

Analyse der Datenqualität nach Einführung der elektronischen Erregernachweismeldung über DEMIS

Einleitung

Das Infektionsschutzgesetz (IfSG) in Deutschland hat den Zweck, übertragbare Krankheiten beim Menschen vorzubeugen, Infektionen frühzeitig zu erkennen und ihre Weiterverbreitung zu verhindern. Es regelt die Zusammenarbeit zwischen Behörden und Beteiligten, unter anderem auch die Meldepflicht für bestimmte Erregernachweise gemäß § 7 IfSG und die Art der Meldung, nämlich elektronisch gemäß § 14 IfSG.

Meldungen über den Nachweis der in § 7 Abs. 1 IfSG gelisteten Erreger (Erregernachweismeldungen), z. B. Masern oder SARS-CoV-2, erfolgen namentlich an das zuständige Gesundheitsamt. Die eingegangenen Daten werden gegebenenfalls durch das Gesundheitsamt vervollständigt, gemäß § 11 IfSG zu einem Fall zusammengeführt, anhand der Falldefinition bewertet und über die zuständigen Landesbehörden nichtnamentlich an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt.

Alle Erregernachweismeldungen sollen seit dem 1.1.2022 gemäß § 14 Abs. 8 IfSG elektronisch über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) erfolgen. Dieses stellt eine Weiterentwicklung des existierenden Meldesystems dar. Das RKI erhält pseudonymisierte Kopien der einzelnen Meldevorgänge (s. auch Ausführungen im nächsten Absatz), in denen die Angaben zur betroffenen Person bis auf Geburtsmonat und -jahr, das Geschlecht sowie die ersten drei Ziffern der Postleitzahl entfernt wurden. Diese Kopien der Meldevorgänge können zu Zwecken der Qualitätsüberprüfung, z. B. der hier vorliegenden Analyse, ob elektronische zusammengehörige Meldevorgänge zu mehreren Fällen angelegt wurden, analysiert werden (§ 14 Abs. 4 IfSG).

Die Einführung automatisierter, elektronischer Meldungen von Infektionskrankheiten mit den notwendigen technischen Standardisierungen ist insbesondere in großen Ländern und bei dezentraler Organisation des Gesundheitssystems herausfordernd.¹

Elektronische Erregernachweismeldungen via DEMIS können komplex sein: Beispielsweise sind für den Nachweis eines Erregers mindestens eine, häufig aber auch mehrere diagnostische Methoden notwendig. Jedes Einzelergebnis kann dabei von der Meldepflicht betroffen sein. Mehrere Ergebnisse können in DEMIS in einem Meldevorgang zusammengefasst werden oder, abhängig von der Durchführung, einzeln oder zu einem späteren Zeitpunkt als eigener Meldevorgang gemeldet werden. Eine Meldung aus einem Labor kann sich daher über mehrere Meldevorgänge erstrecken. Zudem kann es für einen Fall auch mehrere Meldungen geben (und damit weitere Meldevorgänge), wenn z. B. zwei Labore zum gleichen Fall Untersuchungen durchführen und melden oder ein Arzt bzw. eine Ärztin ebenfalls eine Diagnose meldet. Da das Gesundheitsamt, an das die Meldung adressiert wird, auf Basis des derzeitigen Aufenthaltsorts der betroffenen Person ermittelt wird, können unvollständige Angaben oder Änderungen im Aufenthaltsort gegebenenfalls zur Meldung eigentlich zusammengehöriger Meldevorgänge an unterschiedliche Gesundheitsämter und nachfolgend möglicherweise zu irrtümlichen Mehrfachanlegungen von Fällen führen.² Es ist darüber hinaus zu erwarten, dass auch im Meldejahr 2022 noch Meldungen aus Laboren papierbasiert per Fax erfolgten, da eine Umstellung auf die elektronische Meldung beziehungsweise Anbindung an DEMIS nicht für alle Labore flächendeckend zum Stichtag möglich war. Das Ziel unserer Analyse war, zu untersuchen, inwieweit die Einführung der elektronischen Labormeldung die Qualität der Meldedaten im Jahr 2022 beeinflusst hat. Folgende Aspekte sollen dabei näher untersucht werden: die Bestimmung des Anteils der übermittelten Fälle, die auf mindestens einer DEMIS-Labormeldung basieren; der Anteil zusammengehöriger DEMIS-Labormeldungen bzw. -Meldevorgänge, welcher zu übermittelten Fällen wurde; das Ausmaß möglicher Mehrfachanlegungen von Fällen, die auf einer über DEMIS erfolgten Meldung basieren, sowie die Charakteristika (z. B. Median, Geburtsjahr) der zu einem Fall gehörigen Meldevorgänge.

Methode

Untersuchte Meldetatbestände

Zur Analyse wurden die meldepflichtigen Nachweise von sechs Erregern (= Meldetatbestände) anhand ihrer Häufigkeit und diagnostischen Komplexität ausgewählt, um eine Bandbreite von Meldeszenarien abzudecken: Masernvirus (MSVP), humanpathogene *Leptospira sp.* (LEPP), *Legionella sp.* (LEGP), Rotavirus (RTVP), *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*) (SALP) und *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex (MYTP). Die Auswahl nach Häufigkeit erfolgte auf der Basis der an das RKI übermittelten Fälle gemäß Referenzdefinition im präpandemischen Jahr 2019.³ MSVP und LEPP wurden im Jahr 2019 selten gemeldet, LEGP wurden gelegentlich und RTVP sowie SALP wurden häufig gemeldet. MYTP wurde gelegentlich gemeldet und weist eine komplexe Diagnostik mit mehreren diagnostischen Methoden auf.

Datensätze

Analysiert wurden alle im Jahr 2022 gemäß § 7 Abs. 1 IfSG gemeldeten Erregernachweise anhand der nach § 14 Abs. 4 bzw. 5 IfSG an das RKI übermittelten pseudonymisierten Kopien dieser DEMIS-Labormeldevorgänge (nachfolgend als Meldevorgänge bezeichnet) für oben genannte Meldetatbestände (DEMIS-Daten). Zudem wurden alle im Jahr 2022 an das RKI übermittelten Fälle derselben Meldetatbestände, die eine Meldung gemäß § 7 Abs. 1 IfSG enthalten (SurvNet-Daten), ausgewertet. Fälle in den SurvNet-Daten können eingeteilt werden in aktive und inaktive Fälle sowie in solche, die die Referenzdefinition erfüllen und nicht erfüllen. Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden nur aktive, die Referenzdefinition erfüllende Fälle veröffentlicht.³ Inaktive Fälle sind dabei Fälle, die vom Gesundheitsamt zurückgezogen wurden, z. B. aufgrund von Mehrfachanlegung.

Im Rahmen dieser Analyse wurden zuerst alle übermittelten Fälle inkludiert, einschließlich der inaktiven, nicht die Referenzdefinition erfüllenden Fälle. Dies diente zur umfassenden Untersuchung der Datenqualität nach der Einführung der elektronischen Meldung. Die Untersuchung der Mehrfachanlegung von Fällen berücksichtigte nur die aktiven Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

DEMIS-Identifikationsnummern

Jeder **Meldevorgang**, also jede einzelne Nachricht eines Labors an DEMIS, hat eine eindeutige Identifikationsnummer, die **Meldevorgangsnummer** (*RelatedNotificationBundle*). Eine Meldung kann sich dabei über mehrere Meldevorgänge verteilen und enthält meldepflichtige Informationen zu einem Fall. Auch jede **Meldung** wird durch eine eigene **Meldungs-Identifikationsnummer** (*CompositionNotificationId*) gekennzeichnet. Zu einer Meldung gehörige Meldevorgänge haben somit dieselbe Meldungs-Identifikationsnummer, jedoch unterschiedliche Meldevorgangsnummern. Ein Fall kann auf mehr als nur einer Meldung basieren – beispielsweise, wenn zum gleichen Fall in verschiedenen Laboren Diagnostiken durchgeführt werden. In diesem Fall hat die Meldung des zweiten Labors eine andere Meldungs-Identifikationsnummer, jedoch sollte sie auch einen Verweis auf die Meldungs-Identifikationsnummer der Erstmeldung (*CompositionRelatesToNotificationId*) aus dem anderen Labor enthalten. Wie und wann die verschiedenen Identifikationsnummern genau verwendet werden sollen, beschreibt das DEMIS-Lifecyclemanagement.⁴

Software

In den verschiedenen Gesundheitsämtern werden zur Verarbeitung der elektronischen Meldungen bzw. Meldevorgänge und für das Anlegen von Fällen verschiedene Softwareprodukte verwendet. Eine der **DEMIS-Identifikationsnummern** sollte dabei durch die Software übernommen werden und der Fall in den SurvNet-Daten einen entsprechenden Eintrag in der Variable *GuidRecordNotification* erhalten. Es gibt keinen Eintrag, wenn der Meldevorgang papierbasiert als Fax erfolgte. Die Übernahme der DEMIS-Identifikationsnummer aus der elektronischen Meldung wurde erst im Laufe des Jahres 2022 eingeführt, ist von den verschiedenen Softwareprodukten zu unterschiedlichen Zeitpunkten umgesetzt worden und damit nur versionsabhängig verfügbar. Daher kann es vorkommen, dass in den für diese Analyse verwendeten SurvNet-Daten nicht alle auf elektronischen Meldungen basierenden Fälle einen Eintrag in der Variable *GuidRecordNotification* enthalten. Für Teile der Auswertung wurden daher nur Fälle berücksichtigt, die mit einer Softwareversion erfasst wurden, die fähig war, die DEMIS-Identifikationsnummern zu übernehmen (nachfolgend

als ID-fähige Software bezeichnet). Diese wurde als jene Version ermittelt, ab welcher zum ersten Mal eine der DEMIS-Identifikationsnummern übernommen und an das RKI übermittelt wurde.

Clusterbildung zusammengehöriger Meldevorgänge

Ein Fall kann auf mehreren Meldungen basieren und eine Meldung auf mehreren Meldevorgängen. Theoretisch kann aus jedem Meldevorgang ein einzelner Fall angelegt werden, wenn die Zusammengehörigkeit nicht erkannt wurde. Zusammengehörige Meldevorgänge werden im Rahmen dieser Analyse anhand des enthaltenen Pseudonyms zusammengefasst und als Cluster bezeichnet. Ein Cluster umfasst alle zu einem Fall vorhandenen DEMIS-Daten. Damit lässt sich untersuchen, ob es zu Mehrfachanlegungen von Fällen gekommen ist.

Jeder Meldevorgang enthält das Pseudonym der betroffenen Person. Dieses wird mittels kryptografischer Verfahren aus den Angaben zum Namen, Geburtsdatum und dem Meldetatbestand (in dieser Untersuchung sechs ausgewählte Erreger) erstellt und ändert sich alle 45 Tage. In einem Meldevorgang wird jeweils das alte und das neue Pseudonym angegeben, sodass zusammengehörige Meldevorgänge, die über einen Zeitraum von 90 Tagen gemeldet werden, anhand der Ähnlichkeit der Pseudonyme zusammengeführt werden können. Um ein solches Cluster von Meldevorgängen zu bilden, wurden Dice-Koeffizienten für die Ähnlichkeit der Pseudonyme berechnet und für die Zusammenführung ein Schwellenwert von 0,6 gewählt.^{5,6}

Zusammenführung der Datensätze

Um zu analysieren, ob ein Cluster zu einem oder mehreren Fällen angelegt wurde oder ob ein Fall eine DEMIS-Meldung und nicht ein Fax als Grundlage hatte, wurden die beiden Datensätze zusammengeführt. Dies erfolgte anhand der DEMIS-Identifikationsnummern aus dem Meldevorgang (siehe Abschnitt DEMIS-Identifikationsnummern) und der *GuidRecordNotification*-Variable aus dem Fall (siehe Abschnitt Software).

Analyse

Folgende Parameter wurden untersucht bzw. Auswertungen durchgeführt:

Cluster (alle zusammengehörigen DEMIS-Meldevorgänge pro Fall)

- ▶ Anzahl und Größenverteilung der Cluster je Meldetatbestand
- ▶ Individuelle Überprüfung sehr großer Cluster (Fall mit sehr vielen Meldevorgängen) nach meldendem Labor und Meldezeitpunkt
- ▶ Konsistenz der Cluster hinsichtlich einheitlichem Geburtsmonat und -jahr sowie Geschlecht
- ▶ Anteil der Cluster je Meldetatbestand, welcher an das RKI übermittelte Fälle zugeordnet werden konnten
- ▶ Anzahl und Anteil der Cluster je Anzahl der Fälle, denen sie zugeordnet werden konnten

Übermittelte Fälle

- ▶ Anzahl der übermittelten Fälle je Meldetatbestand sowie Anzahl derer, die mit einer Software gemeldet wurden, welche eine Identifikationsnummer der DEMIS-Meldung übermitteln konnte
- ▶ Anteil der Fälle je Meldetatbestand, welchen mindestens ein Cluster zugeordnet werden konnte
- ▶ Anteil der Fälle je Meldetatbestand, welchen mindestens ein Cluster zugeordnet werden konnte bezogen auf alle Fälle, die mit einer ID-fähigen Software übermittelt wurden

Die Analysen wurden mit der Software R (Version 4.1.3) durchgeführt.

Datenschutz

Diese Analyse basiert ausschließlich auf pseudonymisierten Daten, welche dem RKI gemäß IfSG übermittelt wurden.

Ergebnisse

Beschreibung der Anzahl von übermittelten Fällen, DEMIS-Meldevorgängen und Clustern

Im Jahr 2022 wurden knapp 39.000 Fälle in den Kategorien der Meldetatbestände LEGP, LEPP, MSVP, MYTP, RTVP und SALP an das RKI übermittelt. Im gleichen Zeitraum wurden ungefähr 38.500 Erregernachweise zu diesen Kategorien als DEMIS-Meldevorgänge an die Gesundheitsämter

gemeldet, die sich anhand der Ähnlichkeit der Pseudonyme zu etwas mehr als 19.000 Clustern bündeln ließen (s. Tab.1). Für die Meldetatbestände LEGP, LEPP und RTVP wurden mehr Fälle übermittelt als DEMIS-Meldevorgänge gemeldet wurden. Für MSVP, MYTP und SALP waren es weniger übermittelte Fälle pro Meldevorgang. Bei MSVP gab

es anders als bei den anderen fünf Meldetatbeständen mehr gemeldete Cluster als übermittelte Fälle.

Abbildung 1 zeigt die Anzahl der übermittelten Fälle, DEMIS-Meldevorgänge sowie DEMIS-Cluster aus Tabelle 1 für die Meldetatbestände MYTP, RTVP und SALP im Verlauf des Jahres 2022. Für MYTP

	SurvNet-Daten	DEMIS-Daten	
	N Fälle	N Meldevorgänge	N Cluster
LEGP	1.697	1.040	830
LEPP	193	173	130
MSVP	137	198	174
MYTP	2.806	11.932	2.188
RTVP	23.359	11.409	9.488
SALP	10.727	13.787	6.241
Gesamt	38.919	38.539	19.051

Tab. 1 | Anzahl der übermittelten Fälle, DEMIS-Meldevorgänge und DEMIS-Cluster, 2022

LEGP = *Legionella sp.*; LEPP = humanpathogene *Leptospira sp.*; MSVP = Masernvirus; MYTP = *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex; RTVP = Rotavirus; SALP = *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*)

Anzahl

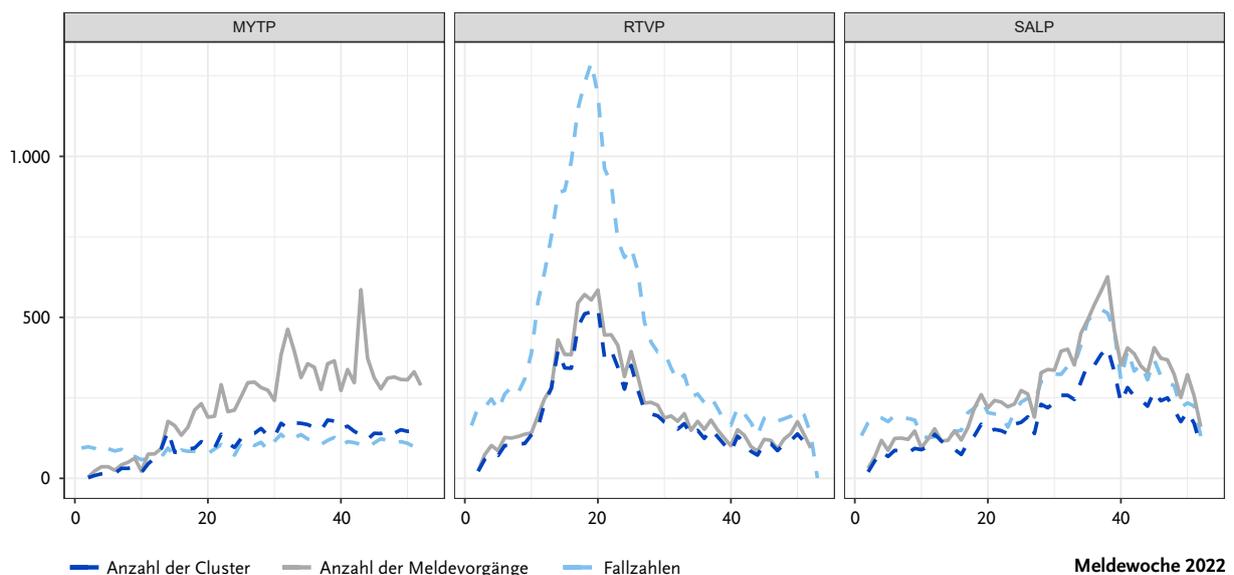


Abb. 1 | Verteilung der Fälle, Meldevorgänge und Cluster im Verlauf des Jahres 2022 für die Meldetatbestände *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex (MYTP), Rotavirus (RTVP) und *Salmonella* (SALP)*

* Aufgrund der geringen Anzahl übermittelter Fälle für die Meldetatbestände MSVP, LEGP und LEPP werden die Abbildungen hier nicht präsentiert.

	N Cluster	Clustergröße (N Meldevorgänge)		Konsistenz (%)	
		Spannweite	Median	Geburtsmonat und Jahr	Geschlecht
LEGP	830	1–6	1	99,8	99,9
LEPP	130	1–6	1	99,2	100,0
MSVP	174	1–6	1	100,0	100,0
MYTP	2.188	1–435	2	99,6	99,3
RTVP	9.488	1–14	1	99,3	99,9
SALP	6.241	1–30	2	99,5	99,8

Tab. 2 | Anzahl, Größe und Konsistenz bezüglich der Angaben zu Geburtsmonat und -jahr sowie Geschlecht der DEMIS-Cluster je Meldetatbestand, 2022

LEGP = *Legionella* sp.; LEPP = humanpathogene *Leptospira* sp.; MSVP = Masernvirus; MYTP = *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex; RTVP = Rotavirus; SALP = *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*)

stieg die Anzahl der Meldevorgänge im Jahresverlauf und lag deutlich über der Anzahl der Cluster und der übermittelten Fälle, die im Jahresverlauf annähernd konstant ist. Für RTVP lag sowohl der Höchstwert der Meldevorgänge als auch der der Cluster und der übermittelten Fälle in Meldewoche (MW) 20. Mit 1.250 war die Anzahl der übermittelten Fälle in dieser MW fast dreimal so hoch wie die Anzahl der Meldevorgänge und Cluster, die beide bei etwa 500 lagen. Für SALP wurden vergleichbar viele Fälle und Meldevorgänge übermittelt bzw. gemeldet. Das Maximum wurde in MW 38 bei einer Anzahl von ungefähr 500 erreicht. Der Verlauf der gemeldeten Cluster war vergleichbar, die Anzahl lag

aber etwas unter jener der Fälle und Meldevorgänge mit einem Maximum von ungefähr 350 in MW 38.

DEMIS-Meldevorgänge und Cluster

Beschreibung der Cluster

Die Anzahl der gebildeten Cluster variierte zwischen den untersuchten Meldetatbeständen und reichte von 130 (LEPP) bis 9.488 (RTVP). Unterschiede zwischen den Meldetatbeständen zeigten sich auch hinsichtlich der Anzahl der zu einem Cluster zusammengesetzten Meldevorgänge: Bei drei Meldetatbeständen (LEGP, LEPP, MSVP) wiesen die Cluster eine maximale Größe von sechs Meldevorgängen

	N Cluster	N zu allen Fällen zuordenbare Cluster	N zu aktiven + RD* Fällen zuordenbare Cluster	N davon zu 1 Fall zuordenbare Cluster	N davon zu 2 Fällen zuordenbare Cluster
LEGP	830	483 (58 %)	376 (45 %)	375 (99,7 %)	1 (0,3 %)
LEPP	130	72 (55 %)	48 (37 %)	48 (100 %)	0 (0,0 %)
MSVP	174	52 (30 %)	3 (2 %)	3 (100 %)	0 (0,0 %)
MYTP	2.188	882 (40 %)	788 (36 %)	784 (99,5 %)	4 (0,5 %)
RTVP	9.488	5.459 (58 %)	4400 (46 %)	4.370 (99,3 %)	30 (0,7 %)
SALP	6.241	3.605 (58 %)	2871 (46 %)	2.844 (99,1 %)	27 (0,9 %)

Tab. 3 | Anzahl der DEMIS-Cluster sowie Anzahl und Anteil (%) der zu übermittelten Fällen zuordenbaren DEMIS-Cluster je Meldetatbestand und Einteilung der Fälle in „alle“ und „aktiv und Referenzdefinition erfüllend (RD)“; sowie die Anzahl der DEMIS-Cluster die einem oder zwei aktiven, die Referenzdefinition erfüllenden Fällen zugeordnet werden können, 2022

* Referenzdefinition erfüllend

LEGP = *Legionella* sp.; LEPP = humanpathogene *Leptospira* sp.; MSVP = Masernvirus; MYTP = *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex; RTVP = Rotavirus; SALP = *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*)

	N Fälle	N Fälle ID-fähige Software	davon N mit elektronischer Meldung
LEGP	1.697	1.405 (83 %)	481 (34 %)
LEPP	193	161 (83 %)	69 (43 %)
MSVP	137	119 (87 %)	51 (43 %)
MYTP	2.806	1.897 (68 %)	756 (40 %)
RTVP	23.359	19.259 (82 %)	5.444 (28 %)
SALP	10.727	8.659 (81 %)	3.517 (41 %)

Tab. 4 | Anzahl der übermittelten Fälle sowie der übermittelten Fälle, die mit einer ID-fähigen Software angelegt wurden, und jeweiliger Anteil, der DEMIS-Clustern zugeordnet werden konnte, je Meldetatbestand, 2022

LEGP = *Legionella* sp.; LEPP = humanpathogene *Leptospira* sp.; MSVP = Masernvirus; MYTP = *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex; RTVP = Rotavirus; SALP = *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*)

gen auf, wohingegen aus bis zu 435 Meldevorgängen bestehende MYTP-Cluster vorhanden waren. Die Mittelwerte und Mediane der Clustergrößen aller untersuchten Meldetatbestände lagen deutlich darunter und reichten von 1,1 (MSVP) bis 5,5 (MYTP) bzw. ein bis zwei Meldevorgängen pro Cluster. Die erstellten Cluster wiesen über alle Meldetatbestände hinweg eine sehr hohe Konsistenz von 98,9 % bis 100 % hinsichtlich Geburtsmonat und -jahr sowie Geschlecht auf (s. Tab. 2).

Individuelle Analyse sehr großer Cluster

Sehr große MYTP-Cluster wurden individuell genauer hinsichtlich deren Ursache analysiert, indem die Anzahl der Meldevorgänge je meldendem Labor nach Tag der Meldung untersucht wurde. Dabei zeigte sich, dass in zwei Laboren (A und B) MYTP-Meldungen zu einer Person mit dem gleichen Ergebnis vom Laborinformationssystem vielfach innerhalb von zwei bis sechs Tagen erfolgten. Dabei handelte es sich im Labor A um insgesamt 430 Meldevorgänge mit gleichem Meldeinhalt und Personendaten (drei Ziffern der Postleitzahl, Geburtsmonat und -jahr), im Labor B um insgesamt 135 Meldevorgänge mit gleichem Meldeinhalt und gleichen Personendaten.

Zuordenbarkeit der Cluster zu übermittelten Fällen

Zwischen den untersuchten Meldetatbeständen zeigten sich Unterschiede hinsichtlich des Anteils der Cluster, welcher über eine DEMIS-Identifikationsnummer übermittelten Fällen zugeordnet

werden konnte: Über das Meldejahr 2022 hinweg reichte dieser von 30 % (MSVP) bis 58 % (LEGP, RTVP, SALP) (s. Tab. 3). Tabelle 3 zeigt darüber hinaus, wie vielen aktiven Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, die Cluster zugeordnet werden konnten. Der Anteil der genau einem übermittelten Fall zugeordneten Cluster reichte von 99 % (SALP) bis 100 % (LEPP, MSVP). Kein Cluster wurde mehr als zwei übermittelten Fällen zugeordnet.

Übermittelte Fälle

Die Anzahl der im Meldejahr 2022 übermittelten Fälle variierte zwischen den untersuchten Meldetatbeständen und reichte von 137 (MSVP) bis 23.359 (RTVP). Von diesen Fällen wurden wiederum zwischen 68 % (MYTP) und 87 % (MSVP) mit einer ID-fähigen Software übermittelt. Das bedeutet, es ist technisch möglich, bei diesen Fällen die Meldung auf eine gegebenenfalls erfolgte elektronische Meldung zurückzuführen. Der Anteil der mit einer ID-fähigen Software angelegten Fälle, die auf einer elektronischen Meldung basieren (vs. z. B. Fax-Meldung), lag zwischen 28 % (RTVP) und 43 % (LEPP) (s. Tab. 4).

Im Jahresverlauf 2022 betrachtet war über alle Meldetatbestände hinweg eine Zunahme des Anteils der Fälle, die DEMIS-Clustern zugeordnet werden konnten und somit auf einer elektronischen Meldung basieren, erkennbar. Gegen Ende des Jahres flachte sich dieser Trend bei SALP und MYTP ab bzw. war bei MYTP rückläufig (s. Abb. 2).

Anteil elektronisch gemeldet (%)

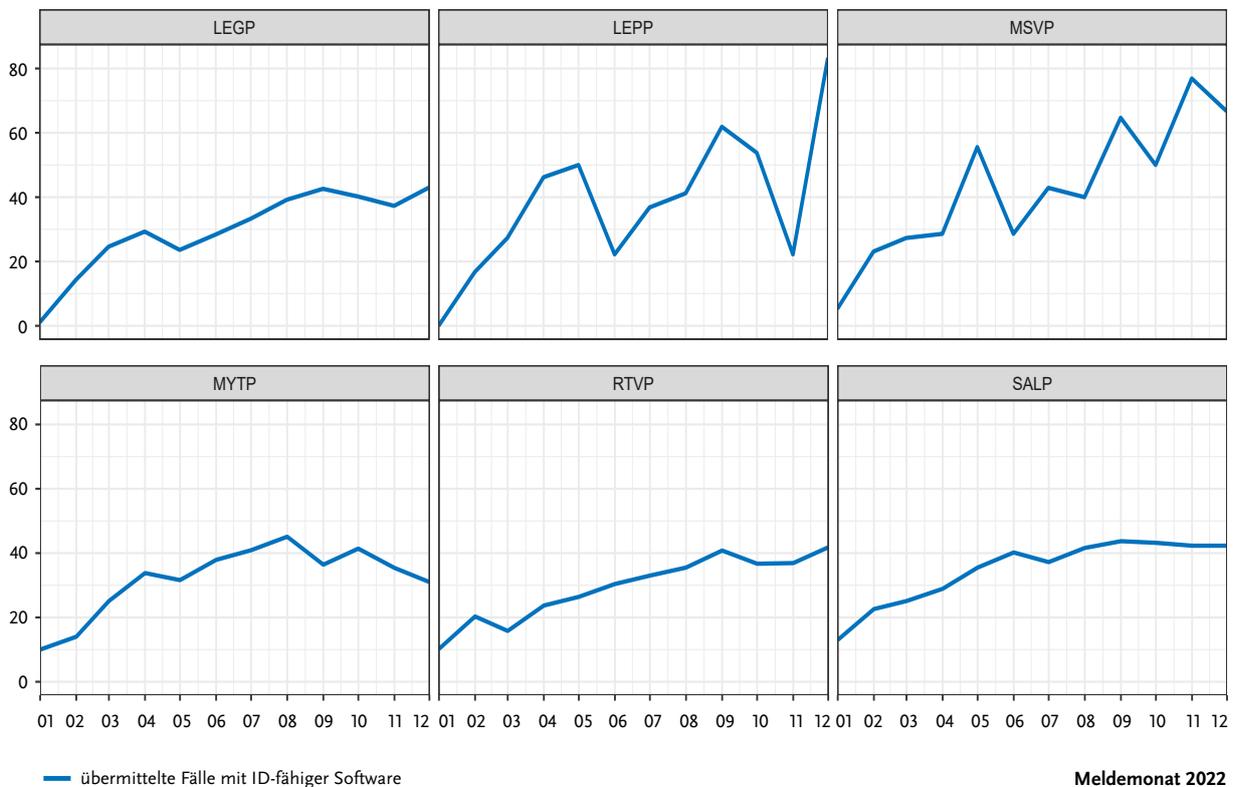


Abb. 2 | Monatliche Anteile übermittelter Fälle, die auf einer elektronischen Meldung basieren an Fällen, die mit ID-fähigen Softwares angelegt wurden, je Meldetatbestand, 2022

LEGP = *Legionella* sp.; LEPP = humanpathogene *Leptospira* sp.; MSVP = Masernvirus; MYTP = *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex; RTVP = Rotavirus; SALP = *Salmonella* (außer *S. Typhi* und *S. Paratyphi*)

Diskussion

Die Ergebnisse zeigen, dass das Zusammenspiel aus einzelnen Meldevorgängen, Clustern zusammengehöriger Meldevorgänge und Fällen sich je Meldetatbestand verschieden darstellt. Komplexe diagnostische Abläufe wie bei Tuberkulose (MYTP) zeigen sich in einer Vielzahl zusammengehöriger Meldevorgänge, welche sich in einem Cluster und Fall abbilden. Demgegenüber steht die Beobachtung bei Rotavirus (RTVP), dass eine ähnliche Anzahl von Clustern und Meldevorgängen vorliegen, aber bei weitaus mehr Fällen. Dies zeigt, dass bei RTVP in der Regel ein einzelnes diagnostisches Ergebnis genügt und ein Cluster somit in der Regel nur aus einem Meldevorgang besteht. Dass mehr RTVP-Fälle übermittelt als Cluster gemeldet wurden, könnte auf die unzureichende Umsetzung der elektronischen Meldung dieses Meldetatbestandes

in der ersten Jahreshälfte 2022 hindeuten. Hier fällt die Saisonalität der auftretenden RTVP-Fälle mit dem zögerlichen Beginn der Umsetzung der elektronischen Meldung zusammen. Es ist anzunehmen, dass ein großer Teil der RTVP-Meldungen in der ersten Jahreshälfte 2022 noch per Fax an die Gesundheitsämter erfolgte.

Bei Salmonellose (SALP) wiederum war eine vergleichbar hohe Anzahl von Meldevorgängen wie von Fällen zu beobachten, jedoch eine geringere Anzahl von Clustern. Dies lässt sich durch eine durchschnittliche Clustergröße von zwei erklären, das heißt zwei Meldevorgänge führen zu einem Cluster und werden zu einem Fall, in Kombination mit der auch hier noch unzureichenden Umsetzung der elektronischen Meldung. Zu papierbasierten Meldungen an die Gesundheitsämter liegen dem RKI

keine Informationen, wie z. B. die Anzahl vor, sodass diese nicht in die Analysen eingeschlossen werden konnten. Werden wie beispielsweise beim Meldetatbestand MSVP einzelne IgG-Nachweise gemeldet, die alleine nicht ausreichen um einen Hinweis auf eine akute Infektion festzustellen, führt dies dazu, dass mehr Cluster als Fälle vorliegen, da mit einem Einzelnachweis kein Fall angelegt wird. Zudem besteht für den Meldetatbestand MSVP zwar eine Meldepflicht für den direkten und indirekten Erregernachweis, um die Referenzdefinition zu erfüllen, muss aber bei alleinigen serologischen Nachweisen auch ein spezifisches klinisches Bild vorliegen.⁷ Dies könnte erklären, warum bei insgesamt 197 übermittelten Masern-Fällen nur drei Fälle, die aktiv sind und die Referenzdefinition erfüllen, auf Basis einer DEMIS-Meldung angelegt wurden.

Unsere Resultate legen zudem nahe, dass der von uns gewählte Schwellenwert zur Bestimmung der Ähnlichkeiten der Pseudonyme und damit zur Zusammenführung zusammengehöriger DEMIS-Meldevorgänge nicht zu niedrig angesetzt wurde: 98,9 % aller Cluster sind in sich konsistent hinsichtlich Geburtsmonat und -jahr, was dafür spricht, dass in der überwiegenden Mehrheit keine Meldevorgänge zusammengeführt wurden, welche sich auf mehr als eine Person beziehen. Hinsichtlich der Anzahl der Meldevorgänge pro Cluster zeigen die berechneten Mediane und Mittelwerte durchaus erwartbare Ergebnisse im Hinblick auf die Komplexität der entsprechenden Diagnostik mit Maximalwerten von zwei beziehungsweise 5,5 Meldevorgängen. Auffällig große Cluster lassen sich möglicherweise durch eine fehlerhafte Implementierung der DEMIS-Schnittstelle in einzelnen Laboren erklären, die sich durch Vielfachmeldung desselben Ergebnisses äußerten. Beim beschriebenen MYTP-Cluster mit 435 Meldevorgängen wurden dem entsprechenden übermittelten Fall nur acht unterschiedliche Meldevorgänge zugeordnet, was für die gute Qualität der manuellen Verarbeitung der eingehenden DEMIS-Meldungen in den Gesundheitsämtern spricht. Dies wird weiter gestützt durch den sehr geringen Anteil aller zuordenbaren Cluster, die mehr als einem übermittelten, aktiven, die Referenzdefinition erfüllenden Fall zugeordnet wurden. Die genannten Ausführungen sprechen gegen eine Häufung von irr-

tümlich mehrfach erstellten und übermittelten Fällen aufgrund der Einführung der elektronischen Labormeldung im Jahr 2022.

Der Anteil der Cluster, welcher übermittelten Fällen zugeordnet werden konnte, liegt mit einem maximalen Jahresdurchschnitt von 58 % (LEGP, RTVP, SALP) unter unseren Erwartungen. Der niedrige Anteil zuordenbarer Cluster kann einerseits dadurch bedingt sein, dass nicht allen Fällen, die auf einer elektronischen Meldung beruhen, eine DEMIS-Identifikationsnummer anhängt. Bis zu 33 % der Fälle wurden im Meldejahr 2022 mit einer Software im Gesundheitsamt angelegt, die die Information nicht übernommen hat, dass eine DEMIS-Meldung vorliegt (DEMIS-Identifikationsnummer). Die Zuordnung von Clustern zu solchen Fällen ist mit dem in dieser Analyse verwendeten Ansatz nicht möglich. Andererseits ist es denkbar, dass der von uns verwendete Ähnlichkeitsschwellenwert zur Clusterbildung mit 0,6 zu hoch angesetzt wurde und damit möglicherweise einige nicht zu Fällen zuordenbare Cluster eigentlich zu anderen, eventuell zuordenbaren Clustern gehören. Demnach wäre die durchschnittliche ermittelte Clustergröße zu klein. Ein Abgleich der Clustergröße mit typischen Laborprozessen zur Evaluierung, ob die erzielte Clustergröße pro untersuchtem Meldetatbestand realistisch ist, ist nicht erfolgt. Eine dritte Erklärungsmöglichkeit besteht darin, dass in Gesundheitsämtern angelegte Fälle nur übermittelt werden, sofern sie die vom RKI publizierten Falldefinitionen erfüllen.⁷ Wird ein Fall nicht übermittelt, erscheint er nicht in der dem RKI zugänglichen Datenbank und kann somit im Zuge dieser Analyse auch keinem Cluster zugeordnet werden. Es ist jedoch unwahrscheinlich, dass durch Letzteres eine Vielzahl der nicht zugeordneten Cluster erklärbar sind, da in einer Analyse aus dem Jahr 2012 gezeigt wurde, dass 89 % aller Meldungen gemäß IfSG von den Gesundheitsämtern übermittelt werden.⁸ Lediglich für MSVP zeigte sich in der gleichen Analyse ein relevanter Anteil nicht übermittelter Fälle von 44 %, womit es auch hier einen deutlichen Hinweis darauf gibt, warum der Anteil der zuordenbaren MSVP-Cluster mit 30 % sehr viel niedriger ist als bei den anderen Meldetatbeständen.

Hinsichtlich der Anzahl der übermittelten Fälle zeigen unsere Ergebnisse die basierend auf den Daten aus dem vorpandemischen Meldejahr 2019 erwarteten und erwünschten Häufigkeitsunterschiede zwischen den untersuchten Meldetatbeständen.³ Betrachtet man den Anteil der übermittelten Fälle, denen DEMIS-Cluster zugeordnet werden konnten, zeigt sich auch hier – ähnlich der Zuordenbarkeit der Cluster – ein beträchtlicher Prozentsatz, der keine DEMIS-Meldung als Basis hatte. Unter den Fällen, die mit einer ID-fähigen Software angelegt wurden, reicht die Spannweite des Anteils jener Fälle, die auf mindestens einer DEMIS-Meldung basieren, von 28 % (RTVP) bis 43 % (LEPP, MSVP). Dies unterstützt die weiter oben geäußerte Vermutung, dass ein gewisser Anteil der Labormeldungen an die Gesundheitsämter im Meldejahr 2022 noch papierbasiert erfolgte. Jedoch zeigt sich über die untersuchten Meldetatbestände hinweg ein weitgehend positiver Trend des auf elektronischen Meldungen basierenden Fallanteils im Verlauf des Meldejahres 2022, mit bis zu über 80 % bei LEPP gegen Ende des Jahres. Dies ist eine erwartbare Entwicklung, da die Anbindung der Labore an DEMIS sowie die Umsetzung aller Meldetatbestände zur Meldung über die DEMIS-Schnittstelle in einem sukzessiven Pro-

zess erfolgte und selbst zum Ende des Meldejahres 2022 erst 247 Labore über die DEMIS-Schnittstelle andere Erregernachweise als SARS-CoV-2 gemeldet haben.

Schlussfolgerung und Ausblick

Unsere Ergebnisse zeigen nur einen sehr geringen Anteil möglicher mehrfacher Fallanlegungen, was auf eine gute Qualität der übermittelten, auf elektronischen Labormeldungen basierenden Fälle hindeutet. Der noch hohe Anteil von übermittelten Fällen, welchen keine DEMIS-Meldungen zugeordnet werden konnten, zeigt, dass trotz Verpflichtung zur elektronischen Meldung noch eine zu große Anzahl von Laboren nicht elektronisch gemeldet hat. Der Aufwärtstrend im Jahresverlauf spricht aber für eine kontinuierliche positive Entwicklung. Der Anteil der nicht zuordenbaren DEMIS-Cluster bedarf weiterer Analysen – beispielsweise mit einem niedrigeren Schwellenwert zur Clustererstellung, um dessen Ursachen zu bestimmen. Zusätzlich wird eine Weiterführung dieser Auswertung mit den Meldedaten des Jahres 2023 Erkenntnisse über die weitere Entwicklung der Anteile elektronisch erfolgter Labormeldungen liefern.

Literatur

- 1 Leitmeyer, K.C., et al., Automated digital reporting of clinical laboratory information to national public health surveillance systems, results of a EU/EEA survey, 2018. *Euro Surveill*, 2020. 25(39).
- 2 Robert Koch-Institut. DEMIS-Wissensdatenbank: Meldungsrouting. 2021–2024; <https://wiki.gematik.de/display/DSKB/Meldungsrouting>. Stand 29.02.2024.
- 3 Robert Koch-Institut, Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019. 2020.
- 4 Robert Koch-Institut. Implementierungsleitfaden für DEMIS Labormeldung. 2021; <https://simplifier.net/guide/implementierungsleitfadenfrdemis?version=current>. Stand 29.02.2024
- 5 Dice, L.R., Measures of the Amount of Ecologic Association Between Species. *Ecology*, 1945. 26(3): p. 297-302.
- 6 Peitzsch, S. Tuning Pseudonymization Parameters in a Privacy by Design Approach for Secure Information Discovery between Federated Organizations. in 8th International Conference on Cryptography, Security and Privacy. 2024. Osaka.
- 7 Robert Koch-Institut, Falldefinitionen des Robert Koch-Instituts zur Übermittlung von Erkrankungs- oder Todesfällen und Nachweisen von Krankheitserregern. 2023: Berlin.
- 8 Blümel, B., et al., Positive predictive value of the German notification system for infectious diseases: Surveillance data from eight local health departments, Berlin, 2012. *PLoS ONE*, 2019. 2019: p. 1–10.

Autorinnen und Autoren

^{a,b,c} Klara Röbl | ^a Philip Oedi | ^a Dr. Beneditta Suwono |
^a Doris Altmann | ^d Eberhard Pape | ^a Dr. Alexander
Ullrich | ^a Michaela Diercke | ^a Dr. Claudia Sievers

^a Abteilung für Infektionsepidemiologie, Robert
Koch-Institut, Berlin, Deutschland

^b Postgraduiertenausbildung für Angewandte
Epidemiologie (PAE), Robert Koch-Institut, Berlin,
Deutschland

^c ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology
path (EPIET), European Centre for Disease Preven-
tion and Control (ECDC), Stockholm, Schweden

^d Abteilung für Methodenentwicklung, Forschungs-
infrastruktur und Informationstechnologie,
Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

Korrespondenz: SieversC@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Röbl K, Oedi P, Suwono B, Altmann D, Pape E,
Ullrich A, Diercke M, Sievers C: Analyse der Daten-
qualität nach Einführung der elektronischen Erreger-
nachweismeldung über DEMIS

Epid Bull 2024;23:3-12 | DOI 10.25646/12104

Interessenkonflikt

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

Danksagung

Wir danken dem SurvNet-Team am Robert Koch-
Institut für die Unterstützung.