruthA@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Fruth A, Simon S, Halbedel S, Banerji S, Flieger A:
COVID-19-Pandemie führte zu starkem Rückgang
von darmpathogenen Erregern – Ergebnisse der
integrierten molekularen Surveillance

Epid Bull 2023;5:3-9 | DOI 10.25646/11001

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren geben an, dass kein
Interessenkonflikt vorliegt.