

**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2022**



**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2022**

Datenstand: 1. März 2023

Vorwort

Die infektionsepidemiologische Lage war auch 2022 noch maßgeblich von der COVID-19-Pandemie geprägt. Das Meldewesen stand unter beispielloser öffentlicher Aufmerksamkeit. Zusammen mit den Daten aus den anderen Surveillance-Systemen erlaubten sie zeitnah eine gute infektionsepidemiologische Lagebewertung und gaben politischen Entscheidungstragenden und Bevölkerung Orientierung in einer sehr schwierigen Zeit.

Das hohe Aufkommen von zu bearbeitenden SARS-CoV-2-Meldungen brachte die Kapazität der Meldenden und des ÖGD an ihre Grenzen. Im Jahr 2022 wurden über 30 Millionen COVID-19-Fälle übermittelt, allein über 1,5 Millionen in der 12. Meldewoche 2022. Das System war für ein derartiges Meldeaufkommen über so lange Zeit strukturell und personell ursprünglich nicht ausgelegt. Dennoch gelang es bis zum Schluss der Pandemie, einzelfallbasiert Datensätze bereitzustellen. Das erforderte eine gewaltige Kraftanstrengung. Allen Beteiligten gelten mein großer Dank und meine Anerkennung für die immense geleistete Arbeit. Mir ist bewusst, dass dieser Einsatz auch auf Kosten anderer Tätigkeitsfelder der Gesundheitsämter ging.

Die Digitalisierung des Meldewesens soll dazu beitragen, dass große Datenmengen künftig leichter zeitnah erhoben und verarbeitet werden können. Sie war vor der Pandemie nicht weit genug fortgeschritten und musste im Zuge der Krise beschleunigt werden. Zunächst wurde in DEMIS die elektronische Meldung der SARS-CoV-2-Nachweise aus Laboren umgesetzt. Dann wurden weitere Meldepflichten elektronisch ermöglicht und weitere Nutzer angeschlossen. Unter anderem dank des Paktes für den ÖGD wurden zukunftsweisende Projekte auf den Weg gebracht, die das infektionsepidemiologische Meldewesen langfristig auf eine stabilere Grundlage stellen sollen. Dazu gehören große Digitalisierungsprojekte wie DEMIS und EMIGA. Die Digitalisierung schreitet also voran, ist aber noch nicht abgeschlossen. Die Arbeit hieran erfordert viel Geduld, Beharrlichkeit und Einsatz. Auch hierfür möchte ich mich bei allen Beteiligten bedanken.

Im Jahr 2022 wurden auch die Rechtsgrundlagen des infektionsepidemiologischen Meldewesens kontinuierlich angepasst. Details dazu finden sich im Kapitel 2. Dies ermöglichte eine lageangepasste Erhebung von Informationen, sorgte aber auch bei Meldenden, Gesundheitsämtern, Softwareanbietern und RKI für Mehraufwände. Bei der Interpretation der Inhalte müssen die Anpassungen des rechtlichen Rahmens berücksichtigt werden. Dies gilt nicht nur für COVID-19.

Wir möchten Sie einladen, die infektionsepidemiologische Lage in Deutschland im Jahr 2022 im Nachhinein umfassend zu betrachten. Auch wenn die COVID-19 während der Pandemie in der öffentlichen Wahrnehmung im Vordergrund stand, wurden auch Daten zu anderen Infektionskrankheiten gemeldet, bearbeitet und aufbereitet.

Dazu gehört insbesondere der Mpox-Ausbruch; seit Frühjahr 2022 verbreitete sich Mpox erstmals in einem beispiellosen globalen Ausbruchsgeschehen von Mensch zu Mensch. In Deutschland wurden im Jahr 2022 über 3.500 Fälle an das RKI übermittelt, betroffen waren v. a. Männer, die Sex mit Männern haben, in Großstädten. Glücklicherweise ging das Ausbruchsgeschehen rasch zurück.

Für das Jahr 2022 zeigt sich im Vergleich zum Vorjahr erstmals seit 2016 wieder ein leichter Anstieg der Fallzahl und der Inzidenz Tuberkulose; wahrscheinlich als Folgen des Angriffskriegs Russlands gegen die Ukraine.

Geschehen wie diese demonstrieren die Relevanz eines flexiblen und robusten Meldewesens.

Das vorliegende Jahrbuch 2022 erscheint leider deutlich später als üblich. Für diese Verspätung möchten wir uns bei allen Leserinnen und Lesern, v. a. aber bei den Meldenden und Gesundheitsämtern entschuldigen. Diese Verspätung ist der Überlastung des RKI während der Pandemiejahre geschuldet, die zahlreiche Entwicklungen in der Surveillance mit sich gebracht hat. Die großen Digitalisierungsprojekte binden Ressourcen, was teilweise auch auf Kosten der aktuellen Routinetätigkeiten im Meldewesen geht, mittel- bis langfristig aber zu deutlichen Verbesserungen führen wird.

Die Daten zu COVID-19 waren über das Dashboard verfügbar. Die Daten zu allen meldepflichtigen Infektionskrankheiten können über SurvStat abgerufen werden. Das Epidemiologische Bulletin kommuniziert regelmäßig aktuelle Zahlen. Dennoch halten wir es für wichtig, auch die etablierte Darstellung in Form des infektionsepidemiologischen Jahrbuches bereitzustellen. Die zahlreichen Nachfragen zeigen, dass nach wie vor ein großes Interesse an dieser Aufbereitung der Daten besteht.

Wir hoffen, das Infektionsepidemiologische Jahrbuch in Zukunft wieder zeitnäher bereitstellen zu können.

Prof. Dr. Lars Schaade,
Präsident des Robert Koch-Instituts, Berlin

Inhalt

Vorwort	3
Beteiligte Personen	7
Abkürzungen	8
1 Zusammenfassung	9
Executive Summary	11
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen	13
2.2 Datengrundlage	18
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	22
3 Datenqualität	23
3.1 EDV-technische Unterstützung	23
3.2 Sicherung der Datenqualität	23
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung	24
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	25
3.5 Zeitnähe	26
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	29
4.1 Inzidenzen	29
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	29
4.3 Klinische Aspekte	32
5 Ausbrüche	35
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	35
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	36
6 Spezielle Krankheiten	41
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase- Determinante)	41
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis	44
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige	47
6.4 Bornavirus-Erkrankung	48
6.5 Botulismus	49
6.6 Brucellose	50
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis	51
6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung	54
6.9 Cholera	55
6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	55
6.11 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	57
6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)	60
6.13 Denguefieber	64
6.14 Diphtherie	66
6.15 Echinokokkose	68
6.16 EHEC-Erkrankung	71
6.17 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	74
6.18 Fleckfieber	77
6.19 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)	78
6.20 Giardiasis	82
6.21 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	85
6.22 Hantavirus-Erkrankung	88
6.23 Hepatitis A	91
6.24 Hepatitis B	95
6.25 Hepatitis C	101
6.26 Hepatitis D	105
6.27 Hepatitis E	106
6.28 HIV-Infektion	109
6.29 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	113
6.30 Influenza	116

6.31	Keuchhusten	122
6.32	Kryptosporidiose	127
6.33	Läuserückfallfieber	130
6.34	Legionellose	131
6.35	Lepra	135
6.36	Leptospirose	136
6.37	Listeriose	138
6.38	Malaria	140
6.39	Masern	143
6.40	Meningokokken, invasive Infektion	147
6.41	Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	152
6.42	Milzbrand	153
6.43	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	153
6.44	Mumps	156
6.45	Norovirus-Gastroenteritis	160
6.46	Ornithose	164
6.47	Paratyphus	165
6.48	Pest	166
6.49	Poliomyelitis	166
6.50	Q-Fieber	167
6.51	Rotavirus-Gastroenteritis	169
6.52	Röteln	173
6.53	Salmonellose	176
6.54	Shigellose	179
6.55	Syphilis	182
6.56	Tollwut	185
6.57	Toxoplasmose, konnatale Infektion	186
6.58	Trichinellose	187
6.59	Tuberkulose	188
6.60	Tularämie	192
6.61	Typhus abdominalis	193
6.62	Virale Hämorrhagische Fieber	194
6.63	West-Nil-Virus-Erkrankung	196
6.64	Windpocken	197
6.65	Yersiniose	201
6.66	Zikavirus-Erkrankung	204
6.67	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	205
	Impressum	209

Autorinnen und Autoren

Muna Abu Sin
Franziska Badenschier
Jonathan Baum
Anna-Lisa Behnke
Susanne Behnke
Renke Biallas
Lena Bös
Viviane Bremer
Simon Brinkwirth
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Sofia Burdi
Wei Cai
Michaela Diercke
Sandra Dudareva
Julia Enkelmann
Werner Espelage
Mirko Faber
Gerd Falkenhorst
Christina Frank
Laura Giese
Timo Greiner
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Alexandra Holzer
Franziska Hommes
Klaus Jansen
Tanja Jung-Sendzik
Katrín-Kremer-Flach
Kerstin Kling
Anja Klingeberg
Judith Koch
Wiebe Külper-Schiek
Raskit Lachmann
Ann-Sophie Lehfeld
Anna Loenenbach
Ulrich Marcus
Mario Martin Sanchez
Dorothea Matysiak-Klose
Anika Meinen
Inge Mücke
Vanessa Piechotta
Antonia Pilic
Henriette Prins
Felix Reichert
Ulrich Reinacher
Klara Röbl
Bettina Rosner
Katrín Rothe
Johanna Schlaberg
Nicole Schmidt
Viktoria Schönfeld
Regina Selb
Anette Siedler
Claudia Sievers
Claudia Siffczyk
Regina Singer

Klaus Stark
Gyde Steffen
Jan Stratil
Iris Thielemann
Benjamin Tittmann
Sabine Vygen-Bonnet
Jan Walter
Hendrik Wilking
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Hermann Claus
Michaela Diercke
Maren Enßle
Inge Mücke
Heike Schulze
Claudia Siffczyk
Benjamin Tittmann
Christin Wolff

Weitere beteiligte Personen

Annika Erdwiens
Timo Greiner
Maria Helmrich
Adine Marquis
Sabine Ritter
Mirjam Rupprecht
Andrea Sailer
Ita Stroetmann
Paulina vom Felde genannt im Busch
Christian Wittke

Abkürzungen

Abs.	Absatz
AGI	Arbeitsgemeinschaft Influenza
AIDS	Acquired Immune Deficiency Syndrome (erworbenes Immundefizienz-Syndrom)
CJK (CJD)	Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (Creutzfeldt-Jakob Disease)
COVID-19	Coronavirus-Krankheit-2019
DEMIS	Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EFSA	Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit
EHEC	Enterohämorrhagische <i>Escherichia coli</i>
Einw.	Einwohner
ELISA	Enzyme Linked Immunosorbent Assay
EMIGA	Elektronisches Melde- und Informationssystem für Gesundheitsämter
Erkr.	Erkrankungen
FSME	Frühsommer-Meningoenzephalitis
GA	Gesundheitsamt
HIV	Humanes Immundefizienz-Virus
HUS	Hämolytisch-urämisches Syndrom
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IGV	Internationale Gesundheitsvorschriften
IPV	inaktivierte Polio-Vakzine
ISO	International Organization for Standardization
i.m.	intramuskulär
i.v.	intravenös
LK	Landkreis
MALDI-TOF-MS	Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization Time-Of-Flight Massenspektrometrie
MERS-CoV	Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus
MRSA	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
MSM	Männer, die Sex mit Männern haben
NRZ	Nationales Referenzzentrum
OPV	orale Polio-Lebendvakzine
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
PLZ	Postleitzahl
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
RT-PCR	Real-time PCR
SARS-CoV-2	Severe Acute Respiratory Syndrome CoronaVirus type 2
spp.	Spezies (pl.)
STI	Sexually Transmitted Infections
STIKO	Ständige Impfkommision am Robert Koch-Institut
subsp.	Subspezies
SurvNet@RKI	Software zur Eingabe, Verwaltung, Übermittlung und Auswertung von Meldedaten für den Öffentlichen Gesundheitsdienst, die vom RKI bereitgestellt wird
SurvStat@RKI	Software zur Auswertung von Meldedaten, die das RKI der Fachöffentlichkeit online im Internet zur Verfügung stellt
WBK	Weitere Bedrohliche Krankheit
WHO	World Health Organization (Weltgesundheitsorganisation)
ZNS	Zentralnervensystem

1 Zusammenfassung

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelten bzw. gemeldeten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet.

Auch im Jahr 2022 stand die andauernde COVID-19-Pandemie im Fokus des öffentlichen Gesundheitsschutzes. Aufgrund ihrer virologischen Eigenschaften führten die drei Untervarianten von Omikron im dritten Pandemiejahr erstmals zu einer sehr hohen Transmission in der gesamten Bevölkerung und damit zu einem starken Anstieg der Fallzahlen mit über 30 Millionen übermittelten und davon über 33.000 in Zusammenhang mit COVID-19 verstorbenen Fällen. In der 12. MW wurde mit über 1,5 Millionen Fällen der seit Beginn der Pandemie höchste Wert an übermittelten Fällen pro Woche erreicht.

Betrachtet man alle seit Einführung des IfSG im Jahr 2001 meldepflichtigen Infektionskrankheiten, wurden allein im Jahr 2022 annähernd doppelt so viele Fälle übermittelt wie in allen Jahren zuvor. Diese enorme Fallzahl stellte alle Strukturen des öffentlichen Gesundheitswesens, insbesondere die Gesundheitsämter vor immense Herausforderungen. Die verpflichtende Nutzung von DEMIS für die Meldung von Infektionskrankheiten trug daher vor allem bzgl. der Meldung von SARS-COV-2 nicht nur entscheidend zu einer Entlastung der Gesundheitsämter, sondern auch maßgeblich zur Aufrechterhaltung und Sicherung der Datenqualität, insbesondere hinsichtlich der Zeitnähe der Falleingabe im Gesundheitsamt bei.

Im Jahr 2022 kehrte sich der in den ersten beiden Pandemie-jahren beobachtete abnehmende Trend übermittelter Fälle für viele meldepflichtige Infektionskrankheiten um und erreichte teilweise wieder das Niveau des Zeitraumes vor der COVID-19-Pandemie. So wurde im Vergleich zum Vorjahr eine Zunahme von Fällen von Mensch zu Mensch übertragener Krankheiten wie z. B. **Masern**, **Mumps** und **Windpocken** beobachtet. Für **Keuchhusten** konnte erstmals seit 2017 eine Zunahme der Inzidenz verzeichnet werden. Im Jahr 2022 wurde die von der WHO vorgeschlagene Indikatorinzidenz von <0,1 Erkrankte pro 100.000 Einwohner zur Dokumentation erfolgreicher Maßnahmen einer Masern-Elimination nicht überschritten. Ebenfalls nahm die Fallzahl von invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen deutlich zu, sodass mit 1.001 übermittelten Fällen die höchste jemals verzeichnete Fallzahl erreicht wurde. Bemerkenswert war die Anzahl der **Influenza**-Fälle. Während diese im Vorjahr noch ausnehmend niedrig ausfielen, wurde in der Saison 2021/22 eine außergewöhnlich frühe Welle mit hoher Influenza-Aktivität, vergleichbar mit der Grippewelle 2017/18, beobachtet.

Bzgl. sexuell und durch Blut übertragenen Infektionen war mit 8.305 Fällen die höchste jemals gemeldete Fallzahl der **Syphilis** zu verzeichnen. Ebenso war für *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon gegenüber dem Jahr 2021 eine Verdoppelung der Meldetfälle zu beobachten. Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2022 in erster Linie durch die Meldung von aus der Ukraine nach Deutschland geflüchteter Personen deutlich an, wobei auch die Zahl der aus anderen Ländern stammenden und im Ausland infizierten

Personen, bei denen eine Erstdiagnose in Deutschland gemeldet wurde, wieder auf das Vorpandemieniveau (2018 – 2019) zunahm. Hervorzuheben sei in diesem Zusammenhang auch die deutliche Zunahme von übermittelten **Hepatitis-B-** sowie **Hepatitis-C-Fällen**, welche auf eine multifaktorielle Genese zurückzuführen ist, die in den entsprechenden Kapiteln ausführlich diskutiert wird.

Im Vergleich zu den beiden ersten Pandemie-jahren konnten für die klassische reiseassoziierte Krankheiten, wie z. B. **Denguefieber** und **Zikavirus-Erkrankung** ein Anstieg der Fallzahlen verzeichnet werden. Für **Malaria** setzte sich der ansteigende Trend der letzten beiden Jahre fort, wobei die Fallzahl weiterhin unter Vorpandemieniveau lag.

Nach einem Rückgang der Fallzahlen für **Enterobacterales** und *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante in den Jahren 2020 und 2021 überstieg die Anzahl übermittelte Fälle und Ausbrüche das Niveau der präpandemischen Fallzahlen; eine Entwicklung, die möglicherweise im Zusammenhang mit der Versorgung von Kriegsverletzten und Geflüchteten aus der Ukraine steht.

Wie bereits in den Vorjahren zählten die *Campylobacter*-**Enteritis**, **Norovirus-Gastroenteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis** zu den häufigsten übermittelten gastrointestinalen Infektionskrankheiten, wobei die Fallzahlen für Norovirus- und Rotavirus-Gastroenteritis im Vergleich zum Vorjahr zunahm, während diese bei der *Campylobacter*-Enteritis abnahm. Im Jahr 2022 wurde auch eine erneute Zunahme von übermittelten Fällen für **EHEC** und **Salmonellose** verzeichnet. Die zwei größten Salmonellose-Ausbrüche umfassten je 46 übermittelte Erkrankungen und wurden beide durch **S. Enteritidis** verursacht. Weitere relativ große Ausbrüche wurden durch **S. Chester** und **S. Typhimurium** verursacht.

Mit 171 Fällen wurde die höchste jemals gemeldete Fallzahl von **Diphtherie** seit Einführung des IfSG im Jahr 2001 übermittelt, welche insbesondere auf dem Anstieg der durch *C. diphtheriae* hervorgerufenen Erkrankungen im Rahmen eines internationalen Ausbruchsgeschehens unter Geflüchteten beruht.

Im Frühjahr 2022 verbreiteten sich erstmals **Mpox** (ehem. Affenpocken) in einem beispiellosen globalen Ausbruchsgeschehen von Mensch zu Mensch. In Deutschland wurden im Jahr 2022 insgesamt 3.679 Fälle an das RKI übermittelt, betroffen waren v. a. Männer, die Sex mit Männern haben, in Großstädten. Nach einem starken Anstieg der Fallzahl im Juni und Juli ging das Ausbruchsgeschehen bis zum September 2022 stark zurück, wobei ab Oktober nur noch vereinzelt Fälle übermittelt wurden. Derartige Geschehen demonstrieren die Relevanz eines flexiblen und robusten Meldewesens.

Auch im dritten Pandemiejahr kam der integrierten genomischen Surveillance (IGS) im Rahmen der Variantendetektion von SARS-COV-2 eine entscheidende Bedeutung zu. Darüber hinaus kommt der IGS bei der Erkennung von Ausbruchsgeschehen eine tragende Rolle zu. Insbesondere Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, können so leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden.

Executive Summary

The Infectious Disease Epidemiology Annual Report provides an overview and assessment of infectious disease data as reported to the Robert Koch Institute (RKI).

The ongoing COVID-19 pandemic continued to be the focus of the public health system in Germany in 2022. The three sub-variants of Omicron led to a very high transmission among the entire population for the first time in the third year of the pandemic due to their virological properties, which subsequently led to a sharp increase to over 30 million cases and over 33,000 of these cases dying related to COVID-19. In the 12th week of reporting, the highest number of transmitted cases per week since the beginning of the pandemic was reached with over 1.5 million cases.

Considering all infectious diseases subject to mandatory reporting since the introduction of the IfSG in 2001, almost twice as many cases were reported in 2022 alone as in all previous years. This enormous number of cases posed immense challenges for all public health structures, especially the local health authorities. The introduction of DEMIS for the reporting of infectious diseases therefore not only made a significant contribution in relieving the burden on health authorities, especially with regard to the reporting of SARS-COV-2, but also made a substantial contribution in terms of maintaining and ensuring data quality, especially with regard to the timeliness of data entry at the local health authority.

In 2022, the downward trend in reported cases observed in the first two years of the pandemic was reversed for many notifiable infectious diseases and in some cases returned to the level of the period before the COVID-19 pandemic. An increase of diseases with human to human transmission such as **measles**, **mumps** and **chickenpox**, for example, was observed compared to the previous year. An increase in the incidence of **whooping cough** was recorded for the first time since 2017. In 2022, the incidence indicator of < 0.1 cases per 100,000 inhabitants proposed by the WHO to document successful measles elimination measures was not exceeded. The number of invasive *Haemophilus influenzae* cases also increased significantly, reaching 1,001 cases, the highest number ever recorded. The number of **influenza** cases stood out. While these were still exceptionally low in the previous year, an unusually early wave with high influenza activity was observed in the 2021/22 season, comparable to the 2017/18 influenza wave.

In terms of sexually transmitted and blood-borne infections, the highest number of **syphilis** cases ever reported was recorded with 8,305 cases. Similarly, the number of reported cases of *Neisseria gonorrhoeae* with reduced susceptibility to azithromycin, cefixime or ceftriaxone doubled compared to 2021. The number of new **HIV** diagnoses reported in Germany rose significantly in 2022, primarily due to the reporting of

people who had fled to Germany from Ukraine, although the number of people originating from other countries and infected abroad who were reported as having been diagnosed for the first time in Germany also rose back to pre-pandemic levels (2018 – 2019). In this context, the significant increase in reported **hepatitis B** and **hepatitis C** cases should also be emphasised, which is due to various reasons that are discussed in detail in the corresponding chapters.

Compared to the first two years of the pandemic, an increase in the number of cases of classic travel-associated diseases such as **dengue fever** and **Zikavirus** disease was recorded. The rising trend of the last two years continued for **malaria**, although the number of cases remained below the pre-pandemic level.

Following a decline in case numbers for **Enterobacterales** and *Acinetobacter* spp. with reduced susceptibility to carbapenems or with evidence of a carbapenemase determinant in 2020 and 2021, the number of cases and outbreaks reported exceeded the pre-pandemic case numbers. This may be related to the care of war casualties and refugees from Ukraine.

As in previous years, *Campylobacter* enteritis, **norovirus gastroenteritis** and **rotavirus gastroenteritis** were among the most frequently reported gastrointestinal infectious diseases, with the number of cases of norovirus and rotavirus gastroenteritis increasing compared to the previous year, while the number of cases of *Campylobacter* enteritis decreased. In 2022, a renewed increase in reported cases of **EHEC** and **salmonellosis** was also recorded. The two largest salmonellosis outbreaks comprised 46 transmitted cases each and were both caused by *S. Enteritidis*, while other relatively large outbreaks were caused by *S. Chester* and *S. Typhimurium*.

With 171 cases, the highest number of **diphtheria** cases ever reported since the introduction of the IfSG in 2001 was reported, which is due in particular to the increase in cases caused by *C. diphtheriae* as part of an international outbreak among refugees.

In spring 2022, **Mpox** (formerly monkeypox) spread from person to person for the first time in an unprecedented global outbreak. In Germany, a total of 3,679 cases were reported to the RKI in 2022, mainly affecting men who have sex with men in larger cities. After a steep increase in the number of cases in June and July, the outbreak declined steeply until September 2022, with only isolated cases being reported from October onwards. Such events demonstrate the relevance of a flexible and robust reporting system.

In the third year of the pandemic, integrated genomic surveillance (IGS) continued to play a key role in the detection of variants of SARS-COV-2. IGS also continues to play a key role in the detection of outbreaks. In particular, cases that occur over a longer period of time can be more easily attributed to a protracted outbreak.

2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten

2.1 Gesetzliche Grundlagen

Infektionsschutzgesetz

Das am 01.01.2001 in Kraft getretene Infektionsschutzgesetz (IfSG) regelt, welche Krankheiten und welche Nachweise von Erregern bundesweit meldepflichtig sind. In § 6 IfSG ist festgelegt, welche Krankheiten bei Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod in Bezug auf die jeweilige Krankheit meldepflichtig sind. Bei der Auswahl der Krankheiten wurden sowohl die Gefährlichkeit der Krankheit, gemessen an Schwere des Krankheitsverlaufs, Letalität und Ausbreitungsgefahr in der Bevölkerung, als auch das Erfordernis von Maßnahmen seitens der Gesundheitsbehörden berücksichtigt. In § 7 IfSG ist festgelegt, welche Nachweise von Krankheitserregern meldepflichtig sind. Hier wird zwischen den Erregernachweisen, die eine direkte Maßnahme der Gesundheitsämter erfordern können und deshalb namentlich an diese zu melden sind, und den Erregernachweisen unterschieden, bei denen das Gesundheitsamt im Einzelfall nicht unmittelbar tätig werden muss und die deshalb nichtnamentlich direkt an das Robert Koch-Institut (RKI) gemeldet werden. Daneben ist das gehäufte Auftreten von Erkrankungen bzw. Erregernachweisen zu melden.

Weiterhin legt das IfSG fest, welche Personen zur Meldung verpflichtet sind, welche Angaben die Meldungen enthalten müssen und welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt werden. Seit Einführung des IfSG wurde die Meldepflicht durch Gesetzesänderungen und Verordnungen mehrmals erweitert, um sie an die epidemische Lage anzupassen.

Erweiterung der Meldepflicht

Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze

Seit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« am 03.08.2011 wird ein gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt.

Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze

Am 29.03.2013 trat das »Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze« in Kraft. Neben einer Verkürzung der Übermittlungsfristen auf einen Arbeitstag wurde unter anderem die Meldepflicht auf die Krankheiten Mumps, Keuchhusten, Röteln und Windpocken sowie die Nachweise von deren Erregern *Bordetella pertussis* und *Bordetella parapertussis*, Mumpsvirus, Rubellavirus und Varicella-Zoster-Virus erweitert.

IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

Zum 01.05.2016 trat die Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSG-MeldAnpV) in Kraft. Mit der IfSGMeldAnpV wurden Meldepflichten für *Clostridioides difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und Nachweise von Enterobacteriales und *Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie für Nachweise von Arboviren, z. B. Chikungunyavirus, West-Nil-Virus und Zikavirus, eingeführt. Die Meldepflicht für aviäre Influenza, die seit 2007 durch die Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung bestanden hatte, wurde auf zoonotische Influenza ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von Methicillin-resistenten Stämmen von *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor, die im Jahr 2009 mit der Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung eingeführt worden war, wurde in die IfSGMeldAnpV übernommen. Die Inhalte der Verordnung wurden zum 01.03.2020 in das IfSG integriert.

Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten

Am 25.07.2017 trat das Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten in Kraft. Dieses Gesetz umfasste die bis dahin umfangreichste Änderung des IfSG seit dessen Einführung im Jahr 2001 mit dem Ziel, das bestehende Meldesystem zu modernisieren. Die zentrale Regelung in § 14 IfSG schafft die Basis für das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS). Gleichzeitig wurden mit dem Gesetz weitere umfangreiche Anpassungen des IfSG vorgenommen, die auch schon vor Einführung von DEMIS das bestehende Meldesystem für Infektionskrankheiten verbessert haben. Neben Verbesserungen für die Arbeit in den Gesundheitsämtern und der besseren Erfassung von Krankenhausinfektionen wurden auch die Melde- und Benachrichtigungspflichten erweitert. So wurde die Meldepflicht für Nachweise von Hepatitis-B-Virus, Hepatitis-C-Virus und Hepatitis-D-Virus auf alle Nachweise unabhängig

vom klinischen Bild (symptomatisch oder asymptomatisch) und Stadium (akut oder chronisch) ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von *Corynebacterium diphtheriae* (toxinbildend) und von *Yersinia enterocolitica* (darmpathogen) wurde auf die Nachweise anderer Spezies von Toxin bildenden Corynebakterien und darmpathogenen Yersinien ausgedehnt. Zudem sind nun alle Norovirus-Nachweise unabhängig vom Untersuchungsmaterial meldepflichtig, soweit sie auf eine akute Infektion hinweisen. Als Melde- und Übermittlungsinhalte (§ 9 und § 11 IfSG) werden nun explizit weitere Angaben aufgeführt, die für die epidemiologische Bewertung der aufgetretenen Infektionskrankheiten von entscheidender Bedeutung sind. Dies betrifft u. a. den Impfstatus, Angaben zur intensivmedizinischen Behandlung sowie bei Tuberkulose, Hepatitis B und Hepatitis C Angaben zum Geburtsstaat, der Staatsangehörigkeit und dem Jahr der Einreise nach Deutschland.

Gesetz für den Schutz vor Masern und zur Stärkung der Impfprävention (Masernschutzgesetz)

Am 01.03.2020 ist das Masernschutzgesetz in Kraft getreten. Neben umfangreichen Änderungen des IfSG, um die Impfprävention zu stärken, beinhaltet es auch Regelungen zu Änderungen der Meldepflicht. Die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung wurde in das IfSG integriert, einschließlich Anpassungen in der Nomenklatur der Erreger mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit. Zudem wurden neue Meldepflichten eingeführt, dazu gehören die Meldepflichten für den direkten Nachweis von humanpathogenen Bornaviren, den Nachweis von Middle-East-Respiratory-Syndrome-Coronavirus (MERS-CoV), den direkten Nachweis von *Streptococcus pneumoniae* aus Liquor, Blut, Gelenkpunktat oder anderen normalerweise sterilen Substraten sowie die Ausweitung der Meldepflicht vom Nachweis der Choleravibrionen auf die Nicht-Cholera-vibrionen. Ebenso muss dem Gesundheitsamt gemeldet werden, wenn Personen an einer subakuten sklerosierenden Panencephalitis infolge einer Maserninfektion erkranken oder versterben. Nichtnamentlich an das RKI muss zudem der Nachweis von *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon gemeldet werden.

Gesetzesänderungen im Rahmen der COVID-19-Pandemie

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

Gesetz zur Stärkung des Schutzes der Bevölkerung und insbesondere vulnerabler Personengruppen vor COVID-19

Neben weiterer Anpassungen des IfSG im Rahmen der COVID-19-Pandemie wurde durch das Gesetz zur Stärkung des Schutzes der Bevölkerung und insbesondere vulnerabler Personengruppen vor COVID-19 (CovidIfSGAnpG 2022) vor dem Hintergrund eines großen Mpox-Ausbruchs am 17.09.2022 die Meldepflicht gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG um durch Orthopockenviren verursachte Krankheiten und die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG um den Nachweis von Orthopockenviren erweitert. Die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG wurde um den Nachweis aller, nicht nur resistenter *Neisseria gonorrhoeae* sowie um den Nachweis von *Chlamydia trachomatis*, sofern es sich um einen der Serotypen L1 bis L3 handelt, erweitert. Gemäß § 7 Abs. 4 IfSG sind zudem alle Nachweise (positive und negative) von SARS-CoV-2 nichtnamentlich direkt an das RKI zu melden.

Zur Meldung verpflichtete Personen

In § 8 IfSG werden die zur Meldung verpflichteten Personen benannt:

Meldepflichtig für Meldungen von Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod (gemäß § 6 IfSG)

- ▶ Ärztinnen/Ärzte
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Bei der Anwendung patientennaher Schnelltests bei Dritten die feststellende Person (bei entsprechender Befugnis)
- ▶ Tierärztinnen/Tierärzte (§ 6 Abs. 1 Nr. 4 IfSG; bei Tollwut)
- ▶ Angehörige anderer Heil- oder Pflegeberufe
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen, Pflegeeinrichtungen, Justizvollzugsanstalten, Heimen, Lagern und weiteren Einrichtungen
- ▶ Heilpraktikerinnen/Heilpraktiker

Meldepflichtig für Meldungen von Erregernachweisen (gemäß § 7 IfSG)

- ▶ Leiterinnen/Leiter von Laboratorien oder sonstigen privaten und öffentlichen Untersuchungsstellen
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Medizinaluntersuchungsämtern
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Krankenhauslaboratorien
- ▶ Tierärztinnen/Tierärzte (§ 7 Abs. 1 Nr. 38 IfSG; Rabiesvirus bzw. auf Grundlage einer entsprechenden Rechtsverordnung)
- ▶ Zahnärzte (auf Grundlage einer entsprechenden Rechtsverordnung)
- ▶ Niedergelassene Ärztinnen/Ärzte, sofern der Erregernachweis in der eigenen Praxis erfolgt

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird vereinfachend im Folgenden von einer Arztmeldung gesprochen, wenn es sich um eine Meldepflicht gemäß § 6 IfSG handelt. Dementsprechend wird der Begriff Labormeldung für Meldungen gemäß § 7 IfSG verwendet.

Meldeweg

Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Zur Meldung verpflichtete Personen melden die in § 6 Abs. 1 IfSG benannten Krankheiten oder die in § 7 Abs. 1 IfSG festgelegten Nachweise von Krankheitserregern namentlich an das zuständige Gesundheitsamt (s. Abb. 2.1.1). Die Meldung hat unverzüglich zu erfolgen und muss dem Gesundheitsamt spätestens 24 Stunden, nachdem die meldende Person Kenntnis erlangt hat, vorliegen. Das Gesundheitsamt führt eigene Ermittlungen zum gemeldeten Sachverhalt durch und ordnet entsprechende Infektionsschutzmaßnahmen an.

Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien (Falldefinitionen), so wird dieser Fall pseudonymisiert jeweils spätestens am folgenden Arbeitstag vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde sowie spätestens am folgenden Arbeitstag von der zuständigen Landesbehörde an das RKI übermittelt. Das RKI wertet die übermittelten Meldedaten infektionsepidemiologisch aus und veröffentlicht diese periodisch.

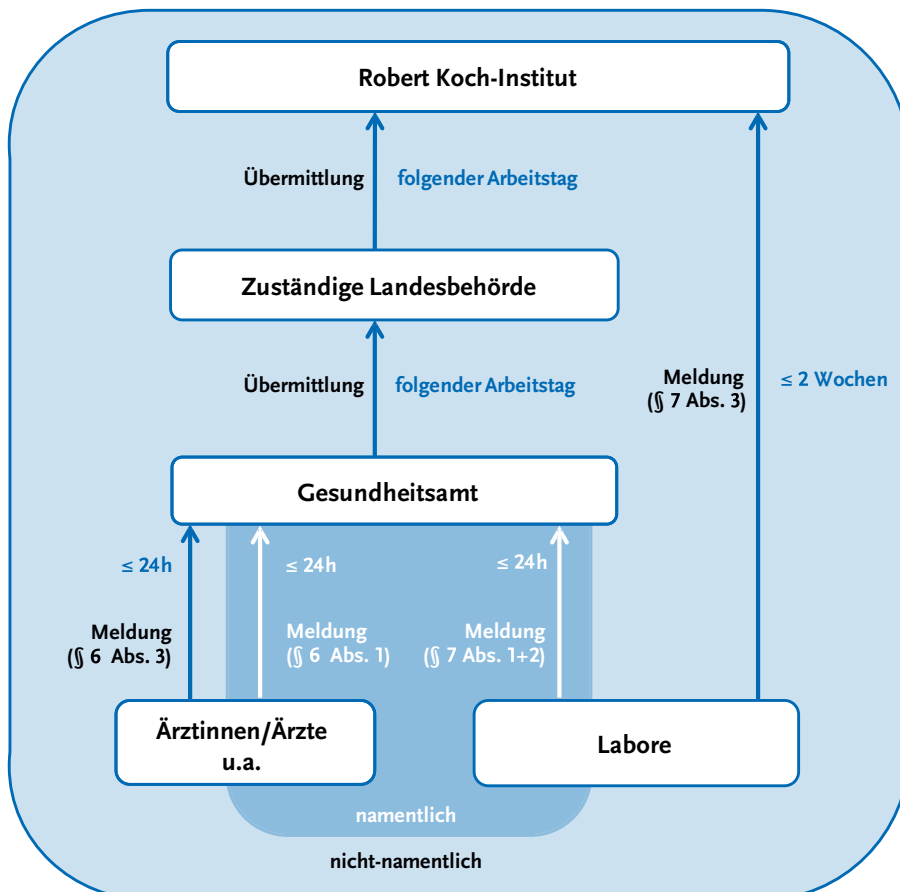
Nichtnamentliche Meldung an das RKI

Besteht eine Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG, erfolgt die Labormeldung nichtnamentlich innerhalb von 2 Wochen direkt an das RKI. Einsendende Ärztinnen und Ärzte haben gemäß § 10 IfSG das meldende Labor bei den Angaben zu unterstützen. Um diesen Vorgang zu vereinfachen, werden nummerierte Durchschlagbögen vom RKI zur Verfügung gestellt. Während das meldende Labor das erste Blatt des Meldebogens an das RKI sendet, sollen einsendende Ärztinnen und Ärzte die fehlenden Informationen, z. B. zur Klinik, zur möglichen Infektionsursache und zum möglichen Infektionsland, auf dem Durchschlag ergänzen und ebenfalls direkt an das RKI senden.

Übersicht Meldepflichten und Einzelfallkontrolle

In Tab. 2.1.1 ist dargestellt, welche Krankheiten und Erregernachweise, die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden, namentlich und welche nichtnamentlich zum Zeitpunkt des Jahrbuchdatenstands gemeldet wurden. Zusätzlich ist dargestellt, welche der Krankheiten am RKI einer Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2) unterliegen.

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



Tab. 2.1.1:
Meldepflichtige Krankheiten und Erregernachweise gemäß IfSG

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

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfallkontrolle am RKI ¹
	Arztmeldung ²	Labormeldung ³	Labormeldung ³	
6.43 Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion ¹³		■		
6.44 Mumps ¹¹	■	■		
6.45 Norovirus-Gastroenteritis		■		
6.46 Ornithose		■		■
6.47 Paratyphus	■	■		■
6.48 Pest	■	■		■
6.49 Poliomyelitis	■	■		■
6.50 Q-Fieber		■		■
6.51 Rotavirus-Gastroenteritis		■		
6.52 Röteln, konnatale Infektion ¹⁴ Röteln, postnatale Infektion ¹¹	■ ■	■ ■		■
6.53 Salmonellose		■		
6.54 Shigellose		■		
6.55 Syphilis			■	
6.56 Tollwut	■	■		■
6.57 Toxoplasmose, konnatale Infektion			■	
6.58 Trichinellose		■		■
6.59 Tuberkulose	■ ⁶	■		
6.60 Tularämie		■		■
6.61 Typhus abdominalis	■	■		■
6.62 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige ¹⁵	■	■		■
6.63 West-Nil-Virus-Erkrankung ⁴		■		■
6.64 Windpocken ¹¹	■	■		
6.65 Yersiniose		■		
6.66 Zikavirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.67 zusätzliche Krankheiten • Gonorrhö (Neisseria gonorrhoeae mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon) ⁵ • Mpox ¹⁶ • Invasive Pneumokokken-Erkrankung ⁵ • Nicht-Cholera-Vibrien-Infektion ⁵		■ ■ ■	■	■

¹ Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

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

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

⁴ Meldepflicht seit 01.05.2016

⁵ Meldepflicht seit 01.03.2020

⁶ Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

⁷ Meldepflicht seit 01.02.2020

⁸ nur bei hämorrhagischem Verlauf

⁹ Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

¹⁰ Nur bei zoonotischer Influenza

¹¹ Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

¹² Bei unter 1-jährigen

¹³ Meldepflicht seit 01.07.2009

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

¹⁵ Gilt auch für Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

¹⁶ Meldepflicht seit 17.09.2022

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen (2 oder mehr nosokomiale Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird) ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Gemäß § 10 Abs. 1 IfSG muss die Meldung einzelfallbasierte Informationen und auch Angaben zu den zum Ausbruchsgeschehen dazugehörigen Kolonisationen beinhalten. Dabei steht im Vordergrund, dass die Gesundheitsbehörde als Berater bei der Ermittlung der Infektionsquelle durch deskriptive und analytische Untersuchungen beteiligt wird. Seit 2011 mit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« werden diese Fälle auch an das RKI übermittelt. An das RKI übermittelte nosokomiale Ausbrüche werden im Kapitel 5.2 gesondert dargestellt.

Melde- und Übermittlungsinhalte

In den §§ 9, 10 IfSG ist festgelegt, welche Angaben die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt sowie die nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt oder das RKI enthalten dürfen. Zusätzlich wird im § 11 IfSG geregelt, welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an das RKI übermittelt werden. Die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt enthält neben Angaben zur Erkrankung bzw. zum Erregernachweis u. a. auch Kontaktdaten der betroffenen Person. Diese werden benötigt, damit das Gesundheitsamt weitere Informationen zum Fall ermitteln und die nötigen Infektionsschutzmaßnahmen einleiten kann. Es werden jedoch keine namentlichen Daten an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt, hier werden lediglich die jeweils fallbezogenen epidemiologischen Informationen hinsichtlich der Datenqualität geprüft und zur Erfassung der epidemiologischen Situation ausgewertet.

2.2 Datengrundlage

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beruhen auf folgenden im IfSG geregelten Vorgängen:

- ▶ Namentliche Meldung von Verdacht auf, Erkrankung an oder Tod durch bestimmte Krankheiten an das Gesundheitsamt sowie deren gehäuftes Auftreten (§ 6 Abs. 1 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung des gehäuften Auftretens nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt (§ 6 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Namentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern sowie deren gehäuftes Auftreten an das Gesundheitsamt (§ 7 Abs. 1 und Abs. 2 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern an das RKI (§ 7 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Benachrichtigung des Gesundheitsamts durch Leiterinnen und Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen (Schulen, Kindergärten usw.) (§ 34 Abs. 6 IfSG)
- ▶ Ermittlungen der Gesundheitsbehörden (§ 25 Abs. 1 IfSG)

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beziehen sich auf Daten, die bundesweit einheitlich erfasst wurden. Nicht berücksichtigt wurden zum einen Fälle, die einer

bundeslandspezifischen erweiterten Meldepflicht unterlagen, und zum anderen Fälle, die hauptsächlich in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« übermittelt wurden, da diese Kategorie nicht systematisch krankheitsspezifisch eingeordnet werden kann und in den einzelnen Gesundheitsämtern und Bundesländern sehr unterschiedlich gehandhabt wird.

Definitionen

Falldefinitionen

Die [Falldefinitionen](#) sind vom RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechend den jeweiligen epidemiologischen Erfordernissen erstellte Kriterien zur Kategorisierung von Fällen. Auf Grundlage der Falldefinitionen wird an den Gesundheitsämtern entschieden, welche Fälle an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Die Falldefinitionen sind nicht dazu bestimmt, die meldepflichtigen Sachverhalte für die Meldenden zu definieren. Die im IfSG aufgeführten Krankheiten oder Erreger sollen von den Meldepflichtigen unabhängig davon gemeldet werden, ob die Falldefinitionen erfüllt sind oder nicht.

Durch die Anwendung der Falldefinitionen wird gewährleistet, dass die Meldedaten zwischen den Landkreisen und kreisfreien Städten sowie zwischen Bundesländern vergleichbar sind.

Die Falldefinitionen werden regelmäßig überarbeitet, um sie an neue diagnostische Methoden und wissenschaftliche Erkenntnisse anzupassen.

Bei der Umsetzung der aktualisierten Falldefinitionen ist zu beachten, dass seit 2015 jedem Fall die Falldefinitionsversion zugeordnet wird, in der er elektronisch erfasst wird. Hierbei werden Fälle, die in alten Software-Versionen erfasst werden, entsprechend der alten Falldefinition zugeordnet und übermittelt. Demzufolge kann es vorkommen, dass innerhalb einer Übermittlungskategorie je nach Falldefinitionsversion Fälle unterschiedlich bewertet werden.

Evidenztypen

Es werden drei Evidenztypen unterschieden:

Klinisches Bild

Hier werden die Kriterien (Symptome, klinische Zeichen und anamnestische Angaben) genannt, die bei der betroffenen Person vorliegen müssen, um das klinische Bild der jeweiligen Krankheit zu erfüllen.

Labordiagnostischer Nachweis

Hier werden die Materialien und Labormethoden aufgeführt, die für den Erregernachweis verlangt werden, um den labordiagnostischen Teil der Falldefinition zu erfüllen.

Epidemiologische Bestätigung

Eine epidemiologische Bestätigung liegt vor, wenn ein Fall mit erfülltem klinischen Bild entweder

- ▶ mit einem labordiagnostisch nachgewiesenen Fall in einen epidemiologischen Zusammenhang gebracht werden kann oder
- ▶ eine andere relevante Expositionsform zu einer anderen labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionsquelle vorliegt.

Falldefinitions-kategorien

Aus der Kombination dieser drei Evidenztypen ergeben sich die folgenden fünf Falldefinitions-kategorien, die ihrerseits die Übermittlungspflicht vom Gesundheitsamt über die zuständige Landesbehörde an das RKI begründen:

A: Klinisch diagnostizierte Erkrankung

Hier genügt es für die Übermittlungspflicht, wenn der Fall das festgelegte klinische Bild der Falldefinition erfüllt.

B: Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

Hierfür muss das klinische Bild laut Falldefinition erfüllt sein und zusätzlich eine epidemiologische Bestätigung vorliegen.

C: Klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung

Diese Kategorie fordert die umfassendste diagnostische Evidenz. Hier müssen sowohl die Kriterien des klinischen Bildes als auch die Kriterien des labordiagnostischen Nachweises der Falldefinition erfüllt sein.

D: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild

Hier ist zwar der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, aber das klinische Bild auch wenn bekannt – erfüllt nicht die Kriterien der Falldefinition. Hierunter fallen sowohl unspezifische und untypische Verlaufsformen als auch asymptomatische Infektionen.

E: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

Hier ist der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, Angaben zum klinischen Bild sind jedoch nicht zu ermitteln oder wurden nicht erhoben.

In der Darstellung der Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird auf diese Einordnung Bezug genommen. Die Möglichkeit, nach den einzelnen Falldefinitionskategorien zu differenzieren, erlaubt es, die Stärke der diagnostischen Evidenz einzuschätzen und außerdem zwischen Erkrankungen einerseits und Infektionen ohne erfülltes klinisches Bild andererseits zu unterscheiden.

Für Fälle, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, existieren keine Falldefinitionen. Die Fallprüfung erfolgt stattdessen am RKI anhand festgelegter Fallkriterien.

Referenzdefinition

Alle Fälle, die eine entsprechende Falldefinitionskategorie erfüllen, werden an das RKI übermittelt. Veröffentlicht werden jedoch nur die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Alle Abbildungen und Tabellen im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch beziehen sich – sofern nicht anders angegeben – auf Fälle, die der Referenzdefinition entsprechen. Auch die Fallzahlen in der wöchentlichen Statistik und im Jahresüberblick, die im Epidemiologischen Bulletin veröffentlicht werden, werden gemäß Referenzdefinition ausgewiesen.

Für die meisten meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise umfasst die Referenzdefinition die Kategorien B »klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung« und C »klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung« (s. Tab. 2.2.1).

Durch dieses Vorgehen soll die Aufmerksamkeit in der vereinfachten Darstellung epidemiologischer Daten auf die klinisch manifesten Erkrankungen gelenkt werden. Entsprechend wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für Auswertungen nach Referenzdefinition, in die nur Fälle, die die Kriterien des klinischen Bildes erfüllen, eingehen, der Begriff »Erkrankungen« (oder ein krankheitsspezifisches Äquivalent) benutzt, während sonst umfassender von »Fällen« die Rede ist.

Tab. 2.2.1: Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitionskategorien

Übermittlungskategorie	Falldefinitionskategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-Erkrankung		■	■		
Arbovirus-Erkrankung, Chikungunyavirus-Erkrankung, <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber), West-Nil-Virus-Erkrankung			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (koninatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation, COVID-19, Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation, Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Influenza, Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

Bei Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19), Hepatitis B, C und D, bei invasiven MRSA-Infektionen und Poliomyelitis erfüllen alle labordiagnostisch nachgewiesenen Fälle (Kategorien C, D und E) unabhängig davon die Referenzdefinition, ob bei ihnen das klinische Bild bekannt oder erfüllt ist.

Die Kapitel enthalten in der Regel eine Übersichtstabelle, die sowohl die Fallzahlen in jeder Falldefinitions-kategorie einzeln als auch die Fallzahlen nach Referenzdefinition ausweist, um so die Datengrundlage transparent zu halten.

Die übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im Infektions-epidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden – für detailliertere epidemiologische Auswertungen zur Verfügung. Z. B. erlaubt SurvStat@RKI auf der Webseite des RKI die Abfrage nach jeder gewünschten Kombination der Falldefinitions-kategorien.

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

Literaturhinweise

- Diercke M, Claus H, Rexroth U, Hamouda O: *Anpassung des Meldesystems gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2020 aufgrund von COVID-19*. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03298-w>
- Gesetz für den Schutz vor Masern und zur Stärkung der Impfprävention (Masernschutzgesetz) (2020). BGBl I; 6:148 – 157.
- Zweites Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite (2020). BGBl I; 23:1018 – 1036.
- Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2011; Teil I, Nr. 41:1622 – 1630.
- Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze. Bundesgesetzblatt 2013, Teil I, Nr. 15:566 – 584.
- Gesetz zur Stärkung des Schutzes der Bevölkerung und insbesondere vulnerabler Personengruppen vor COVID-19 (2022). BGBl I; 32: 1454.
- Reuss A, Diercke M: *Änderungen im Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2016 und 2017*. Krankenhaushygiene up2date 2018; 13:295 – 306.
- Höhl N: *Infektionsschutzgesetz mit Trinkwasserverordnung*. 6. Auflage. Verlag Reckinger, Siegburg; 2018
- Diercke M, Buda S, Weiß B, Frank C, Gilsdorf A: *Infektiologie: Neue Meldepflichten beachten*. Dtsch Arztebl 2016; 113: A1648 – A1649.
- Erdle H: *Infektionsschutzgesetz – Kommentar*. 4. Auflage. ecomed Medizin, Landsberg/Lech; 2013
- Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftensammlung*. 2. Auflage. Verlag W. Kohlhammer, Berlin; 2003
- Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV). 2016. https://dejure.org/BGBl/2016/BGBl_I_S_515
- Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017; 31:309 – 310. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-041>

Zuordnung nach Zeit, Ort und Person

Grundlage für die Interpretation epidemiologischer Daten ist die Zuordnung der Fälle nach Zeit und Ort ihres Auftretens sowie nach Alter und Geschlecht der Fälle. Um Fehlinterpretationen zu vermeiden, wird im Folgenden beschrieben, wie diese Variablen definiert sind und wie sie erhoben werden.

Zuordnung nach Zeit

Für alle namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten Fälle ist die Meldewoche die Einheit für die zeitliche Zuordnung. Die Meldewoche entspricht der Kalenderwoche nach den Regeln des internationalen Standards ISO 8601 (entspricht DIN 1355). Sie beginnt montags und endet sonntags. Die Meldewochen eines Jahres sind fortlaufend nummeriert, beginnend mit der ersten Woche, die mindestens 4 Tage des betreffenden Jahres enthält. Meldejahre können 52 oder gelegentlich 53 Wochen haben. In das Meldejahr 2022 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 03.01.2022 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 01.01.2023 (einem Sonntag) endet. Die ersten 2 Tage des Jahres 2022 werden demnach noch dem Meldejahr 2021 zugeordnet und der erste Tag des Kalenderjahres 2023 wird dem Meldejahr 2022 zugeordnet.

Die Zuordnung zur Meldewoche wird durch den Tag bestimmt, an dem das Gesundheitsamt offiziell Kenntnis von einem Fall erlangt. Normalerweise ist das der Tag, an dem erstmalig eine Meldung oder Verdachtsmeldung zu einem Fall im Gesundheitsamt eintrifft und das Gesundheitsamt den Fall als solchen anlegt. Es kann auch vorkommen, dass das Gesundheitsamt nicht durch Meldung, sondern durch eigene Ermittlungen Kenntnis von einem Fall erlangt.

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

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

Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Dies ist gemäß § 11 Abs. 3 IfSG in der Regel das Gesundheitsamt, in dessen Bezirk die betroffene Person ihre Hauptwohnung hat oder zuletzt hatte. Falls ein Hauptwohnsitz nicht feststellbar ist oder

die betroffene Person sich dort gewöhnlich nicht aufhält, so ist das Gesundheitsamt zuständig, in dessen Bezirk sich die betroffene Person gewöhnlich aufhält. Falls ein solcher Aufenthaltsort nicht feststellbar ist oder in den Fällen der Meldung nach § 6 Abs. 3 Satz 1 IfSG ist das Gesundheitsamt zuständig, welches die Daten erstmals verarbeitet hat. Das zuständige Gesundheitsamt kann diese Zuständigkeit an ein anderes Gesundheitsamt mit dessen Zustimmung abgeben, insbesondere wenn schwerpunktmäßig im Zuständigkeitsbereich des anderen Gesundheitsamtes weitere Ermittlungen nach § 25 Abs. 1 IfSG angestellt werden müssen. Dabei kann es vorkommen, dass die Infektion an einem anderen Ort innerhalb Deutschlands oder im Ausland erworben wurde, wie dies beispielsweise oft bei nosokomialen Infektionen oder reiseassoziierten Krankheiten der Fall ist. Personen ohne festen Wohnsitz oder ohne Wohnung in Deutschland werden dem für ihren Aufenthaltsort zuständigen Gesundheitsamt zugeordnet. Im Regelfall ist hierbei der Aufenthaltsort zum Zeitpunkt der Meldung maßgeblich.

Über die Kreiszugehörigkeit der betroffenen Personen wird das Bundesland zugeordnet. In sehr seltenen Fällen ist die Zuordnung zu einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt und damit zu einem Bundesland nicht möglich. Diese Fälle sind in Auswertungen nach Landkreis bzw. kreisfreier Stadt oder Bundesland (z.B. Inzidenzberechnungen) nicht berücksichtigt.

Nichtnamentlich direkt an das RKI zu meldende Erregernachweise können nicht eindeutig einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt oder einem Bundesland zugeordnet werden. Die örtliche Zuordnung erfolgt indirekt durch die ersten drei Ziffern der fünfstelligen Postleitzahl (PLZ) des Wohnorts der betroffenen Person. Fehlt diese Information auf dem Meldebogen, so wird die PLZ der einsendenden Ärztinnen und Ärzte benutzt. Fehlt auch diese, so erfolgt die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors. Dadurch kann die geografische Darstellung der epidemiologischen Daten verzerrt sein. Da Laboruntersuchungen zunehmend in Großlaboren durchgeführt werden, die mitunter weit vom Aufenthaltsort der betroffenen Personen entfernt liegen, kann dies zu einer Überrepräsentation einzelner Bundesländer führen. Tab. 2.2.2 zeigt, aufgeschlüsselt nach Krankheit, zu welchen Anteilen die unterschiedlichen PLZ für die örtliche Zuordnung herangezogen wurden. Je nach Krankheit gibt es große Unterschiede. Während bei der Syphilis und Echinokokkose bei 92 % der Fälle Angaben zur PLZ der betroffenen Personen vorhanden waren, waren es bei HIV-Infektionen nur 77 %. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2022 nur für sehr wenige der gemeldeten Erregernachweise.

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

Infektionsort

Sofern dies für die Epidemiologie der Krankheit von Bedeutung ist, werden auch Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland dargestellt. Dabei ist zu beachten, dass es sich hier nicht um das Land handelt, in dem die Infektion nachweisbar erworben wurde, sondern in der Regel um die Länder, in denen sich die betroffene Person während der Inkubationszeit aufgehalten hatte. Da für einen Fall mehrere Infektionsländer in Frage kommen können, sind Mehrfachangaben möglich. Deshalb kann die Summe der genannten Infektionsländer (»Nennungen«) größer als die Summe der Fälle sein. Bei der Angabe verschiedener Landkreise bzw. kreisfreier Städte in Deutschland als wahrscheinlichen Infektionsort wird dies bei der Auswertung nach Ländern als eine einzelne Nennung von Deutschland gewertet. Die Länder werden geografisch den Kontinenten zugeordnet. Die Anzahl der Ländernennungen ist aufgrund von Mehrfachnennungen mehrerer Länder eines Kontinents meist ungleich der Nennungen bei Auswertungen nach Kontinent.

Bei der tabellarischen Darstellung der Länder werden in der Regel die 10 Länder mit den meisten Nennungen gewählt. Wenn rund um das zehnte Land hinaus mehrere Länder die gleiche Anzahl von Nennungen aufweisen, wird die Grenze so gezogen, dass entweder alle oder keines dieser Länder in der Tabelle aufgeführt werden. Dabei sollte die Anzahl der dargestellten Länder nächstmöglich an 10 liegen.

Zuordnung nach Person

Alter

Für alle meldepflichtigen Sachverhalte werden nur der Geburtsmonat und das Geburtsjahr der Fälle an das RKI gemeldet bzw. übermittelt. Per Zufallsverfahren wird ein Geburtstag erzeugt, der für Altersberechnungen benutzt wird. Altersangaben beziehen sich auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Meldung, bei nichtnamentlichen Meldungen auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Diagnose. Bei Meldungen bzw. Übermittlungen,

Tab. 2.2.2:
Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2021

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	8.272	92 %	8 %	1 %
HIV-Infektion	3.239	77 %	21 %	2 %
Malaria	764	86 %	12 %	2 %
Echinokokkose	163	92 %	8 %	0 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	5	100 %	0 %	0 %

die keine Angabe zum Geburtsmonat und -jahr enthalten, kann kein Alter errechnet werden. Diese Fälle werden in der Darstellung nach Altersgruppe nicht berücksichtigt.

Im entsprechenden Abschnitt der krankheitsspezifischen Kapitel wird dargestellt, wie stark die jeweiligen Altersgruppen von der Krankheit betroffen sind. Je nach Krankheit werden unterschiedliche Altersgruppen dargestellt. Auf eine Abbildung wird in der Regel verzichtet, wenn die Gesamtfallzahl unter 100 liegt.

Geschlecht

Das Geschlecht der Fälle ist eine melde- und übermittlungspflichtige Angabe (s. Kap. 2.1). Fälle ohne Angabe zum Geschlecht können in der Darstellung nach Geschlecht nicht berücksichtigt werden.

Inzidenzen

Neben absoluten Fallzahlen werden Inzidenzen zur Beschreibung der Häufigkeit einer Krankheit in ihrer geografischen und demografischen Verteilung eingesetzt. Anstelle von »Inzidenzrate« wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch verkürzend der Begriff »Inzidenz« verwendet.

Als Inzidenz wird dabei die Anzahl der übermittelten Fälle pro Jahr bezogen auf 100.000 Personen der jeweils zugrundeliegenden Bevölkerung berechnet. Im Meldesystem können in der Regel nur die Fälle von Infektionskrankheiten erfasst werden, die im medizinischen Versorgungssystem z. B. von niedergelassenen Ärztinnen und Ärzten, Ärztinnen und Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren erkannt und gemeldet wurden. Wenn infizierte Personen z. B. wegen asymptomatischer oder milder Verläufe keine ärztliche Praxis aufsuchen, und somit keine Diagnostik in einem Labor veranlasst wird oder nach Diagnose keine Meldung erfolgt, werden diese Fälle in der Regel nicht im Meldesystem erfasst. Die Untererfassung kann je nach Meldeweg oder Krankheit unterschiedlich stark ausgeprägt sein (s. Kap. 3.3). Aufgrund der Untererfassung sind die dargestellten Inzidenzen als Meldeinzidenz zu interpretieren.

Gegebenenfalls werden Inzidenzen auch aufgliedert nach Alter, Geschlecht und Bundesland oder Kreiszugehörigkeit dargestellt. Durch den Bezug auf die Anzahl der Einwohnerinnen und Einwohner in der jeweiligen Alters- und Geschlechtsgruppe wird auch bei alters- und geschlechtsspezifischen Vergleichen die demografische Verteilung berücksichtigt. Zudem kann die Inzidenz von Bevölkerungsbewegungen beeinflusst werden. Erfolgt ein Zuzug von Personengruppen, in denen bestimmte Krankheiten, z. B. Tuberkulose, Hepatitis B oder Hepatitis C, häufiger vorkommen, führt dies zu einem Anstieg der Inzidenzen.

Als Grundlage der Inzidenzberechnungen für das Meldejahr 2022 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2021 verwendet, da sie zum Zeitpunkt der Erstellung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs die aktuellste verfügbare, hinreichend differenzierte Statistik war.

Da die Inzidenzen der Vorjahre auf Grundlage der jeweiligen Jahresendstatistiken berechnet werden, führen neue Bevölkerungszahlen zum Teil zu Veränderungen bei den Inzidenzen der Vorjahre. Unterschiede im Vergleich zu den Vorjahren lassen sich daher nicht nur durch veränderte Fallzahlen erklären, sondern eventuell auch durch Veränderungen in den zu Grunde liegenden Bevölkerungszahlen. In den Abbildungen zum zeitlichen Verlauf in den krankheitsspezifischen Kapiteln des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs werden Fallzahlen statt Inzidenzen verwendet.

Anders als bei bundesweiten, nicht altersspezifischen Darstellungen werden bei Darstellungen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickeln können.

Datenstand

Änderungen von Datensätzen ist keine zeitliche Grenze gesetzt, der Zeitpunkt jeder Änderung und der Gültigkeitszeitraum jeder Version eines Falls werden jedoch dokumentiert. Insofern ist jede Darstellung der Daten eine Momentaufnahme, die vom jeweiligen Datenstand abhängig ist. Für die Darstellung der Daten eines Berichtsjahres im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird gewöhnlich der Datenstand 01.03. des Folgejahres verwendet. Im vorliegenden Jahrbuch wurde der Datenstand 01.03.2023 genutzt (für Malaria 01.04.2023, für Syphilis und HIV 01.05.2023). Dieser Datenstand gilt dann für jahresübergreifende Abbildungen und Tabellen sowie für Angaben im Text, die weiter zurückliegende Jahre betreffen. Wenn z. B. im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2022 Fallzahlen für das Jahr 2021 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2023 angewendet. Durch Ermittlungen der Gesundheitsämter bzw. im Ergebnis der Einzelfallkontrolle am RKI werden Datensätze durch die Gesundheitsämter teilweise ergänzt oder verändert; gegebenenfalls werden einzelne Fälle nach gründlicher Recherche auch wieder gestrichen. In Ausnahmefällen kann es auch nach mehreren Jahren noch zu Korrekturen kommen. Dadurch können die Fallzahlen für das Jahr 2021 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2021 – mit Datenstand 15.03.2022 – abweichen.

2.3 Veröffentlichung der Meldedaten

Das RKI veröffentlicht die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelten Daten im Epidemiologischen Bulletin und aktualisiert gleichzeitig die Datengrundlage des im Internet verfügbaren SurvStat@RKI.

Die Veröffentlichung der nichtnamentlichen Meldungen erfolgt – durchschnittlich um 2 Monate gegenüber dem Diagnose-datum verzögert – in der jeweils ersten Ausgabe des Epidemiologischen Bulletins eines Monats und in SurvStat@RKI.

3 Datenqualität

3.1 EDV-technische Unterstützung

Die namentlichen Meldungen an das Gesundheitsamt erfolgen bisher noch über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax) an das Gesundheitsamt. Seit Juni 2020 können Meldungen von SARS-CoV-2-Nachweisen elektronisch über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; www.rki.de/demis) erfolgen. Dies ist seit 01.01.2021 verpflichtend. Seit dem 01.01.2022 müssen auch die Meldungen von anderen Erregernachweisen elektronisch erfolgen. Seit 17.09.2022 müssen Personen, die in Krankenhäusern tätig sind, elektronisch über DEMIS melden. Die Meldungen, die elektronisch oder auf anderem Weg am Gesundheitsamt eintreffen, werden elektronisch verarbeitet und an die zuständige Landesbehörde und das RKI elektronisch übermittelt.

Das RKI stellt für die Gesundheitsämter und zuständigen Landesbehörden kostenlos die gemäß den gesetzlichen Vorgaben und Erfordernissen des Meldewesens entwickelte Software SurvNet@RKI zur Verfügung, die zur Erfassung, Auswertung und Übermittlung der Meldedaten gemäß IfSG dient. Von den 376 datenliefernden Stellen in den Gesundheitsämtern in Deutschland nutzen 256 (68 %) SurvNet@RKI bzw. eine Software, die SurvNet@RKI integriert. Die anderen Gesundheitsämter verwenden eines von mehreren kommerziellen Produkten, die ein nach Vorgaben des RKI strukturiertes Meldemodul als Komponente einer umfassenderen Softwarelösung für das ganze Aufgabenspektrum der Gesundheitsämter anbieten. Die Daten, die mit der jeweiligen Software erfasst wurden, werden bei der Übermittlung nichtnamentlich vom Gesundheitsamt zur zuständigen Landesbehörde in definierte Schnittstellenformate exportiert und dann in SurvNet@RKI eingelesen. Alle zuständigen Landesbehörden benutzen SurvNet@RKI für den Empfang und die Weiterleitung von übermittelten Meldedaten.

SurvNet@RKI wurde mit der Einführung des IfSG erstmals im Jahr 2001 implementiert. Aufgrund von Änderungen im Meldesystem, aber auch aufgrund des technischen Fortschritts wird die Software kontinuierlich weiterentwickelt und an die Bedürfnisse der Nutzer angepasst. Die aktuellen Versionen des Programms sowie die Änderungshistorie sind auf den Internetseiten des RKI abrufbar.

Durch den Einsatz der unterschiedlichen Softwareprodukte kann es aufgrund einer fehlerhaften Umsetzung der Vorgaben des RKI zu Kompatibilitätsproblemen und damit zur Beeinträchtigung der Datenqualität kommen. Dies kann zum Datenverlust, zur Dopplung von Fällen und zu falsch übermittelten Inhalten führen.

Literaturhinweis

RKI: *SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.14 zu SurvNet Version 0.9.36.0.* <https://survnet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx>

3.2 Sicherung der Datenqualität

Das RKI unterstützt und berät die Meldepflichtigen bezüglich ihrer Meldepflicht unter anderem durch folgende Angebote:

- ▶ Onlineformular für die Meldung im DEMIS-Meldeportal
- ▶ Implementierungsleitfaden zur Beschreibung der Schnittstellen für die elektronische Meldung
- ▶ Informationen zur elektronischen Meldung auf der DEMIS-Wissensdatenbank
- ▶ Regelmäßige Sprechstunden für Labore und Krankenhäuser
- ▶ Feedback an Meldende zur Datenqualität bei den Meldungen
- ▶ Vorlagen für Meldebögen
- ▶ Kostenfreie Software zur Identifizierung der Anschrift des Gesundheitsamtes auf Grundlage der Postleitzahl (PLZ-Tool)

Für die Qualitätssicherung der übermittelten und gemeldeten Daten werden am RKI Fehler durch folgende Maßnahmen identifiziert:

- ▶ Regelmäßige Auswertung der epidemiologischen Daten nach Krankheit, Ort und Zeit sowie seltener Ereignisse wie Tod oder Hinweise auf Impfversagen
- ▶ Einzelfallkontrolle bei seltenen Krankheiten (s. Tab. 2.1.1)
- ▶ Regelmäßiger Austausch mit den zuständigen Landesbehörden und obersten Landesgesundheitsbehörden
- ▶ Feedbackberichte an Gesundheitsämter zur Datenvollständigkeit bei COVID-19-Fällen

Auf Grundlage dieser Qualitätssicherungsmaßnahmen wird die Struktur der Meldedaten kontinuierlich verbessert und die Hilfefunktion von SurvNet@RKI weiter ausgebaut. Darüber hinaus werden Prüfalgorithmen in die Software integriert, die Plausibilitätskontrollen automatisch durchführen, so dass die Gesundheitsämter, die SurvNet@RKI verwenden, bereits bei der Dateneingabe auf mögliche Fehler hingewiesen werden. Informationen aus den elektronischen Meldungen werden automatisiert nach definierten Regeln in die Fallinformationen übernommen.

Den Gesundheitsämtern werden Informationen, Erläuterungen und Hilfsmittel zur Verfügung gestellt, um eine hohe Datenqualität zu sichern. Beispiele für entsprechende Angebote des RKI an die Gesundheitsämter sind:

- ▶ Informationsbriefe, in denen Hinweise zur Eingabe der Meldedaten und Bearbeitung von Fällen gegeben werden
- ▶ SurvNet@RKI-Anwenderhandbuch
- ▶ Regelmäßige DEMIS- und SurvNet-Sprechstunden
- ▶ Erläuterungen im Rahmen der Einzelfallkontrolle
- ▶ Teilnahme an Dienstbesprechungen und Schulungen, die von den zuständigen Landesbehörden veranstaltet werden
- ▶ Erläuternde Beiträge im Epidemiologischen Bulletin
- ▶ Antworten auf häufig gestellte Fragen im Epidemiologischen Bulletin und auf den Internetseiten des RKI
- ▶ Ausführliche Informationen auf den Internetseiten des RKI

Jeder Fall, der eine seltene Krankheit betrifft, wird am RKI überprüft und erst dann zur Veröffentlichung freigegeben, wenn die

übermittelten Informationen plausibel und mit der Falldefinition vereinbar sind. Die Einzelfallkontrolle wird durchgeführt, da zum einen einzelne Gesundheitsämter aufgrund des seltenen Auftretens dieser Krankheiten kaum die Möglichkeit haben, Routine in der Bearbeitung dieser Meldungen zu entwickeln. Zum anderen sind es oft die seltenen Krankheiten, die eine besondere Aufmerksamkeit der Fach- und Allgemeinöffentlichkeit genießen, so dass bereits der Einzelfall besonderen Qualitätsansprüchen genügen muss. Sind die übermittelten Informationen unplausibel oder nicht mit der Falldefinition vereinbar, wendet sich das RKI in der Regel an die zuständige Landesbehörde des jeweiligen Bundeslandes und weist auf die inhaltlichen Widersprüche im übermittelten Datensatz hin.

Am RKI selbst werden keine Änderungen an Datensätzen, die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelt wurden, vorgenommen. Korrekturen erfolgen auf der Ebene der Gesundheitsämter, bevor sie auf der Landesebene oder am RKI wirksam werden. Dieses Verfahren wurde gewählt, damit der Datenstand zu einem Fall möglichst auf jeder Ebene (Kreis, Bundesland und RKI) identisch ist, sofern dies übermittlungspflichtige Dateninhalte betrifft.

Literaturhinweise

- RKI: *SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.14 zu SurvNet Version 0.9.36.0.* <https://survnet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx>
- RKI: *Software – SurvNet@RKI. Postleitzahl-Tool des Robert Koch-Institutes.* www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html
- RKI: *Epidemiologisches Bulletin* (erscheint wöchentlich). www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/epid_bull_node.html

3.3 Vollzähligkeit der Erfassung

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

Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

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

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

- ▶ Objektiv oder subjektiv schwere Erkrankungen führen eher zum Arztbesuch als leichte Erkrankungen.
- ▶ Berufstätigkeit, Alter, Geschlecht und Sozialstatus wirken sich unterschiedlich stark auf die Wahrscheinlichkeit aus, eine ärztliche Praxis aufzusuchen.

- ▶ Die Bereitschaft, sich in ärztliche Behandlung zu begeben, unterliegt unter Umständen saisonalen Schwankungen und regionalen Einflüssen.

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

- ▶ Die Schwere der Erkrankung und eventuell auch das Alter der Erkrankten wirken sich auf die Wahrscheinlichkeit aus, mit der eine labor diagnostische Untersuchung veranlasst wird.
- ▶ Labor diagnostische Untersuchungen werden eventuell deshalb nicht angeordnet, weil Befürchtungen bestehen, dass diese das Budget der Praxis belasten. In der Regel fallen jedoch diagnostische Laboruntersuchungen im Zusammenhang mit Infektionen, die gemäß IfSG meldepflichtig sind, nicht in das Laborbudget der Niedergelassenen. Dies gilt auch, wenn es sich lediglich um einen Verdacht handelt. Dieser Tatsache wurde im Einheitlichen Bewertungsmaßstab (EBM) durch die Kennziffer 32006 Rechnung getragen.
- ▶ In Krankenhäusern besteht in Bezug auf die Fallpauschalen eine ähnliche Problematik.

Die genannten Faktoren bleiben vermutlich weitgehend konstant und beeinflussen die Interpretation des Trends epidemiologischer Daten nur in einem geringen Maße. Andere Ereignisse können hingegen einen kurzfristigen Einfluss auf die Häufigkeit von diagnostischen Maßnahmen und somit die Wahrscheinlichkeit von Erregernachweisen oder die Wahrscheinlichkeit einer Meldung haben. Zum Beispiel könnte ein öffentlichkeitswirksamer Ausbruch von Salmonellen dazu führen, dass mehr Erkrankte als sonst wegen gastrointestinaler Symptome ärztliche Praxen aufsuchen. Es würden aufgrund der vorhandenen Kenntnisse über den Ausbruch eher Laboruntersuchungen veranlasst werden und es würden im Anschluss mehr positive Salmonellen-Befunde, aber möglicherweise auch andere Erreger gastrointestinaler Symptome gemeldet werden. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellen, aber möglicherweise auch von anderen gastrointestinalen Krankheiten durch das Gesundheitssystem wäre somit vorübergehend erhöht. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben. Ebenso hatte die COVID-19-Pandemie Auswirkungen darauf, wie der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen.

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

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

- ▶ Meldepflichtige sind sich ihrer Meldepflicht für einzelne Krankheiten bzw. Erregernachweise nicht bewusst.
- ▶ Meldepflichtige Einrichtungen, in denen selten meldepflichtige Krankheiten diagnostiziert werden, sind organisatorisch nicht darauf eingestellt, die Meldungen zuverlässig und mit wenig Aufwand abzusetzen.

- Meldepflichtige Personen oder Einrichtungen verweigern die Befolgung der Meldepflicht, oftmals mit dem Hinweis auf den Arbeitsaufwand und wegen fehlender Einsicht in den Nutzen des Verfahrens.

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

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

Übermittlung von Fällen vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde

Meldepflichtige Krankheiten oder Erregernachweise, die dem Gesundheitsamt gemeldet wurden, sollten immer dann übermittelt werden, wenn sie die jeweilige Falldefinition erfüllen. Die Falldefinitionen haben zum Ziel, bundesweit einheitliche Kriterien im Rahmen der epidemiologischen Überwachung von Infektionskrankheiten sicherzustellen. Für jede meldepflichtige Infektionskrankheit und jeden meldepflichtigen Erregernachweis wird durch die Falldefinition ein Kriterienkatalog zur Verfügung gestellt, auf dessen Grundlage das Gesundheitsamt die Entscheidung fällt, einen Fall zu übermitteln. An dieser Stelle wird deutlich, dass die Gesundheitsämter eine verantwortungsvolle und arbeitsintensive Filterfunktion innerhalb des gesamten Meldesystems haben. Der positive Vorhersagewert – ein Qualitätskriterium, das beschreibt, mit welcher Sicherheit ein erfasster Fall tatsächlich den zu erfassenden Sachverhalt darstellt – wird durch die Arbeit des Gesundheitsamtes entscheidend beeinflusst.

Die zuständigen Landesbehörden unterstützen das beschriebene Qualitätsmanagementsystem des RKI (s. Kap. 3.2) durch entsprechende Beratung und Information der Gesundheitsämter, um fälschlich übermittelte Fälle zu vermeiden und so den positiven Vorhersagewert zu optimieren.

Auch bei der Übermittlung von Fällen kann es unter anderem aus folgenden Gründen dazu kommen, dass nicht alle übermittlungspflichtigen Fälle tatsächlich an die zuständige Landesbehörde übermittelt werden:

- Mängel in der vom Gesundheitsamt benutzten Software oder deren Fehlbedienung können zum Verlust von Daten oder fehlerhaften Übermittlungen führen.
- Ungenügende personelle Ausstattung in den Gesundheitsämtern kann zur Folge haben, dass gemeldete Fälle und Ausbrüche nicht ausreichend ermittelt werden und somit (epidemiologisch) assoziierte Fälle unentdeckt bleiben oder bekannte Fälle nicht übermittelt werden.

Übermittlung von Fällen von der zuständigen Landesbehörde an das RKI

Fälle, die sich auf Landesebene in der Datenbank befinden, müssen an das RKI übermittelt werden, damit sie bundesweit

zusammengefasst und ausgewertet werden können. Der Übermittlungsprozess ist weitgehend automatisiert, so dass davon auszugehen ist, dass der Anteil der bei diesem Vorgang verlorengegangenen Daten vernachlässigbar ist.

Literaturhinweise

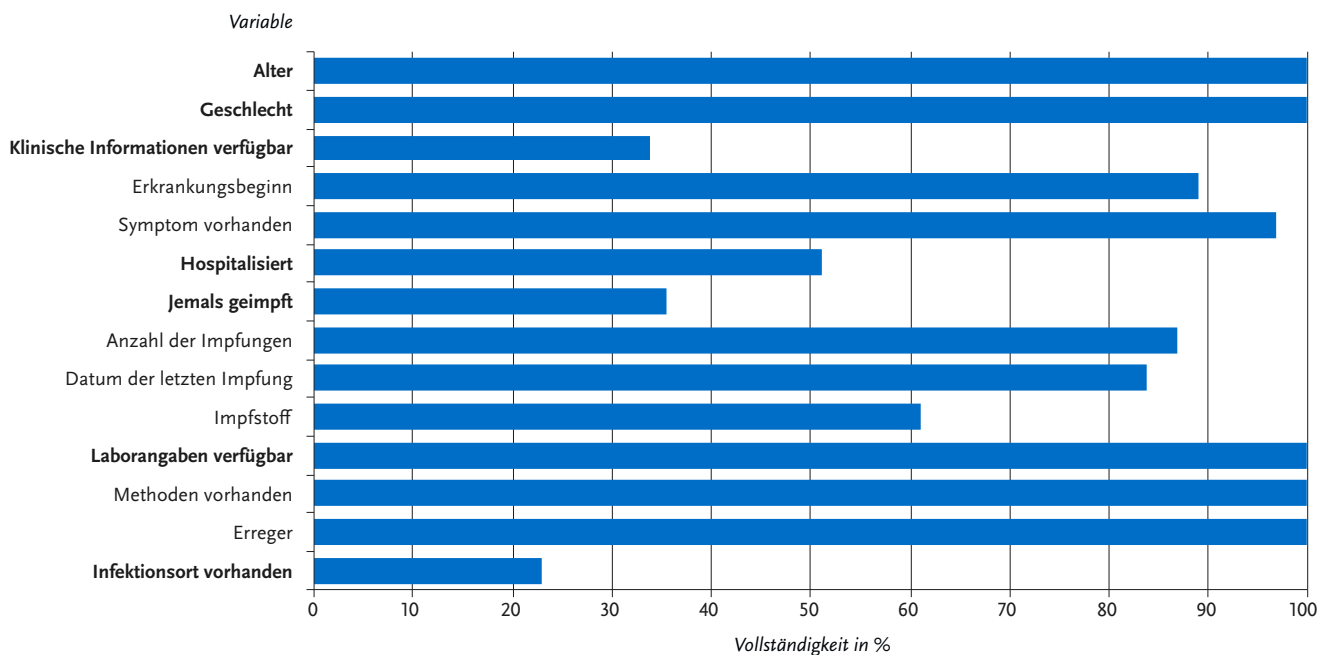
- von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, Altmann D, Zimmermann R, Dudareva S: *Implications of a change in case definition and screening of asylum seekers for hepatitis B surveillance in Germany in 2015 and 2016*. *Epidemiol Infect* 2020. doi.org/10.1017/S0950268820000242
- Boes L, Houareau C, Altmann D, et al.: *Evaluation of the German surveillance system for hepatitis B regarding timeliness, data quality, and simplicity, from 2005 to 2014*. *Public Health* 2020; 180:141 – 148.
- Blümel B, Diercke M, Sagebiel D, Gilsdorf A: *Positive predictive value of the German notification system for infectious diseases: Surveillance data from eight local health departments, Berlin, 2012*. *PLoS One* 2019. [doi: 10.1371/journal.pone.0212908](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212908)
- Diercke M: *Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS)*. *Epid Bull* 2017; 30:291 – 293. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-039>
- Kuehne A, Bouwknecht M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. *Epidemiol Infect* 2016; 144:3305 – 3315.
- Plass D, Mangen MJ, Kraemer A, et al.: *The disease burden of hepatitis B, influenza, measles and salmonellosis in Germany: first results of the burden of communicable diseases in Europe study*. *Epidemiol Infect* 2014; 142:2024 – 2035.
- Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J: *Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016 – 2017*. *BMC Public Health* 2018. <https://doi.org/10.1186/s12889-018-5971-y>
- Takla A, Wichmann O, Rieck T, Matysiak-Klose D: *Measles incidence and reporting trends in Germany, 2007 – 2011*. *Bull World Health Org* 2014. <https://doi.org/10.2471/BLT.13.135145>
- Wilking H, Spitznagel H, Werber D, Lange C, Jansen A, Stark K: *Acute gastrointestinal illness in adults in Germany: a population-based telephone survey*. *Epidemiol Infect* 2013; 141:2365 – 2375.

3.4 Vollständigkeit der Datensätze

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

Viele Informationen werden in standardisierter Form erfasst. Dabei werden einige Informationen für alle Einzelfälle erhoben, wie z. B. Alter, Geschlecht, Hospitalisierung, Tod oder Zugehörigkeit der einzelnen Fälle zu Ausbrüchen. Andere Informationen, wie Symptome, Impfstatus, Labormaterial und -methode, werden entsprechend den Erregereigenschaften und Falldefinitionskategorien nur für einen Teil der Fälle angegeben. Die Vollständigkeit der Datensätze hängt auch davon ab, wie vollständig die Angaben auf den Meldebögen durch die meldenden Personen sind und inwieweit die notwendigen Informationen den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung zur Verfügung gestellt werden. So sind die Angaben zu Alter und Geschlecht bei nahezu 100 % der Fälle vorhanden. Angaben, die zur Erfüllung der Falldefinition erforderlich sind, wie die Verfügbarkeit von Laborangaben lagen in 100 % der Fälle vor. Angaben, die teilweise von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen, z. B. Angaben, ob die betroffene Person geimpft ist, oder Angaben

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2022



zum wahrscheinlichen Infektionsort lagen in 36 % bzw. 23 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1). Allerdings spiegeln diese Daten aufgrund des hohen Anteils von COVID-19-Fällen an allen Fällen für 2022 vor allem die Datenvollständigkeit bei COVID-19-Fällen wider.

3.5 Zeitnähe

Wie zeitnah die Meldedaten zur Verfügung stehen, hat entscheidenden Einfluss auf ihren Nutzen für den Infektionsschutz, da sich gerade die epidemiologische Situation von Infektionskrankheiten kurzfristig ändern kann und frühzeitige Interventionen notwendig werden können. Nicht nur die Gesundheitsämter, sondern auch die zuständigen Landesbehörden und das RKI sind auf frühzeitige Informationen zur epidemiologischen Lage angewiesen, denn vielfach haben z. B. Krankheitsausbrüche ihre Auswirkungen über die Grenzen von Bundesländern und Staaten hinaus. Zum Teil können Ausbrüche erst durch die bundesweite Zusammenführung von Meldedaten erkannt werden, weil sich die einzelnen Fälle über mehrere Kreise so verteilen, dass dort diese Häufung gar nicht wahrgenommen werden kann.

Die namentlichen Meldungen müssen innerhalb von 24 Stunden nach erlangter Kenntnis dem Gesundheitsamt vorliegen. Die gemeldeten Erkrankungen und Erregernachweise, die die Faldefinition erfüllen, müssen vom Gesundheitsamt spätestens am folgenden Arbeitstag an die zuständige Landesbehörde sowie von dort spätestens am folgenden Arbeitstag an das RKI übermittelt werden (s. Kap. 2).

Für das Jahr 2022 wurden für die namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise die Dauer zwischen den einzelnen Etappen des Melde- und Übermittlungsweges berechnet (s. Abb. 3.5.1). In den verschiedenen Kategorien sind der Median (50. Perzentil; Linie), das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. In diese Berechnung gingen nur die Fälle ein, die mittels SurNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im aktuellen Berichtsjahr 30.630.516 Fälle mit hinreichenden Angaben, das sind fast 100 % aller übermittelten Fälle.

Folgende in der Datenbank am RKI vorliegende Zeitangaben wurden zur Berechnung der Dauer verwendet:

- ▶ **Erkrankungsdatum:** Datum des Erkrankungsbeginns
- ▶ **Diagnosedatum:** Datum der Diagnose (bei differierenden Angaben beim Vorliegen mehrerer Meldungen zum gleichen Fall das früheste Datum)
- ▶ **Melddatum:** Datum des Eingangs einer Meldung beim Gesundheitsamt
- ▶ **Falleingabedatum:** Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Gesundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeitstempel am Gesundheitsamt der ersten übermittelten Version des Falls
- ▶ **Eingangsdatum beim RKI:** Zeitstempel der Übernahme eines Falls in die RKI-Datenbank
- ▶ **Freischaltungsdatum:** Tag, an dem ein Fall, der der Einzelfallkontrolle durch eine Mitarbeiterin oder einen Mitarbeiter des RKI unterliegt, zur Veröffentlichung freigegeben wurde.

Eine gesonderte Betrachtung des Meldeverzugs für Krankheiten durch Erreger, die gemäß § 7 Abs. 3 IfSG meldepflichtig sind, entfällt, da bei diesen nichtnamentlich meldepflichtigen Erregernachweisen andere Meldefristen gelten und der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsgenau angegeben werden darf und die Berechnung deshalb zu ungenau wäre.

Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkrankung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 4.297.951 Fällen (14 %) berechnet werden. Im Jahr 2022 dauerte es im Median 2 Tage vom Beginn der Erkrankung bis zum Diagnosedatum. Bei den mittleren 50 % der Fälle, also jenen zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil, vergingen zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosestellung 1 bis 3 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 83 % der im Jahr 2022 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag bei einem Tag.

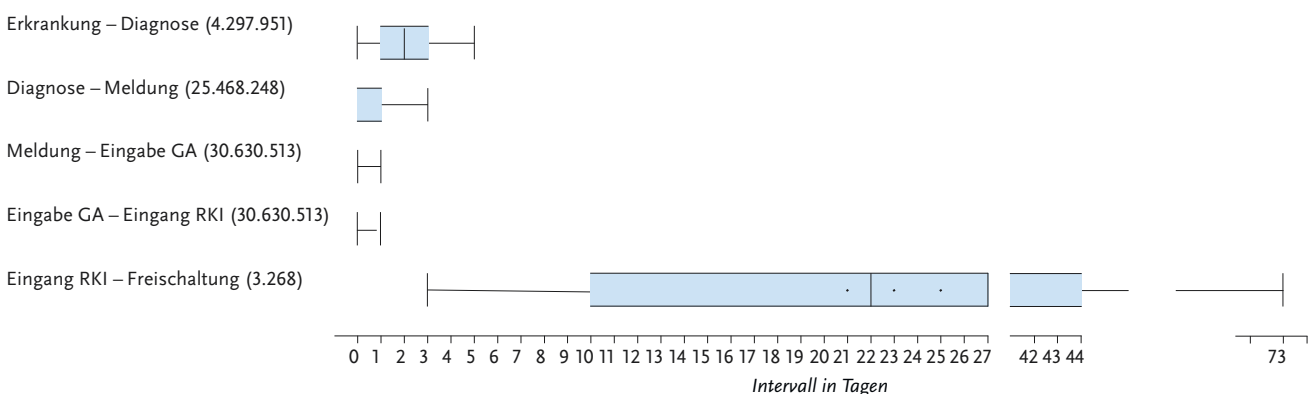
Der Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt lag im Median bei 0 Tagen und verursachte somit kaum Verzögerungen. Hier spielt insbesondere die elektronische Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen eine große Rolle. Die Meldungen werden elektronisch im Gesundheitsamt empfangen und können dadurch automatisiert weiterverarbeitet werden. Manuelle Eingabeschritte werden reduziert und die Zeitnähe erhöht.

Die Übermittlung vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI muss gemäß IfSG jeweils innerhalb eines Arbeitstages erfolgen. Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum am RKI) betrug im Median 0 Tage. Eine weitere Verzögerung kann sich durch die Datenaufbereitung und Qualitätskontrolle, die der bundesweiten wöchentlichen Veröffentlichung der Daten vorangeht, ergeben (Zeitraum zwischen Eingangsdatum am RKI und Freischaltungsdatum). Fälle, die einer Einzelfallkontrolle unterliegen, werden mit größerem Verzug veröffentlicht. Das Intervall zwischen Eingang am RKI und Freischaltung wurde für die 3.268 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 22 Tagen. Der Verzug der Freischaltung kann durch verschiedene Faktoren beeinflusst werden. Dazu zählen z. B. die Dauer der initialen Qualitätsprüfung am RKI, die Komplexität einzelner Fälle, die aufgrund der Qualitätskontrolle zunächst zurückgehalten werden und erst nach Korrektur durch das zuständige Gesundheitsamt zur Veröffentlichung freigegeben werden sowie technische Schwierigkeiten auf der Ebene der Gesundheitsämter, die dazu führen können, dass die geforderten Korrekturen in Einzelfällen mehrere Wochen dauern. Im Jahr 2022 hat sicherlich auch die hohe Arbeitsbelastung durch die andauernde COVID-19-Pandemie dazu geführt, dass die Einzelfallkontrollen für andere Krankheiten mit Verzögerung erfolgt sind (s. Abb. 3.5.1).

Literaturhinweis

Schumacher J, Diercke M, Salmon M, et al.: *Timeliness in the German surveillance system for infectious diseases: Amendment of the infection protection act in 2013 decreased local reporting time to 1 day.* PLoS ONE 2017. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187037>

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2022 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



4 Krankheitsübergreifende Auswertung

Im Folgenden werden die Krankheiten unter epidemiologischen Aspekten wie Angaben zur Person und zum Ort sowie zu klinischen Aspekten miteinander verglichen. Detaillierte Angaben zu den einzelnen Krankheiten können im Kapitel 6 »Spezielle Krankheiten« nachgelesen werden. Beim krankheitsübergreifenden Vergleich ist zu beachten, dass für die verschiedenen Krankheiten unterschiedliche Falldefinitionskategorien die Referenzdefinitionen erfüllen (s. Kap. 2.2). So werden z. B. für Norovirus-Gastroenteritis nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitionskategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen (Falldefinitionskategorie C) auch klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen (Falldefinitionskategorie B) die Referenzdefinition erfüllen.

4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2022 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die mit Abstand höchste Inzidenz wies im Jahr 2022 die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) mit bundesweit 36.246 Fällen pro 100.000 Einwohner auf. Die zweithöchste Inzidenz entfiel auf die Influenza (256), diese war deutlich höher als im Vergleich zum Vorjahr. Zu den häufigsten Krankheiten gehörten des Weiteren Norovirus-Gastroenteritis (55 Erkr./100.000 Einw.), *Campylobacter*-Enteritis (52), Rotavirus-Gastroenteritis (28), Hepatitis B (20), Windpocken (12) und Salmonellose (11).

4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

Im Folgenden werden krankheitsübergreifende epidemiologische Aspekte meldepflichtiger Krankheiten analysiert. Dabei wird die Verteilung der Fälle nach Alter und Geschlecht sowie nach regionalen und saisonalen Aspekten dargestellt.

Fälle nach Alter

In Abb. 4.2.1 ist die Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2021 dargestellt. Die Übermittlungskategorien sind nach Altersmedian (50. Perzentil; Linien) sortiert. Zusätzlich sind das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet.

Den geringsten Altersmedian hat die Rotavirus-Gastroenteritis (6 Jahre). Der Median von weiteren gastrointestinalen Krankheiten wie der EHEC-Erkrankung, der Norovirus-Gastroenteritis, der Salmonellose und der Kryptosporidiose lag zwischen 24 und 36 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare

Krankheiten wie HIV-Infektion, Hepatitis B und C sowie Syphilis betrafen v. a. Personen mit einem Altersmedian zwischen 38,5 und 49 Jahren. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian bei 72,5 bzw. 77 Jahren.

Fälle nach Geschlecht

In Abb. 4.2.2 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ($p < 0,05$) Inzidenzunterschieden bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 übermittelten Fällen dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v. a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Mpox, Syphilis, HIV-Infektion und Hepatitis C, aber auch für Diphtherie, Hantavirus-Erkrankung, Legionellose, Malaria, *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und invasive MRSA-Infektionen. Dagegen waren die Inzidenzen von Influenza, COVID-19, Norovirus-Gastroenteritis, Keuchhusten, Kryptosporidiose und EHEC-Erkrankung bei Frauen höher als bei Männern.

Fälle nach Region

In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten Inzidenzunterschieden zwischen Stadt- und Landkreisen (einschließlich Region Hannover und Städteregion Aachen) dargestellt. Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine exakte Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). In Stadtkreisen wurden höhere Inzidenzen für Mpox sowie für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Denguefieber, Shigellose und Giardiasis, und für vorwiegend im Krankenhaus erworbene Infektionen oder Kolonisationen wie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation, beobachtet. Auch für Tuberkulose sowie für Hepatitis B, Hepatitis C und Hepatitis D lagen die Inzidenzen in den Stadtkreisen höher als auf dem Land.

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

Abb. 4.1.1:
 Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten
 mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2022

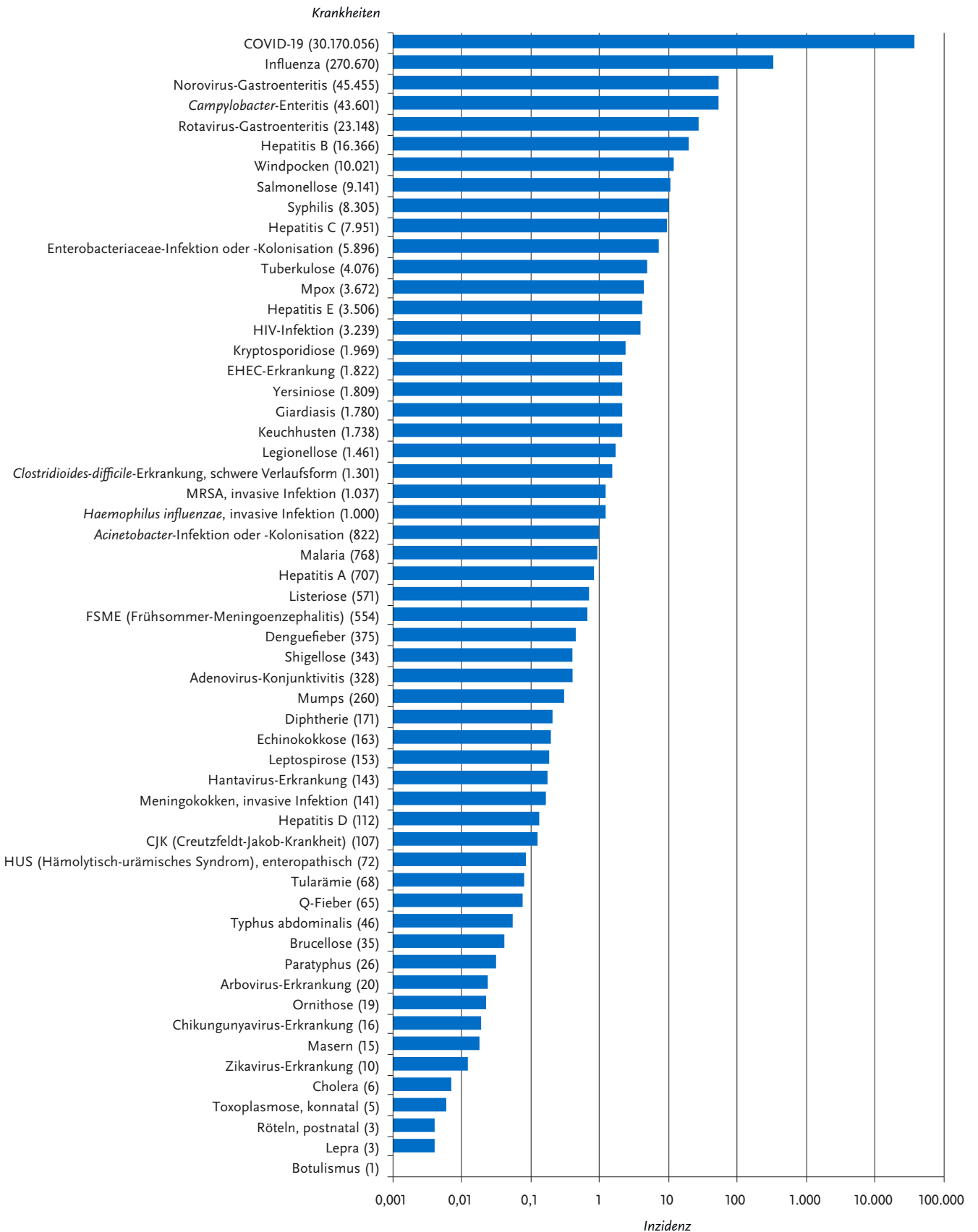


Abb. 4.2.1:
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen
Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2022

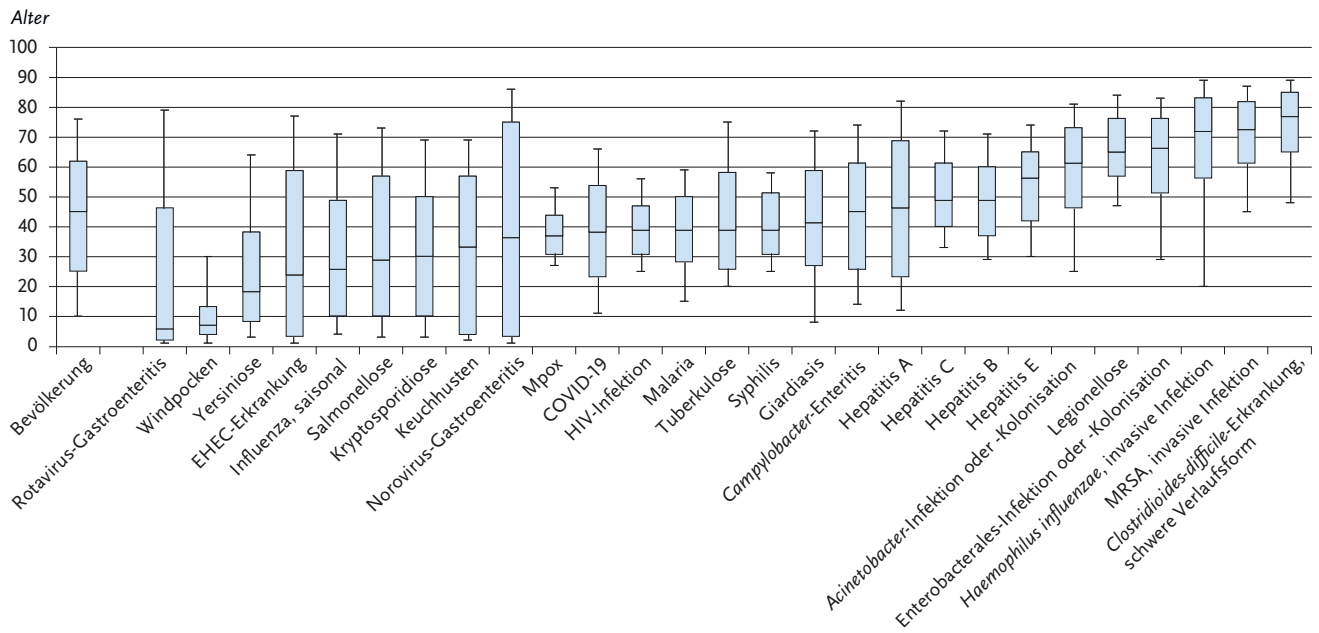


Abb. 4.2.2:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten
mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2022

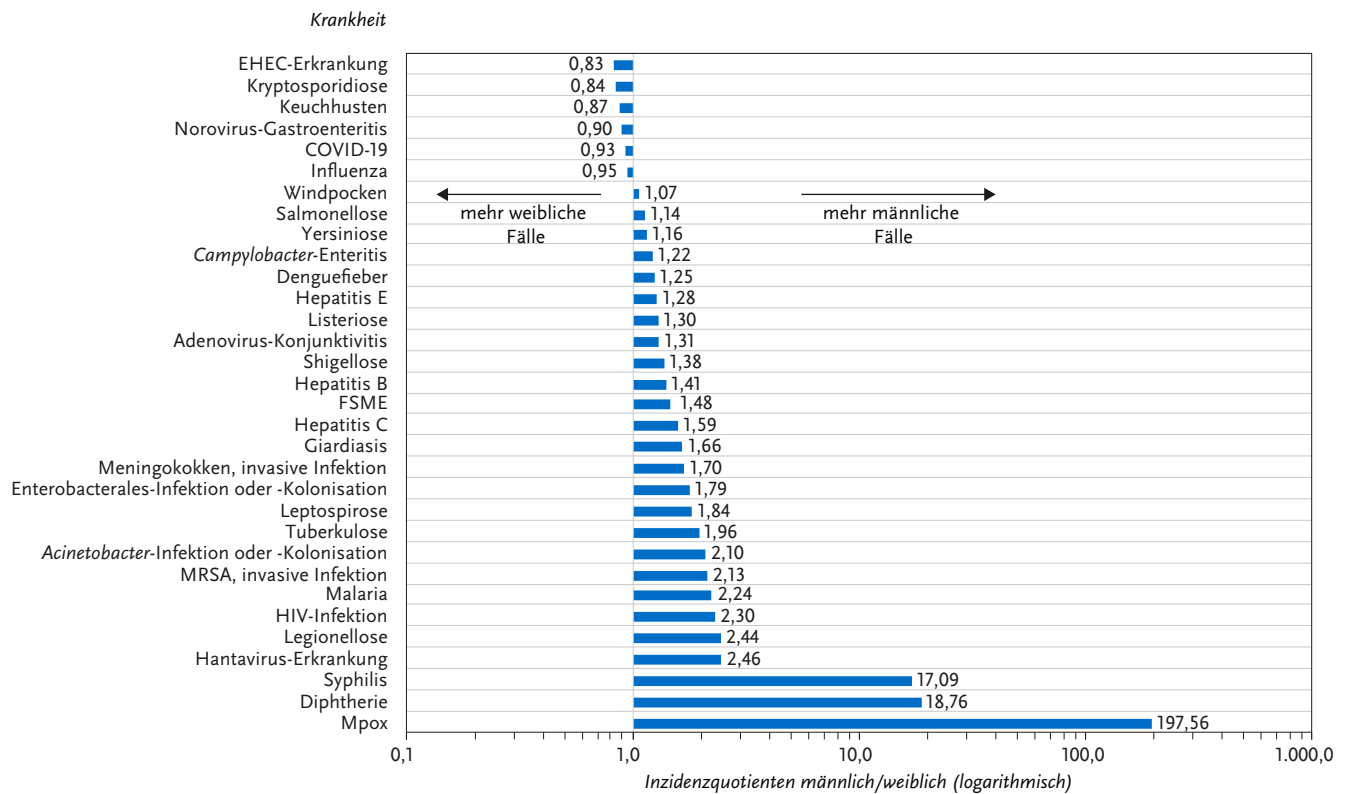
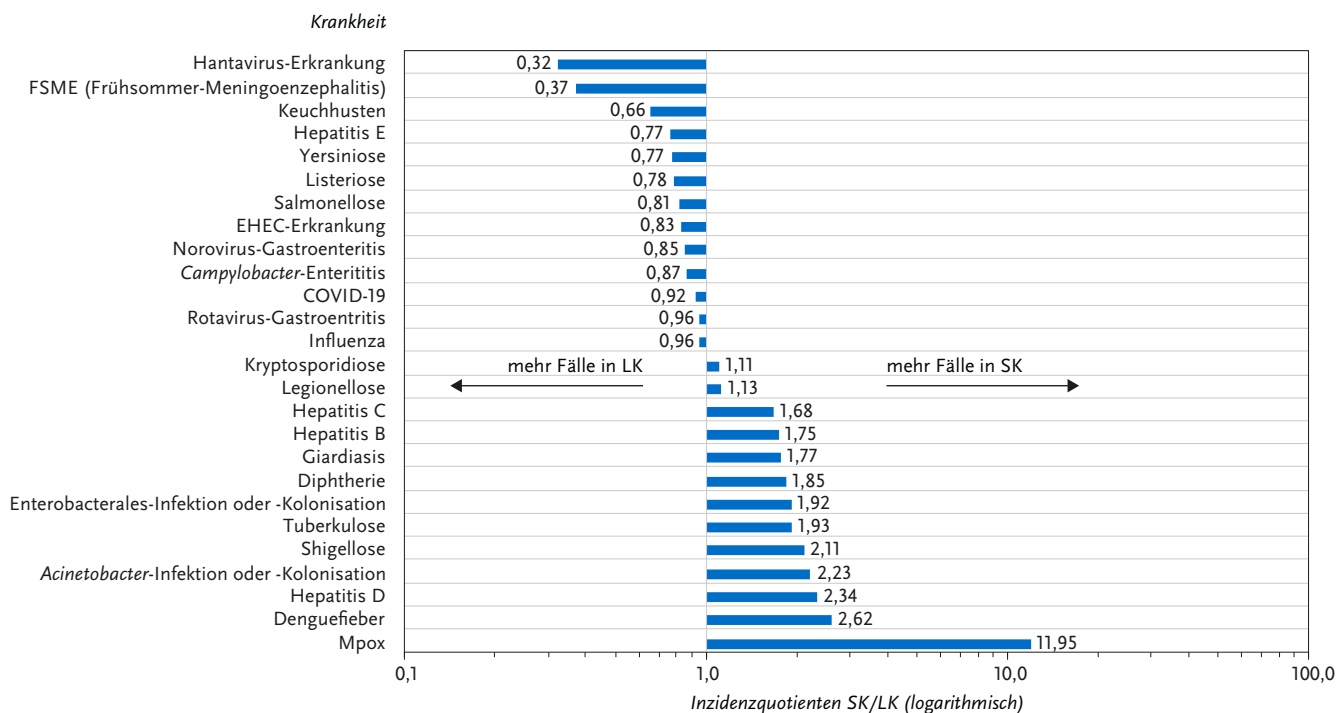


Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2022



4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 43 % der übermittelten Fälle vor, was jedoch vor allem durch COVID-19 beeinflusst wird. Lässt man die beiden Kategorien mit hohen Fallzahlen (Influenza und COVID-19) weg, dann liegen für über 80 % der übermittelten Fälle Angaben zur Hospitalisierung vor. In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2022 dargestellt. Krankheiten wie HIV-Infektion, Syphilis und Malaria, die nicht namentlich an das RKI gemeldet werden, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden.

Der höchste Anteil hospitalisierter Fälle mit mehr als 95 % wurden für die Legionellose, invasive MRSA-Infektion, schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, Listeriose und invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen ermittelt. Dies sind jedoch auch die Krankheiten, bei denen die Meldepflicht und die Falldefinitionen auf schwer-verlaufende odere invasive Infektionen fokussieren. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurden bei den Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen, also bei COVID-19 (12.961.476), gefolgt von Influenza (164.041), Norovirus-Gastroenteritis (37.870) und *Campylobacter*-Enteritis (36.712) beobachtet. Bei der Interpretation des Anteils der Hospitalisierten

sollte berücksichtigt werden, dass weniger schwer verlaufende Erkrankungen im Meldesystem weniger gut erfasst werden, weswegen in den Meldedaten die Gesamtzahl der Fälle unterschätzt, der Anteil schwerer Verlaufsformen aber überschätzt wird.

Todesfälle

Angaben zum Tod zählen zu den melde- und übermittlungspflichtigen Inhalten. Es wird jedoch bei der Ermittlung von Todesfällen und der Bewertung der entsprechenden Informationen in den Gesundheitsämtern unterschiedlich vorgegangen. So kann z.B. bei multimorbiden Patienten nicht immer eindeutig bestimmt werden, ob die gemeldete Infektion oder eine der Vorerkrankungen zum Tod geführt hat. Außerdem kann bei einigen Krankheiten eine lange Zeitspanne zwischen Erkrankungsbeginn und Tod liegen, so dass solche Fälle gegebenenfalls nicht als verstorben übermittelt werden, weil die Ermittlungen des Gesundheitsamtes zum Zeitpunkt des Todes möglicherweise schon abgeschlossen waren. Gleichzeitig ist es wahrscheinlicher, dass schwere Krankheitsverläufe, die zum Tod geführt haben, gemeldet werden, als leichte Krankheitsverläufe. In der Folge könnte es einerseits zu einer Unterschätzung der Anzahl der Todesfälle, andererseits zu einer Überschätzung des Anteils der Verstorbenen einer Infektionskrankheit kommen. Daher können die folgenden Angaben kein exaktes Abbild liefern, sondern nur Hinweise zur Einschätzung der Letalität der Krankheiten geben.

Tab. 4.3.1:
Anzahl und Anteil der hospitalisierten und verstorbenen Fälle bei den namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2022

Erkrankung	Fälle Gesamt	Fälle mit Angabe zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)
COVID-19	30.170.056	12.961.476	446.397	3	28.658.236	33.462	0
Influenza	270.670	164.041	35.196	21	268.920	569	0
Norovirus-Gastroenteritis	45.455	37.870	21.067	56	45.288	17	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	43.601	36.712	8.663	24	43.459	2	0
Rotavirus-Gastroenteritis	23.148	19.087	11.151	58	23.054	5	0
Hepatitis B	16.366	10.976	1.159	11	16.290	4	0
Windpocken	10.021	7.818	355	5	9.985	2	0
Salmonellose	9.141	7.959	3.005	38	9.117	13	0
Hepatitis C	7.951	5.382	984	18	7.895	3	0
<i>Enterobacteriaceae</i> -Infektion oder – Kolonisation	5.896	5.300	4.808	91	5.794	36	1
Tuberkulose	4.076	3.740	3.137	84	4.037	116	3
Mpox	3.672	3.267	234	7	3.669	0	0
Hepatitis E	3.506	3.132	1.501	48	3.485	13	0
Kryptosporidiose	1.969	1.655	212	13	1.965	1	0
EHEC-Erkrankung	1.822	1.572	530	34	1.821	0	0
Yersiniose	1.809	1.464	467	32	1.801	0	0
Giardiasis	1.780	1.433	244	17	1.770	0	0
Keuchhusten	1.738	1.535	99	6	1.733	1	0
Legionellose	1.461	1.439	1.394	97	1.453	94	6
<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	1.301	1.254	1.208	96	1.273	225	18
MRSA	1.037	969	934	96	1.014	84	8
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	1.000	955	903	95	980	54	6
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	822	745	669	90	809	9	1
Hepatitis A	707	636	406	64	704	3	0
Listeriose	571	528	502	95	558	36	6
FSME (Frühsommermeningoenzephalitis)	554	546	474	87	554	2	0
Denguefieber	375	334	93	28	374	1	0
Shigellose	343	304	82	27	343	0	0
Adenovirus-Konjunktivitis	328	228	40	18	327	0	0
Mumps	260	226	55	24	259	0	0
Diphtherie	171	147	48	33	171	1	1
Leptospirose	153	143	116	81	153	1	1
Hantavirus-Erkrankung	143	136	87	64	143	0	0
Meningokokken, invasive Infektion	141	141	139	99	140	12	9
Hepatitis D	112	85	17	20	112	0	0
CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	107	105	102	97	106	54	51

Angaben zum Tod lagen für über 95 % der übermittelten Fälle vor. In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2022 dargestellt. Krankheiten, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wie HIV-Infektion, Syphilis und Malaria, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen im Verlauf nicht erhoben werden kann, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbener

wurde für CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) (56 %), schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (18 %), invasive Meningokokken-Infektion (9 %), invasive MRSA-Infektionen (8 %), Legionellose (6 %), *Haemophilus-influenzae*-Infektionen (6 %) und Listeriose (6 %) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei COVID-19 (33.462) beobachtet gefolgt von Influenza (569), schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (225) und Tuberkulose (116).

5 Ausbrüche

Als Ausbrüche werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch Gruppen solcher Fälle bezeichnet, für die im Laufe des Meldeprozesses ein epidemiologischer Zusammenhang dokumentiert wurde. Fälle können in der Übermittlungssoftware auf der Ebene des Gesundheitsamtes, der zuständigen Landesbehörde oder des RKI verknüpft werden, um ihre Zugehörigkeit zu einem Ausbruch anzuzeigen. Zusätzlich können auch in der Übermittlungssoftware Ausbrüche miteinander verknüpft und dadurch zusammengefasst werden. So ist es z. B. möglich, dass 2 Ausbrüche, die in verschiedenen Gesundheitsämtern eines Bundeslandes erzeugt wurden, auf Landesebene zusammengefasst und dann auf Bundesebene mit weiteren Ausbrüchen in anderen Bundesländern verknüpft werden.

Die in diesem Jahrbuch dargestellten Ausbrüche sind also Ansammlungen von Fällen, bei denen über die rein zeitliche und räumliche Häufung hinaus Gründe für die Feststellung eines epidemiologischen Zusammenhangs vorliegen.

Zum besseren Verständnis der im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch angegebenen Zahlen sind folgende Regeln zu beachten:

- ▶ Bei der Ermittlung der Fallzahl (Anzahl der enthaltenen Fälle) werden nur die Fälle gezählt, die die Referenzdefinition erfüllen.
- ▶ Ausbrüche werden nach der Fallzahl in solche mit 2 bis 4 Fällen und solche mit 5 oder mehr Fällen eingeteilt, da bei letzteren anzunehmen ist, dass es sich um haushaltsübergreifende Geschehen handelt. Ausbrüche, bei denen nur ein einzelner Fall die Referenzdefinition erfüllt, werden nicht in die Auswertung einbezogen.
- ▶ Ein Ausbruch wird in dem Meldejahr gezählt und ausgewertet, in dem sein Meldebeginn liegt. Der Meldebeginn ist der Meldezeitpunkt des Falles mit dem frühesten Meldedatum, unabhängig davon, ob dieser die Referenzdefinition erfüllt. Das bedeutet, dass es theoretisch möglich ist, dass ein Fall, der bei der Fallzahl des Ausbruchs nicht mitgezählt wird, dennoch seinen Meldebeginn festlegt.
- ▶ Zur Fallzahl eines Ausbruchs tragen alle zugeordneten Fälle bei, unabhängig vom Meldejahr der Fälle. Dies kann unter Umständen dazu führen, dass die Anzahl der Fälle in Ausbrüchen eines Meldejahres die Gesamtzahl der Fälle des Meldejahres übersteigt.
- ▶ Es werden nur die Ausbrüche der obersten Verknüpfungsebene mit mindestens 2 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, ausgewertet. Das bedeutet, dass bei Verknüpfung von 2 Ausbrüchen A und B zu einem Ausbruch C nur ein Ausbruch (nämlich C) gezählt wird. Als Fälle dieses Ausbruchs werden dann alle Fälle der Ausbrüche A und B gezählt.
- ▶ Enthält eine Häufung Fälle mehrerer Krankheiten, so werden jeweils nur die Fälle einer Krankheit als zu einem Ausbruch gehörig betrachtet. Eine Ausnahme bilden Ausbrüche mit EHEC- und HUS-Fällen. Hier werden HUS-Fälle, die im Rahmen von EHEC-Ausbrüchen gemeldet werden, bei der Auswertung dieser Ausbrüche mit einbezogen. Ein solcher Ausbruch wird als HUS-Ausbruch gewertet, wenn mindestens ein HUS-Fall enthalten ist.

Zu beachten ist, dass diese Regeln rückwirkend auch auf Ausbrüche früherer Jahre angewendet wurden, so dass es gegenüber früheren Jahrbüchern zu abweichenden Zahlen kommen kann.

Bei Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.45) erfüllen nur klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Fälle die Referenzdefinition, klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle werden nicht berücksichtigt. Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden nur die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche berichtet, die mindestens 2 klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Fälle enthalten. Dadurch kommt es zu einer Unterschätzung der tatsächlichen Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie der im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen. Wegen der daraus resultierenden, eingeschränkten Vergleichbarkeit mit den anderen Ausbrüchen werden die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche im Folgenden bei krankheitsübergreifenden Auswertungen nur am Ende des Kapitels 5.2 sowie im Kapitel 6.45 dargestellt.

5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

In Tab. 5.1.1 sind die Anzahl der übermittelten Ausbrüche, die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch sowie die maximale einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl für die unterschiedlichen Krankheiten dargestellt. Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten 2022 die meisten Ausbrüche. COVID-19-Ausbrüche wurden – vergleichbar dem Vorjahr – am häufigsten übermittelt (105.895 Ausbrüche mit 586.525 darin enthaltenen Fällen). Die Anzahl der übermittelten Krankheitsausbrüche durch andere Krankheitserreger stieg nach 2 Jahren wieder deutlich an, blieb aber überwiegend noch unter dem Vorpandemieniveau, z. B. die Influenza (3.086 mit 18.027 Fällen). Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden (695 mit 4.196 Fällen) und Windpocken (543 mit 2.109 Fällen) sowie die potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüche von *Campylobacter*-Enteritis folgten (151 mit 367 Fällen; s. Tab. 5.1.1). Ungewöhnlich war 2022 die hohe Zahl von Fällen in Diphtherie-Ausbrüchen (5 mit 159 Fällen), die u. a. auch Teil eines internationalen Ausbruchs importierter Diphtherie mit *C. diphtheriae* unter Geflüchteten waren (s. Tab. 5.1.1; s. Kap. 6.14).

Im Mittel enthielten die COVID-19-Ausbrüche 2022 6 Fälle und waren damit vergleichbar mit Ausbrüchen z. B. durch Influenza, Rotaviren oder Salmonellen (s. Tab. 5.1.1). Durch die molekulare Surveillance können vermehrt auch Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden, was sich sowohl auf die Größe als auch Dauer auswirkt. So ist aus epidemiologischer Sicht die Detektion von, mit bis zu 46 Fällen, großen überregionalen Salmonellose-Ausbruchsgeschehen bemerkenswert (s. Kap. 6.53). Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer (Median) berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (bzw. wenn beides nicht vorlag, dem Meldedatum) des frühesten und des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert und erfasst für Infektionskrankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen. Salmonellose-

Tab. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen
in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2022

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
COVID-19	105.895	586.525	6	1.029
Influenza	3.086	18.027	6	358
Rotavirus-Gastroenteritis	695	4.196	6	52
Windpocken	543	2.109	4	35
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	151	367	2	31
Salmonellose	121	812	7	46
Keuchhusten	44	240	5	35
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	33	93	3	25
Tuberkulose	33	84	3	6
Hepatitis A	16	37	2	4
Kryptosporidiose	11	26	2	3
Giardiasis	11	33	3	5
Listeriose	11	26	2	5
Adenovirus-Konjunktivitis	11	47	4	15
Legionellose	9	21	2	4
Shigellose	8	24	3	9
Mumps	8	50	6	24
Hepatitis B	6	12	2	2
Diphtherie	5	159	32	144
Hepatitis E	4	8	2	2
Yersiniose	4	10	3	3
Q-Fieber	2	6	3	3
Hepatitis C	2	4	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	2	4	2	2
Tularämie	1	3	3	3
FSME	1	4	4	4
Typhus abdominalis	1	2	2	2
Summe	110.714	612.929		

Ausbrüche erstreckten sich 2022 dabei über den längsten Zeitraum (71 Tage), und lagen damit über dem Vorjahreswert (41 Tage). Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

5.2 Gruppen von Ausbrüchen

In diesem Kapitel werden Ausbrüche nach Übertragungsweg zusammengefasst. Dabei ist zu beachten, dass die einzelnen Ausbruchgruppen sich überlappen können. So können z. B. nosokomiale Ausbrüche auch lebensmittelbedingt sein.

Lebensmittelbedingte Ausbrüche

Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von Lebens-

mitteln als Infektionsvehikel in Ausbrüchen erhoben. Diese Daten sind für die epidemiologische Betrachtung lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sowie für die Identifizierung des hieraus resultierenden Präventions- und Forschungsbedarfs wichtig.

Die nachfolgende Analyse umfasst alle Ausbrüche, bei denen aufgrund des Erregers eine lebensmittelbedingte Übertragung angenommen werden kann (**potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche**). Bei einem Teil davon werden in der Ausbruchsdokumentation Lebensmittel explizit genannt. Diese Ausbrüche werden als **explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche** beschrieben. Aufgrund der Besonderheit der Norovirus-Gastroenteritis-Falldefinition (siehe oben) werden lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche separat betrachtet.

Ausbrüche durch über Lebensmittel übertragbare Erreger

Zu den meldepflichtigen Erregern, die durch Lebensmittel übertragen werden können, gehören *Brucella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridium botulinum*, *Cryptosporidium* spp., enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), *Francisella tularensis*,

Giardia lamblia, Hepatitis-A-Virus, Hepatitis-E-Virus, *Listeria monocytogenes*, Norovirus, *Salmonella* spp., *Salmonella* Paratyphi, *Salmonella* Typhi, *Shigella* spp., *Trichinella spiralis*, *Vibrio cholerae* und darmpathogene *Yersinia* spp. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darmpathogene Stämme von *E. coli*, die nicht zu EHEC gehören (übermittelt als »sonstige darmpathogene *E. coli*«), werden nicht mehr in die Datenauswertung einbezogen, da Erkrankungen, die durch diese Erreger verursacht werden, seit dem 01.01.2015 nicht mehr übermittlungspflichtig sind.

Im Jahr 2022 wurden 373 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren etwa so viele Ausbrüche wie im Vorjahr (n=376). Insgesamt traten im Jahr 2022 im Rahmen dieser Ausbrüche 1.445 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 151 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 13 % abgenommen (2021: 174). Bei 121 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Damit ist die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 13 % gestiegen (2021: 107).

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 373 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 154 (41 %; 2021: 35 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 913 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Von den 154 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen waren 70 Ausbrüche

durch *Campylobacter* spp. (45 %) mit 157 Fällen und 67 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (44 %) mit 682 Fällen verursacht worden. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 3 Todesfälle übermittelt. Zwei Todesfälle wurden durch Listeriose und ein Todesfall wurde durch Salmonellose verursacht (s. Tab. 5.2.1).

Bei 68 Ausbrüchen (44 %) wurden Angaben zum verdächtigsten Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 87 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich) waren die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (40 Nennungen; 46 %), Milch oder Milchprodukte (18; 21 %) und Ei oder Eiprodukte (8; 9 %) am häufigsten. Bei 3 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigsten Lebensmittel (37 Nennungen von Lebensmittelkategorien) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (43 %) und Milch oder Milchprodukte (41 %) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (38 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (55 %) und Ei oder Eiprodukte (13 %) als Infektionsvehikel verdächtig.

Bei der Interpretation der Daten muss berücksichtigt werden, dass der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp., der als explizit lebensmittelbedingt übermittelt wurde, wahrscheinlich zu niedrig ist, da davon auszugehen ist, dass der Großteil dieser Erkrankungen über kontaminierte Lebensmittel erworben wird.

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2022

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien					
<i>Campylobacter</i> spp.	151	367	70	157	
<i>Salmonella</i> spp.	121	812	67	682	1
EHEC*	33	93	3	30	
<i>Listeria monocytogenes</i>	11	26	5	14	2
<i>Shigella</i> spp.	8	24	2	11	
<i>Yersinia enterocolitica</i>	4	10	1	3	
<i>Salmonella</i> Typhi	1	2			
<i>Francisella tularensis</i>	1	3			
Viren					
Hepatitis-A-Virus	16	37			
Hepatitis-E-Virus	4	8	2	4	
FSME-Virus**	1	4	1	4	
Parasiten					
<i>Giardia lamblia</i>	11	33			
<i>Cryptosporidium parvum</i>	11	26	3	8	
	373	1.445	154	913	3

*EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS; **FSME: Frühsommer-Meningoenzephalitis

Tab. 5.2.2:

Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2022

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	LIS	CRY	EHC	HEV	SHI	YEN	FSV
Fleisch, Fleischprodukte	40	16	21	1			1		1	
Milch, Milchprodukte	18	15	1	1			1			
Ei, Eiprodukte	8	3	5							
Gemüse, Gemüseprodukte	4		3				1			
Fisch, Meeresfrüchte	3		2				1			
Getränke (nicht-Milch)	3	1			1		1			
Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten	3		3							
Suppen, Saucen	2		2							
Obst, Obstprodukte	2					1	1			
Getreide, Getreideprodukte	1						1			
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	3	2	1							
Gesamt (Nennungen)	87	37	38	2	1	1	7	0	1	0
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	68	31	31	1	1	1	2	0	1	0
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	86	39	36	4	2	2	0	2	0	1
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	154	70	67	5	3	3	2	2	1	1

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.LIS: *Listeria monocytogenes*EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)SHI: *Shigella* spp.

FSV: FSME-Virus

SAL: *Salmonella* spp.CRY: *Cryptosporidium* spp.

HEV: Hepatitis-E-Virus

YEN: *Yersinia* spp.

Lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2022 wurden 16 der insgesamt 1.669 Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (1 %) als lebensmittelbedingt übermittelt. Wie oben beschrieben, ist davon auszugehen, dass die tatsächliche Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie die im Rahmen dieser Ausbrüche übermittelten Fallzahlen unterschätzt werden. Den 16 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 80 Fälle zugeordnet. Für 6 Ausbrüche lagen Angaben zu einem verdächtigen Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 8 Nennungen entfielen 4 auf die Kategorie »Fleisch oder Fleischprodukte« und 2 auf »Getreide oder Getreideprodukte«. Jeweils einmal wurden die Kategorien »Milch oder Milchprodukte« und »Gemüse oder Gemüseprodukte« genannt.

Nosokomiale Ausbrüche

Das Auftreten von 2 oder mehr nosokomialen Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird, ist dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG nichtnamentlich zu melden und gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut zu übermitteln. Fälle, die zu einem nosokomialen Ausbruchsgeschehen gehören, können in Abhängigkeit von der Krankheit oder dem Erregernachweis zum Teil gleichzeitig auch andere Meldetatbestände erfüllen und somit anderen Übermittlungskategorien zugeordnet werden.

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

Die Zuordnung der übermittelten Ausbrüche erfolgt nach dem Meldebeginn des Ausbruchs. Nur Ausbrüche mit 2 oder mehr Fällen, die die Definition einer nosokomialen Infektion nach § 2 IfSG erfüllen, werden in dieser Auswertung berücksichtigt.

Im Jahr 2022 erfüllten insgesamt 6.362 nosokomiale Ausbrüche mit 64.809 Fällen die oben genannte Definition. Bei 73 Ausbrüchen (729 Fälle) wurden keine Informationen zum Erreger übermittelt.

Insgesamt kam es im Jahr 2022 zu einem Anstieg an Übermittlungen nosokomialer Ausbrüche (Anzahl 2.613 im Jahr 2021). Dieser Anstieg ist zum größten Teil auf nosokomiale COVID-19-Ausbrüche zurückzuführen.

COVID-19-Ausbrüche

Für das Jahr 2022 wurden von den 6.289 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe 5.534 (88 %) durch SARS-CoV-2 verursacht. Diesen Ausbrüchen wurden insgesamt 57.417 Fälle zugeordnet, darunter 1.440 Todesfälle. Von diesen traten 2.430 (44 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf sowie 1.241 (22 %) in Alters- oder Pflegeheimen.

Ausbrüche verursacht durch andere Erreger als SARS-CoV-2

755 (12 % der Ausbrüche mit Erregerangabe) nosokomiale Ausbrüche wurden durch andere Erreger als SARS-CoV-2 verursacht. Von diesen traten 519 (69 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf, während 113 (15 %) in Alters- oder Pflegeheimen auftraten. Bei 78 Ausbrüchen (10 %) wurden bakterielle Erreger, bei 644 (85 %) virale Erreger und bei 32 Ausbrüchen (4,2 %) Parasiten nachgewiesen.

Diesen Ausbrüchen wurden 6.663 Fälle zugeordnet, davon 6.062 (91 %) Fälle zu Ausbrüchen, die durch virale Erreger

Tab. 5.2.3 (Teil 1):
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2022 (n=6.362)

Erreger	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Ausbrüche im Setting Alters- und Pflegeheime	Anzahl Fälle	Anzahl Fälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Fälle im Setting Alters- und Pflegeheime
Viren						
Norovirus	469	335	83	4.985	2.754	1.666
Influenzavirus	102	80	9	660	403	142
Rotavirus	37	23	9	251	104	123
Varicella-Zoster-Virus	14	0	0	52	0	0
Respiratorisches Synzytial-Virus	0	0	0	0	0	0
Masernvirus	0	0	0	0	0	0
SARS-CoV-2	5.534	2.430	1.241	57.417	18.026	21.692
mehrere/sonstige	22	4	0	114	18	0
Gesamt	6.178	2.872	1.342	63.479	21.305	23.623
Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	644	442	101	6.062	3.279	1.931
Bakterien						
<i>Clostridioides difficile</i>	8	8	0	25	25	0
<i>Klebsiella</i> spp.	27	26	0	119	117	0
<i>Enterococcus</i> spp.	6	6	0	45	45	0
<i>Bordetella pertussis</i>	2	0	0	4	0	0
<i>Staphylococcus</i> spp.	5	5	0	30	30	0
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1	0	0	3	0	0
<i>Acinetobacter</i> spp.	9	9	0	48	48	0
<i>Salmonella</i> spp.	0	0	0	0	0	0
<i>Serratia</i> spp.	4	4	0	26	26	0
<i>Escherichia coli</i>	3	2	0	6	4	0
<i>Mycobacterium</i> spp.	1	1	0	6	6	0
<i>Pseudomonas</i> spp.	7	7	0	52	52	0
<i>Clostridium perfringens</i>	0	0	0	0	0	0
mehrere/sonstige	5	3	0	19	9	0
Gesamt	78	71	0	383	362	0
Parasiten						
<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	22	3	11	153	58	63
<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	8	1	1	45	6	3
mehrere/sonstige	2	1	0	16	14	0
Gesamt	32	5	12	214	78	66
Pilze						
<i>Candida</i> spp.	0	0	0	0	0	0
mehrere/sonstige	1	1	0	4	4	0
Gesamt	1	1	0	4	4	0
Gesamt	73	12	15	729	82	197
Alle						
Gesamt	6.362	2.961	1.369	64.809	21.831	23.886
Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	828	531	128	7.392	3.805	2.194

hervorgerufen wurden und 383 Fälle zu bakteriell verursachten Ausbrüchen (5,7 %). Es wurde ein durch Pilze verursachter Ausbruch übermittelt.

Es wurden insgesamt 91 Todesfälle übermittelt, davon 30 (33 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger und 58 (64 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Tab. 5.2.3 (Teil 2):
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2022 (n=6.362)

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Minimale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Todesfälle im Setting Alters- und Pflegeheime
Viren	Norovirus	469	2	106	17	14	2
	Influenzavirus	102	2	66	13	9	3
	Rotavirus	37	2	38	0	0	0
	Varicella-Zoster-Virus	14	2	7	0	0	0
	Respiratorisches Synzytial-Virus	0	0	0	0	0	0
	Masernvirus	0	0	0	0	0	0
	SARS-CoV-2	5.534	2	194	1.410	633	561
	mehrere/sonstige	22	15	34	0	0	0
	Gesamt	6.178	2	194	1.440	656	566
	Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	644	2	106	30	23	5
Bakterien	<i>Clostridioides difficile</i>	8	2	4	2	2	0
	<i>Klebsiella</i> spp.	27	2	11	14	14	0
	<i>Enterococcus</i> spp.	6	2	12	7	7	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	2	2	2	0	0	0
	<i>Staphylococcus</i> spp.	5	3	8	1	1	0
	<i>Streptococcus pyogenes</i>	1	3	3	0	0	0
	<i>Acinetobacter</i> spp.	9	2	22	20	20	0
	<i>Salmonella</i> spp.	0	0	0	0	0	0
	<i>Serratia</i> spp.	4	5	8	3	3	0
	<i>Escherichia coli</i>	3	2	2	0	0	0
	<i>Mycobacterium</i> spp.	1	6	6	2	2	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	7	2	18	8	8	0
	<i>Clostridium perfringens</i>	0	0	0	0	0	0
	mehrere/sonstige	5	12	14	1	1	0
	Gesamt	78	2	22	58	58	0
	Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	22	2	41	1	1
<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)		8	2	15	0	0	0
mehrere/sonstige		2	16	16	0	0	0
Gesamt	32	2	41	1	1	0	
Pilze	<i>Candida</i> spp.	0	0	0	0	0	0
	mehrere/sonstige	1	4	4	2	2	0
	Gesamt	1	2	41	2	2	0
Gesamt	73	2	41	0	0	0	
Alle	Gesamt	6.362	2	194	1.501	717	566
	Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	828	2	106	91	84	5

6 Spezielle Krankheiten

Das vorliegende Kapitel enthält zu jeder gemäß IfSG meldepflichtigen Krankheit ein infektionsepidemiologisches Profil. Dabei sind die Krankheiten in alphabetischer Reihenfolge und nicht nach Häufigkeit oder gesundheitspolitischer Bedeutung aufgeführt.

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 822
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren
- ▶ Männer sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- ▶ Meldepflicht besteht sowohl für Infektion als auch für Kolonisation

Kurzbeschreibung

Acinetobacter Spezies (spp.) sind gramnegative, opportunistische Bakterien, die in der Umwelt vor allem in der Erde und im Wasser vorkommen. Eine Identifizierung kann häufig nur den *A.-baumannii*-Komplex (Spezies *A. baumannii*, *A. pittii*, *A. nosocomialis*, *A. seifertii* und *A. dijkschoorniae*) bestimmen, der die größte klinische Relevanz hat.

Eine Besiedlung (Kolonisation), z. B. der Haut, ist insbesondere im Krankenhaus häufig. Allerdings können *Acinetobacter* spp. eine Vielzahl von Infektionen verursachen, wie beispielsweise beatmungsassoziierte Pneumonien, Harnwegsinfektionen, Haut- und Weichteilinfektionen und katheterassoziierte Blutstrominfektionen (Sepsis). Bei nosokomialen Infektionen spielen *Acinetobacter* spp. daher eine wichtige Rolle.

Acinetobacter spp. weisen natürlicherweise eine Resistenz gegen eine Vielzahl von Antibiotika auf (intrinsische Resistenz), z. B. gegen Beta-Laktam-Antibiotika wie Penicilline, Cephalosporine und Ertapenem. *A. baumannii* besitzt zudem die Fähigkeit, Resistenzen gegen weitere Antibiotika auszubilden (erworbene Resistenzen).

Carbapeneme weisen ein besonders breites Wirkspektrum auf und gehören zu den sog. Reserveantibiotika, die bei schweren bzw. komplizierten Infektionen oder in der Therapie von Infektionen mit mutiresistenten Erregern eingesetzt werden. Eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Produktion einer Carbapenemase, eines Enzyms, das Carbapeneme spalten kann. Eine verminderte Empfindlichkeit liegt vor, wenn Stämme von *Acinetobacter* spp. resistent (R) oder sensibel bei erhöhter Exposition (I) getestet wurden. Bei *A. baumannii* ist eine Carbapenemase meistens die Ursache einer verminderten Carbapenem-Empfindlichkeit.

Kolonisationen und Infektionen mit *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen stellen insbesondere im Krankenhausumfeld eine große Herausforderung dar, da es kaum Behandlungsoptionen gibt und die Ausbreitung schwer zu kontrollieren sein kann.

Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 über eine Verordnung eingeführt und zum 01.03.2020 ins IfSG integriert. Dabei wurden auch Anpassungen hinsichtlich der Nomenklatur und der Neudefinition der Kategorie I zur Bewertung der Ergebnisse von Resistenztestungen vorgenommen. So wird nicht mehr der Begriff »Nichtempfindlichkeit«, sondern der Begriff »verminderte Empfindlichkeit« verwendet.

Falldefinition

Seit 2019 umfasst die Falldefinition nicht mehr nur *Acinetobacter*, die zum *A.-baumannii*-Komplex gehören, sondern alle *Acinetobacter* spp. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (n=822). Diese wurden entweder in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=818) oder bei nicht aktualisierter Software als »Weitere bedrohliche Krankheit« (WBK) (n=4) übermittelt. Infektionen oder Todesfälle werden in der Kategorie »klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung (C)«, Kolonisationen in der Kategorie »labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)« und Fälle mit fehlender Angabe zum Infektionsstatus in der Kategorie »labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild (E)« erfasst (s. Tab. 6.1.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 822 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einem Fall pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (0,6) deutlich gestiegen.

Tab. 6.1.1: Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	101	20 %	204	25 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	240	48 %	385	47 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	159	32 %	233	28 %
alle	500	100 %	822	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	500	100 %	822	100 %

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurde, bezogen auf die Einwohnerzahl, variiert sehr stark (s. Abb. 6.1.1). Die höchste Inzidenz wurde in Berlin (2,3 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Auch in Hamburg (1,8), Hessen (1,4) und Schleswig-Holstein (1,2) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde aus dem Saarland übermittelt (0,3 Fälle/100.000 Einw.).

Für 473 (58 %) der übermittelten Fälle lag eine Angabe zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 288 (61 %) Nennungen, wurde Ukraine bei 94 Fällen (20 %) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen ist in den Altersgruppen ab 60 Jahren stark erhöht (s. Abb. 6.1.2). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (2,2 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Bei den 60- bis 69-Jährigen liegt sie bei 1,6 Fällen/100.000 Einwohner und bei den über 79-Jährigen bei 1,5 Fällen/100.000 Einwohner. Männer (1,3 Fälle/100.000 Einw.) sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,6 Fälle/100.000 Einw.). Die in absoluten Zahlen am stärksten betroffenen Altersgruppen waren Erwachsene ab 50 Jahre (70 % aller Fälle).

Klinische Aspekte

Für 515 der übermittelten Fälle (63 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 215 Fälle (42 %) wurden als Infektion und 300 Fälle (58 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 821 Fälle lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 931 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Screening-Abstrichen (347-mal, 37 % der Nennungen), in Wundabstrichen (275-mal, 30 %), sowie in Tracheal-Abstrichen/bronchoalveolärer Lavage (159-mal, 17 %) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 745 Fälle (91 %) vorhanden, davon waren 669 Fälle (90 %) hospitalisiert. Unter 814 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 53 Todesfälle registriert (7 %). Von diesen wurden 9 Fälle (17 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für alle 822 (100 %) übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n=483; 59 %) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter baumannii*-Komplex (n=217; 26 %), *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=52; 6 %) und *Acinetobacter pittii* (n=28; 3 %).

Abb. 6.1.1: Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=822) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2017–2021)

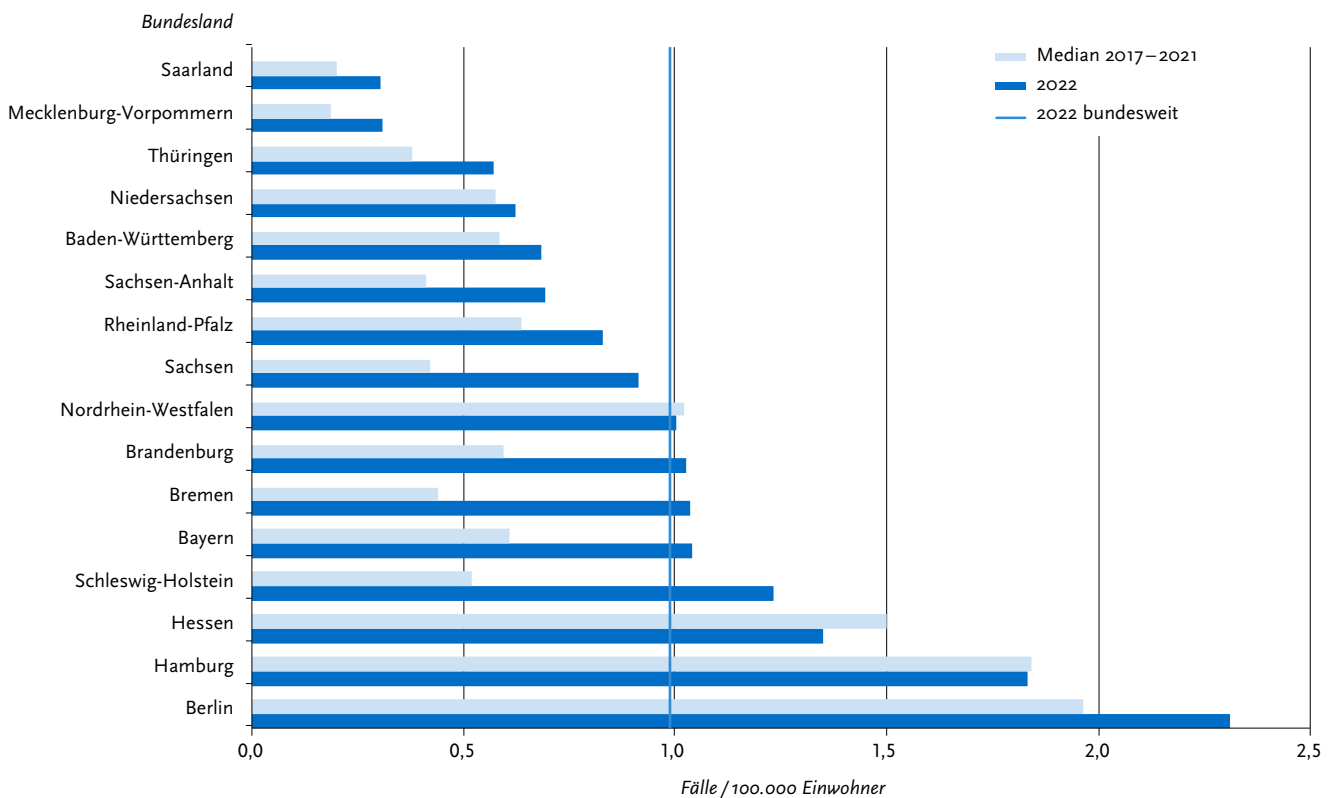
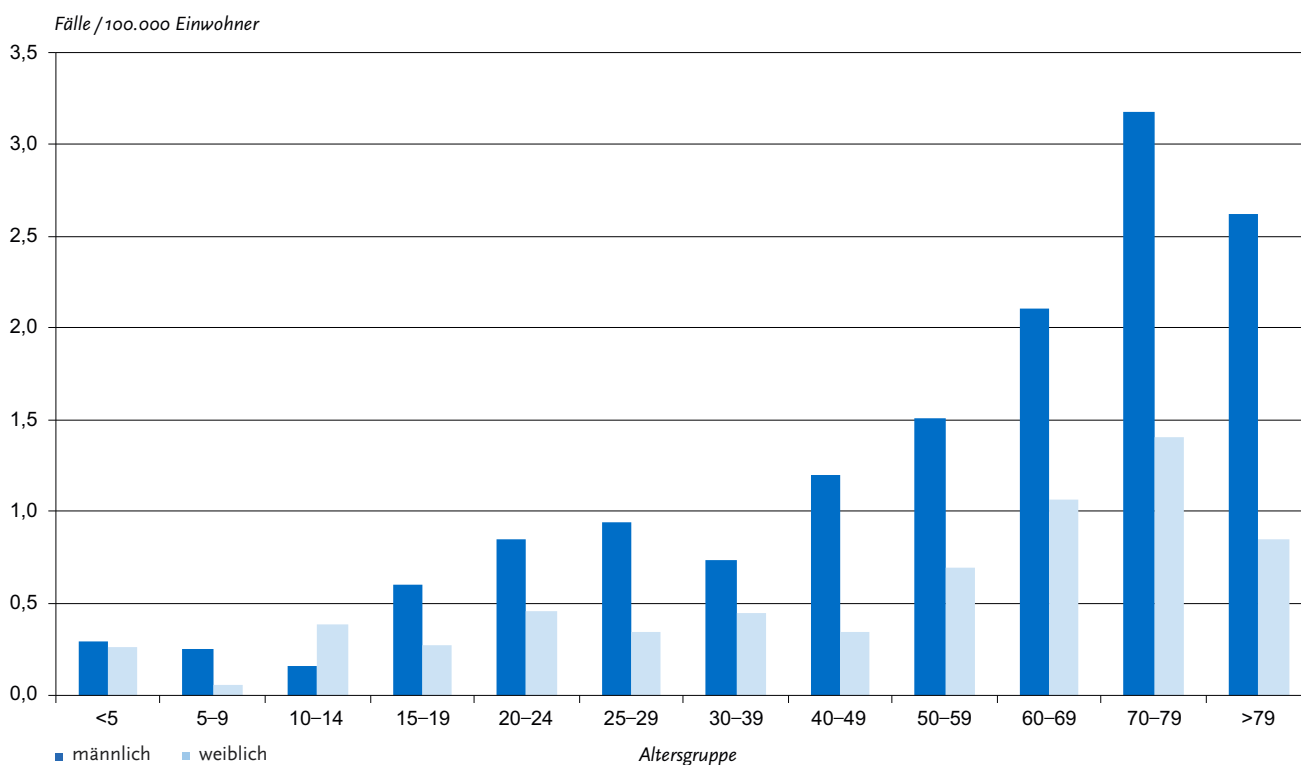


Abb. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=821)



Tab. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2022 (n=822)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	483	58,8 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	217	26,4 %
<i>Acinetobacter</i>	52	6,3 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	28	3,4 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	20	2,4 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	5	0,6 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	5	0,6 %
<i>Acinetobacter nosocomialis</i>	4	0,5 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	3	0,4 %
<i>Acinetobacter dijkschoorniae</i>	2	0,2 %
<i>Acinetobacter junii</i>	1	0,1 %
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	1	0,1 %
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	1	0,1 %
Summe	822	100 %

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 698 der 818 Fälle (85 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen Ergebnisse der Empfindlichkeitstestung für mindestens ein Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 648 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 616 Fälle (95 %) gegen Imipenem und 638 Fälle (98 %) gegen Meropenem vermindert empfindlich. 608 Fälle (94 %) waren gegen beide Carbapeneme vermindert empfindlich. Für die 4 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 445 von 818 Fällen (54 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 383 Fällen (86 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Mindestens ein Resistenzgen wurde bei 344 Fällen (90 % der getesteten Fälle) nachgewiesen. Die am häufigsten genannten Resistenzgene waren OXA-23 (bei 200 Fällen, 58 %), OXA-72 (61 Fälle, 18 %) und OXA-51 (ISAbai upstream OXA-51 like) (27 Fälle, 8 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 9 Ausbrüche mit insgesamt 50 Fällen übermittelt. Dem größten Ausbruch wurden 21 Fälle zugeordnet.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2022 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, nahm im Vergleich zum Vorjahr auf 63 % zu. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 54 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

Aufgrund der Falldefinitionsänderung im Jahr 2019 wurden im vorliegenden Kapitel im vierten Jahr in Folge und im Gegensatz zu den Jahren 2017 bis 2018 auch *Acinetobacter* spp. ausgewertet, die nicht dem *A.-baumannii*-Komplex angehören. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies u. a. auch von der Umsetzung der Meldepflicht in der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Nach Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016 werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2022 zum sechsten Mal Daten zu *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante veröffentlicht. Fälle wurden aus allen Bundesländern übermittelt, was für eine gute Akzeptanz der Meldepflicht spricht. Gründe für die regionalen Unterschiede könnten bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein. Nach einem Rückgang in den Jahren 2020 und 2021 übersteigen die Fallzahlen im Jahr 2022 wieder das Niveau der Fallzahlen vor der COVID-19 Pandemie. Ein Teil des Anstiegs steht möglicherweise im Zusammenhang mit der Versorgung von Kriegs-

verletzten und Geflüchteten aus der Ukraine, wie dies auch schon für Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen berichtet wurde.

Literaturhinweise

- Poku E, Cooper K, Cantrell A, et al.: *Systematic review of time lag between antibiotic use and rise of resistant pathogens among hospitalized adults in Europe*. JAC-Antimicrob Resist 2023. <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad001>
- Sandfort M, Hans JB, Fischer MA, et al.: *Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing Klebsiella pneumoniae in Germany associated with the war in Ukraine, 2022*. Euro Surveill 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.50.2200926>
- Hecht J, Eisfeld J, Baum JHJ, et al.: *Bundeslandübergreifendes Ausbruchsgeschehen Carbapenem-Resistenter Acinetobacter Baumannii*. Dtsch Arztebl Int 2022. <http://dx.doi.org/10.3238/arztebl.m2022.0196>
- ECDC (2022): *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) – Annual epidemiological report for 2021*. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER-EARS-Net-2021_2022-final.pdf
- WHO (2022): *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2022*. <https://www.who.int/publications/j/item/9789240062702>
- von Laer A, Eckmanns T, Zacher B, et al.: *Geographical differences of carbapenem non-susceptible Enterobacterales and Acinetobacter spp. in Germany from 2017 to 2019*. Antimicrob Resist Infect Control 2022. <https://doi.org/10.1186/s13756-021-01045-z>
- WHO Regional Office for Europe/ECDC (2022): *Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2022 – 2020 data*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-surveillance-europe-2022-2020-data>
- Said D, Willrich N, Ayobami O, et al.: *The epidemiology of carbapenem resistance in Acinetobacter baumannii complex in Germany (2014 – 2018): an analysis of data from the national Antimicrobial Resistance Surveillance system*. Antimicrob Resist Infect Control 2021. <https://doi.org/10.1186/s13756-021-00909-8>
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauskeimer – Zeitraum 1. Januar 2021 bis 31. Dezember 2021*. Epid Bull 2022; 19:3–9. <https://doi.org/10.25646/10034>
- Gatermann S, Ziesing S, Eisfeld J, et al.: *Entdeckung eines Pseudoausbruches mit Carbapenem-resistenten Acinetobacter baumannii*. Epid Bull 2022; 7:58–59. <https://edoc.rki.de/handle/176904/9434>

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition: 328
- ▶ Anzahl der Erkrankungen nach niedrigem Niveau in den Jahren 2020/21 wieder ansteigend
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei Erwachsenen im Alter von 25 bis 50 Jahren

Kurzbeschreibung

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

follikuläre Konjunktivitis) werden primär von der Meldepflicht miterfasst, sofern eine Labordiagnostik mittels Augenabstrich durchgeführt wurde.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.2.1).

Zeitlicher Verlauf

Mit 328 Erkrankungen ist die Anzahl der dem Robert Koch-Institut übermittelten Adenovirus-Konjunktivitiden im Jahr 2022 im Vergleich zum Vorjahr angestiegen. Im I. Quartal 2022 war die Anzahl der übermittelten Fälle noch gering (35 Fälle) und stieg dann kontinuierlich bis zum IV. Quartal an (148 Fälle, s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden 2022 aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen und des Saarlands übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Mecklenburg-Vorpommern (1,2 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (1,1 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen (1,1 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2).

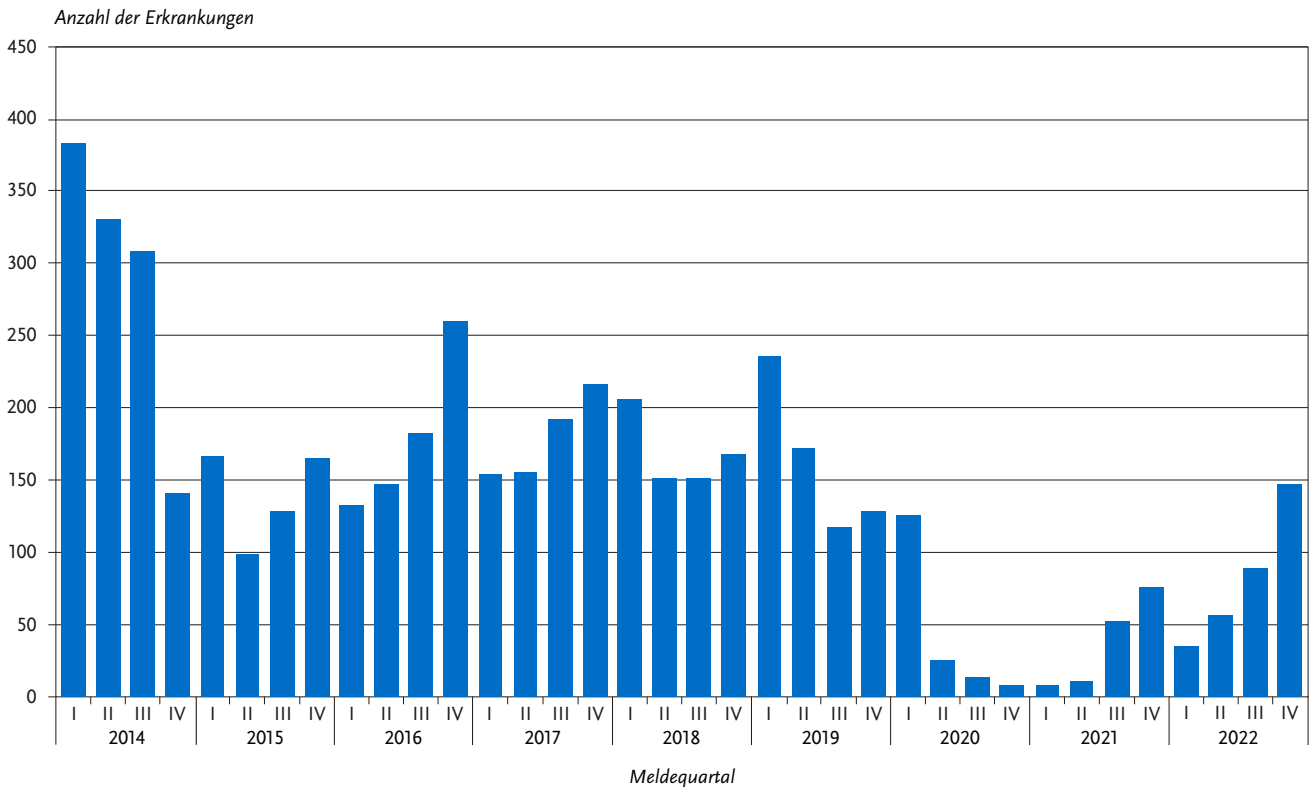
Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (1,6 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen ebenso häufig betroffen waren wie Mädchen. Relativ häufig betroffen waren auch Erwachsene im Alter von 25 bis 50 Jahren. (s. Abb. 6.2.3).

Ausbrüche

Neben den sporadischen Fällen und den Fällen in Ausbrüchen mit weniger als 5 Fällen wurden nur 4 größere Ausbrüche mit insgesamt 32 Fällen ermittelt. (s. Tab. 6.2.2).

Abb. 6.2.1: Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2022



Tab. 6.2.1: Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	1 %	3	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	146	77 %	325	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	2 %	14	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	39	21 %	46	12 %
alle	189	100 %	388	100 %
Referenzdefinition (B+C)	147	78 %	328	85 %

Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=328) im Vergleich mit den Vorjahren

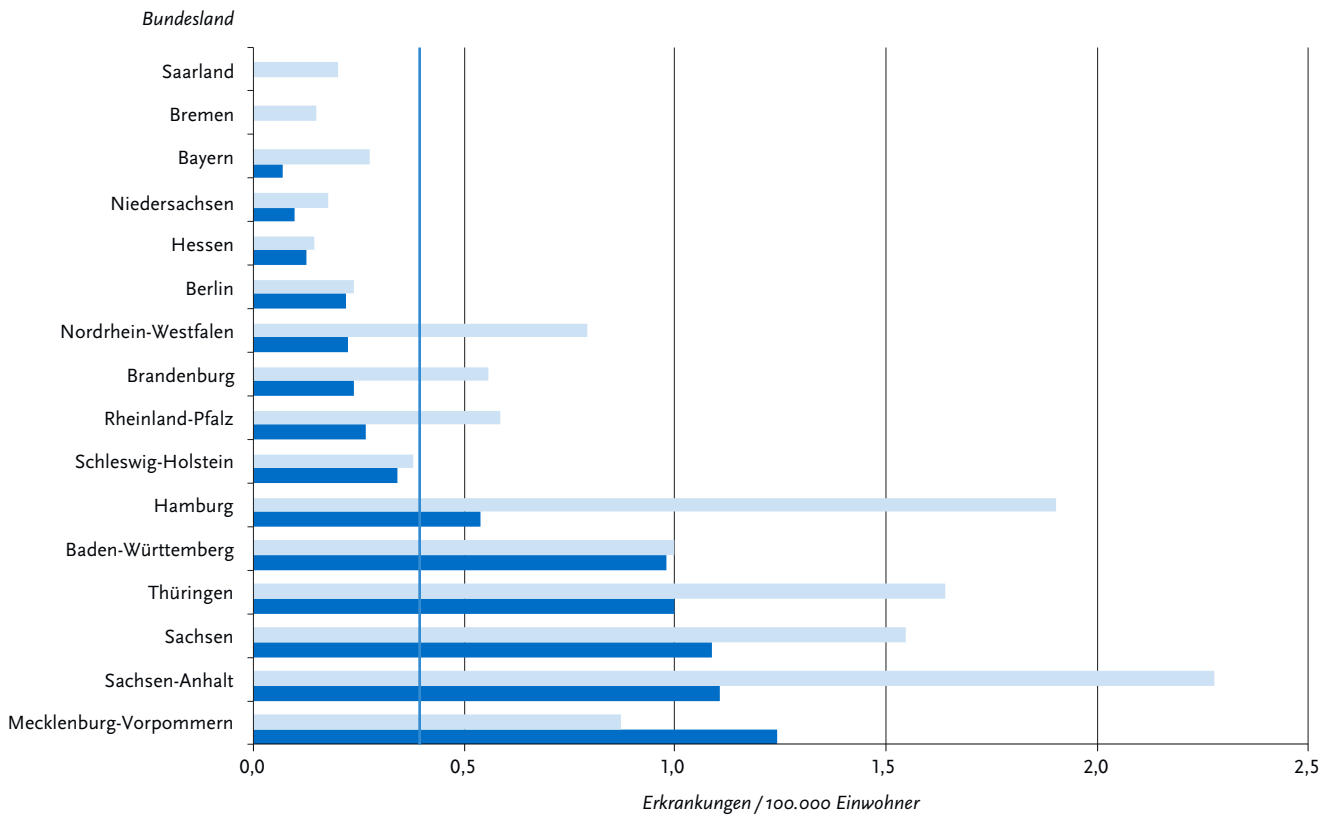
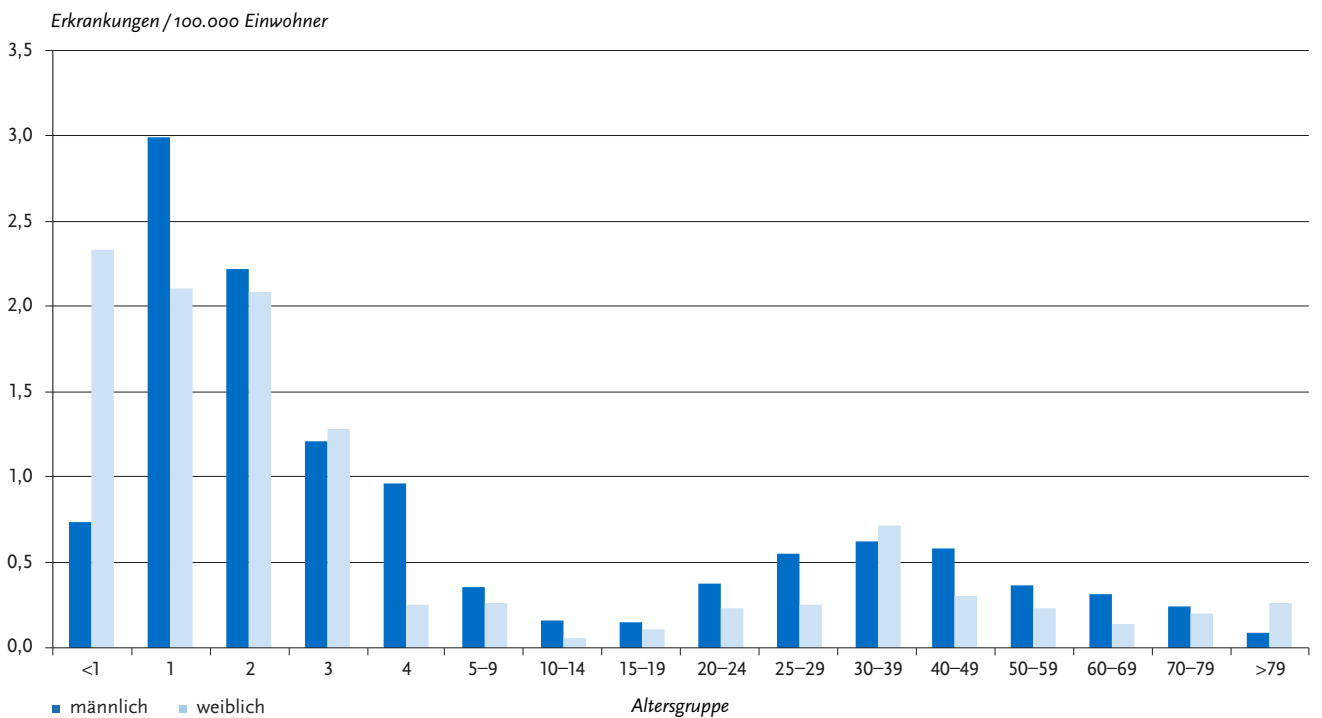


Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=328)



Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2021 und 2022

	2021		2022	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	2	4	7	15
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	1	19	4	32
Alle Ausbrüche	3	23	11	47

Datenqualität

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

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen stieg im Jahr 2022 mit 328 Erkrankungen wieder deutlich an und erreichte im IV. Quartal ein vergleichbares Niveau wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie. Gerade für die in diesem Jahr besonders betroffenen Altersgruppen der kleinen Kinder und der Erwachsenen im Alter zwischen 25 und 50 Jahren waren die Kontakte und das Verhalten vermutlich wieder ähnlich vielfältig wie vor der COVID-19-Pandemie und damit auch die Möglichkeiten zur Verbreitung des Erregers. Entscheidend ist somit weiterhin, Infektionen frühzeitig zu erkennen und durch Hygienemaßnahmen größere Ausbrüche zu verhindern.

Literaturhinweise

- Martin C, Löw U, Quintin A, et al.: *Epidemic keratoconjunctivitis: efficacy of outbreak management*. Arch Clin Exp Ophthalmol 2022. <https://doi.org/10.1007/s00417-021-05344-4>
- Gonzalez G, Yawata N, Aoki K, Kitaichi N: *Challenges in management of epidemic keratoconjunctivitis with emerging recombinant human adenoviruses*. J Clin Virol 2019. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2019.01.004>
- Hage E, Espelage W, Eckmanns T, et al.: *Molecular phylogeny of a novel human adenovirus type 8 strain causing a prolonged, multi-state keratoconjunctivitis epidemic in Germany*. Sci Rep 2017. <https://doi.org/10.1038/srep40680>
- Meyer-Rüsenberg B, Loderstädt U, Richard G, Kaulfers PM, Gesser C: *Epidemic keratoconjunctivitis: the current situation and recommendations for prevention and treatment*. Dtsch Arztebl Int 2011. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2011.0475>
- RKI-Ratgeber (2010). www.rki.de/ratgeber

6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige

Kurzbeschreibung

Arboviren (Akronym des englischen »arthropod-borne viruses«) sind Viren, die durch Gliederfüßer wie z. B. Mücken oder Zecken übertragen werden. Seit Mai 2016 sind gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung alle Labornachweise von Arboviren meldepflichtig, wenn ihr Nachweis auf eine akute Infektion beim Menschen hinweisen. Unter den vielen verschiedenen Arboviren, gibt es auch zahlreiche humanpathogene. Für Chikungunya-, Dengue-, FSME-, West-Nil- und Zikavirus existieren eigene Übermittlungskategorien, die in den jeweiligen Kapiteln beschrieben werden (s. Kap. 6.8, 6.13, 6.19, 6.63, 6.66). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischen Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Rift-Valley-Fieber) sind im Kapitel »Virale hämorrhagische Fieber« (s. Kap 6.62) untergebracht. In der Kategorie »Arbovirus-Erkrankung« werden alle übrigen übermittelten Erkrankungen beschrieben.

Ross-River-Virus: Das Ross-River-Virus wird von *Culex*- und verschiedenen *Aedes*-Mückenspezies vor allem in Australien und gelegentlich auf Papua-Neuguinea und verschiedenen anderen Pazifikinseln übertragen. Es verursacht Fieber, arthritische Beschwerden und Hautausschläge.

Sandfliegenfiebertivirus: In die »Sandfly Fever Naples Group« der Phleboviren fallen die Erreger verschiedener, auch in Südeuropa verbreiteter, Sandfliegenfieber, z. B. das Toskanavirus. Die Viren werden durch die Stiche von Sandmücken (Phlebotomen) übertragen und verursachen vor allem Fieber und gelegentlich auch Enzephalitis.

Japan-Meningoenzephalitis-Virus: Überträger des Japan-Enzephalitis-Virus (Flavivirus) sind vor allem von *Culex*-Stechmücken. Beim Menschen verlaufen Infektionen entweder asymptomatisch, grippeähnlich oder als Meningoenzephalitis. Verbreitungsgebiete der Japanischen Enzephalitis befinden sich in verschiedenen Ländern Asiens, sowie Teilen Australiens und einzelnen Pazifikinseln. Virusreservoir und Amplifikationswirte sind einige Vogelarten und Hausschweine. Die Infektion ist impfpräventabel.

Usutuivirus: Das Usutuivirus wird u. a. durch *Culex*-Stechmücken übertragen. Es sind nur einzelne menschliche Erkrankungen bekannt, die auf Usutuivirus zurückzuführen sein könnten – die meisten Infektionen verlaufen asymptomatisch. Das Virus ist sehr eng mit dem West-Nil-Virus verwandt, so dass es in Labortests zu Kreuzreaktionen kommen kann und daher – z. B. bei Untersuchungen asymptomatischer Blutspender auf West-Nil-Virus – auch Usutuivirus-Infektionen entdeckt werden können.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden in Deutschland 5 Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Es handelte sich um 2 Fälle von Sandfliegenfieber (ein Mann und eine Frau) verursacht durch Toskanavirus, jeweils nach Aufenthalt in der Toskana, sowie 3 Fälle von symptomatischer Usutuvirus-Infektion bei 3 Männern, davon eine reiseassoziierte Infektion nach Aufenthalt in Italien und Österreich.

Nicht die Referenzdefinition erfüllten 7 autochthone Usutuvirus-Infektionen bei asymptomatischen Blutspendern (2021: 2 asymptomatische Usutuvirus-Infektionen).

Literaturhinweise

- Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, et al.: *Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German bird population, 2019 – 2020*. Microorganisms 2022. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040807>
- Dersch R, Sophocleous A, Cadar D, Emmerich P, Schmidt-Chanasit J, Rauer S: *Toscana virus encephalitis in Southwest Germany: a retrospective study*. BMC Neurology 2021. <https://doi.org/10.1186/s12883-021-02528-7>
- Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2017.05.029>
- Stahn B, Sudeck H, Frickmann H, et al.: *Sandmückenfieber – eine »vernachlässigte« Krankheit*. Hautarzt 2018; 69:928 – 937.
- Tappe D, Pérez-Girón JV, Gómez-Medina S, Günther S, Muñoz-Fontela C, Schmidt-Chanasit J: *Increased proinflammatory cytokine levels in prolonged arthralgia in Ross River virus infection*. Emerg Infect Dis 2017. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2304.160466>
- Falkenhorst G, Enkelmann J: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2019*. Epid Bull 2020; 50:7–20. <https://doi.org/10.25646/7693>

6.4 Bornavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Zu den humanpathogenen Bornaviren zählen das Borna Disease Virus 1 (BoDV-1) sowie das Variegated Squirrel Borna Virus 1 (VSBV-1).

BoDV-1 ist schon seit Langem als Erreger von Enzephalitiden vor allem bei Pferden und Schafen bekannt. Im Jahr 2018 wurde das Virus erstmalig als Auslöser von viralen Meningoenzephalitiden beim Menschen nachgewiesen. In der Folge kam es zu weiteren, meist retrospektiven Nachweisen bei Patientinnen und Patienten mit Meningoenzephalitiden in Deutschland. Die Erkrankungsjahre gehen bis 1992 zurück. Bereits vor einiger Zeit konnte die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*) als Virusreservoir identifiziert werden. Sie scheidet das Virus in Urin, Kot und Speichel aus. Wie sich der Mensch infiziert oder mit den Ausscheidungen der Feldspitzmaus in Kontakt kommt, ist unklar. Die Erkrankung verläuft, soweit dies bekannt ist, fulminant mit u. a. Fieber, Kopfschmerzen, neurologischen Symptomen und führt innerhalb weniger Tage oder Wochen zu Koma und meistens zum Tod. Eine kausale Therapie ist nicht bekannt. Aktuell sind über 50 PCR-bestätigte Fälle in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben oder dem RKI mitgeteilt worden, wobei fast alle tödlich verliefen. Zudem sind vereinzelte, nur durch serologische Diagnose identifizierte Fälle mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis bzw. epidemiologischen Link bekannt. Die große Mehrheit der Fälle hatte ihren Wohnort in Bayern, 2 Fälle in Brandenburg, jeweils ein Fall in

Sachsen-Anhalt, Niedersachsen, Thüringen und Nordrhein-Westfalen. Bei den bekannten Fällen ist das Geschlechterverhältnis ausgeglichen und es sind alle Altersgruppen ab dem 6. Lebensjahr betroffen. Infektionen erscheinen besonders im Kontext ländlicher Wohngebieten vorzukommen.

Das Gebiet, in dem BoDV-1 bei Menschen bisher aufgetreten ist, stimmt offenbar mit dem Endemiegebiet der BoDV-1-Enzephalitiden bei Tieren überein und beschränkt sich auf Teile Südbzw. Ostdeutschlands. Trotzdem muss in allen Bundesländern mit dem Auftreten von BoDV-1-Infektionen gerechnet werden. Die Ärzteschaft ist aufgerufen, BoDV-1 differentialdiagnostisch bei unklarer viraler Meningoenzephalitis in Betracht zu ziehen.

VSBV-1 wurde 2015 erstmalig bei Bunt- und Schönhörnchen (*Sciurus variegatoides* und *Callosciurus prevostii* sowie vereinzelt andere exotische Hörnchenarten) in Deutschland entdeckt und als Erreger tödlich verlaufender Meningoenzephalitiden bei wenigen Hörnchenzüchtern bzw. Tierpflegenden nachgewiesen. In wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben oder dem RKI bekannt sind aktuell insgesamt 5 PCR-bestätigte, ein serologisch-bestätigter und 2 weitere humane Fälle mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis und epidemiologischem Zusammenhang. Drei PCR-bestätigte Fälle aus den Jahren 2012 und 2013 wurden als Meldefall an das RKI übermittelt. Alle Fälle traten in Deutschland auf und sind außer dem Falle mit nur serologischem Nachweis verstorben. Es wird davon ausgegangen, dass das Virus durch Bisse oder Kratzer vom Hörnchen auf den Menschen übertragen wird. In Hörnchen-Haltungen wird vermehrt auf VSBV-1 getestet und positiv getestete Tiere entnommen. Nachweise in Tieren werden seltener, so dass von einem Rückgang des Risikos durch VSBV-1 ausgegangen werden kann.

Hinweise auf ein anderes Reservoir gibt es aktuell nicht.

Situation in Deutschland

Der direkte Virusnachweis von humanpathogenen Bornaviren ist seit dem 01.03.2020 gemäß § 7 IfSG meldepflichtig. Zudem unterliegen Fälle von Meningoenzephalitis in einigen Bundesländern Meldepflichten auf Landesebene. Fälle werden dem RKI in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheit« oder in der Kategorie »Meningoenzephalitis« übermittelt. Vereinzelt wurden auch schon vor Einführung der Meldepflicht Fälle in diesen Kategorien an das RKI übermittelt. Aufgrund aktiver Fallsuche in Gewebebänken etc., werden neben aktuellen Fällen auch solche der jüngeren Vergangenheit diagnostiziert. Eine formelle Übermittlungsfalldefinition gilt noch nicht.

BoDV-1

Im Jahr 2022 wurden 14 PCR-bestätigte Fälle an das RKI übermittelt (Vorjahr: 16 Fälle).

Unter den 12 neu übermittelten Fällen waren 9 Fälle (4 Frauen und 5 Männer im Alter von 23 bis 73 (Median: 41 Jahre), bereits in verschiedenen Vorjahren bis zurück ins Jahr 1999 erkrankt. Alle Fälle waren an einer Enzephalitis erkrankt und bis auf eine Person sind alle verstorben.

Im Jahr 2022 erkrankten 5 Fälle; 4 davon in Bayern und einer in Brandenburg. Es handelt sich um 2 Frauen und 3 Männer im Alter von 6 bis 71 Jahren (Median: 61 Jahre). Alle Fälle waren an einer Enzephalitis erkrankt und sind verstorben.

Wie im Vorjahr wurde 2022 zusätzlich ein Fall aus Nordrhein-Westfalen mit bislang nur serologischem Nachweis einer BoDV-1-Infektion gemeldet und übermittelt. Die Infektion wurde vermutlich bei einem Aufenthalt 2021 im ländlichen Bayern erworben.

VSBV-1

Im Jahr 2022 wurden, wie auch schon in den Vorjahren, keine Fälle von VSBV-1 übermittelt.

Literaturhinweise

- Grosse L, Lieftüchter V, Vollmuth Y, et al.: *First detected geographical cluster of BoDV-1 encephalitis from same small village in two children: therapeutic considerations and epidemiological implications*. Infection 2023. <https://doi.org/10.1007/s15010-023-01998-w>
- Pörtner K, Wilking H, Frank C, Böhmer MM, Stark K, Tappe D: *Risk Factors for Borna Disease Virus 1 Encephalitis in Germany – a Case-Control Study*. Emerg Microbes Infect 2023. <https://doi.org/10.1080/22221751.2023.2174778>
- Frank C, Wickel J, Brämer D, et al.: *Human Borna disease virus 1 (BoDV-1) encephalitis cases in the north and east of Germany*. Emerg Microbes Infect 2022. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.2007737>
- Eisermann P, Rubbenstroth D, Cadar D, et al.: *Active Case Finding of Current Bornavirus Infections in Human Encephalitis Cases of Unknown Etiology, Germany, 2018 – 2020*. Emerg Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.3201/eid2705.204490>
- Niller HH, Angstwurm K, Rubbenstroth D, et al.: *Zoonotic spillover infections with Borna disease virus 1 leading to fatal human encephalitis, 1999 – 2019: an epidemiological investigation*. Lancet Infect Dis 2020. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(19\)30546-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30546-8)
- Pörtner K, Frank C, Schmidt-Chanasit J, Beer M, Rubbenstroth D, Tappe D: *Bornavirus-Infektionen: Hohe Letalität durch fulminante Meningoenzephalitiden*. Dtsch Arztebl 2019; 116:A-2350/B-1930/C-1872.
- Schlottau K, Forth L, Angstwurm K, et al.: *Fatal Encephalitic Borna Disease Virus 1 in Solid-Organ Transplant Recipients*. N Engl J Med 2018; 379:1377 – 1379.

Tappe D, Frank C, Offergeld R, et al.: *Low prevalence of Borna disease virus 1 (BoDV-1) IgG antibodies in humans from areas endemic for animal Borna disease of Southern Germany*. Sci Rep 2019. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56839-4>

RKI (2019): *Informationen zur Vermeidung von Infektionen mit dem Borna Disease Virus*. www.rki.de/bornavirus

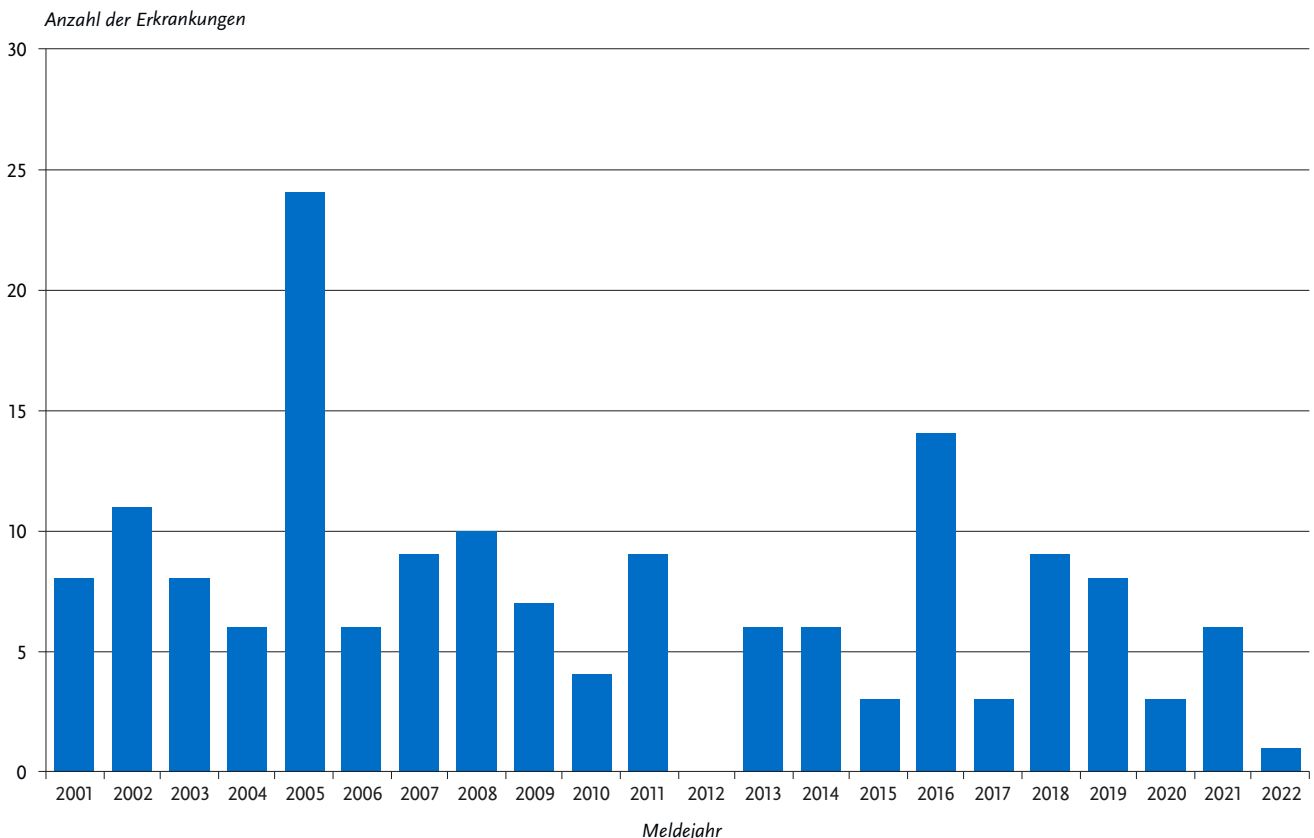
6.5 Botulismus**Kurzbeschreibung**

Das typische Krankheitsbild des Botulismus ist eine schwere Lebensmittelvergiftung mit Lähmungserscheinungen, die durch das Nervengift des Bakteriums *Clostridium botulinum* (sehr selten auch *C. butyricum* oder *C. baratii*) verursacht wird. Der Erreger kann aber auch Krankheitsbilder wie den Säuglingsbotulismus oder Wundbotulismus hervorrufen. Eine Sonderform ist die versehentliche Überdosierung nach therapeutischer oder kosmetischer Anwendung (iatrogener Botulismus).

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde nur eine Botulismus-Erkrankung übermittelt (2021: 6 Erkrankungen, 2020: 3 Erkrankungen, 2019: 8 Erkrankungen) (s. Abb. 6.5.1). Es handelte sich um einen Fall von Lebensmittelbotulismus bei einem > 80-jährigen Mann durch eine selbst hergestellte Leberwurst (Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp B). Der Patient war hospitalisiert, ist aber nicht als verstorben übermittelt.

Abb. 6.5.1: Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Literaturhinweise

- Hendrickx D, Varela Martínez C, Contzen M, et al.: *First cross-border outbreak of foodborne botulism in the European Union associated with the consumption of commercial dried roach (*Rutilus rutilus*)*. Front Public Health 2023. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.1039770>
- Campbell AJ, Knight G, Walsh P, et al.: *Effective treatment of infant botulism on day 13 after symptom onset with human botulism antitoxin*. J Paediatr Child Health 2017; 53:416 – 418.
- ECDC/EFSA (2016): *Type E botulism associated with fish product consumption – Germany and Spain, 21 December 2016*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december
- RKI-Ratgeber (2021). www.rki.de/ratgeber

6.6 Brucellose

Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die nach der von ihr verursachten Bakteriengattung *Brucella* benannt ist. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutzvieh (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Infektion in der Regel als akute, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch chronische Formen mit Befall von Leber,

Lunge, Herz und weiteren inneren Organen auf. Chronische Verläufe werden vom Meldesystem nicht erfasst, da eine Meldepflicht nur für akute Infektionen besteht. Die Falldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

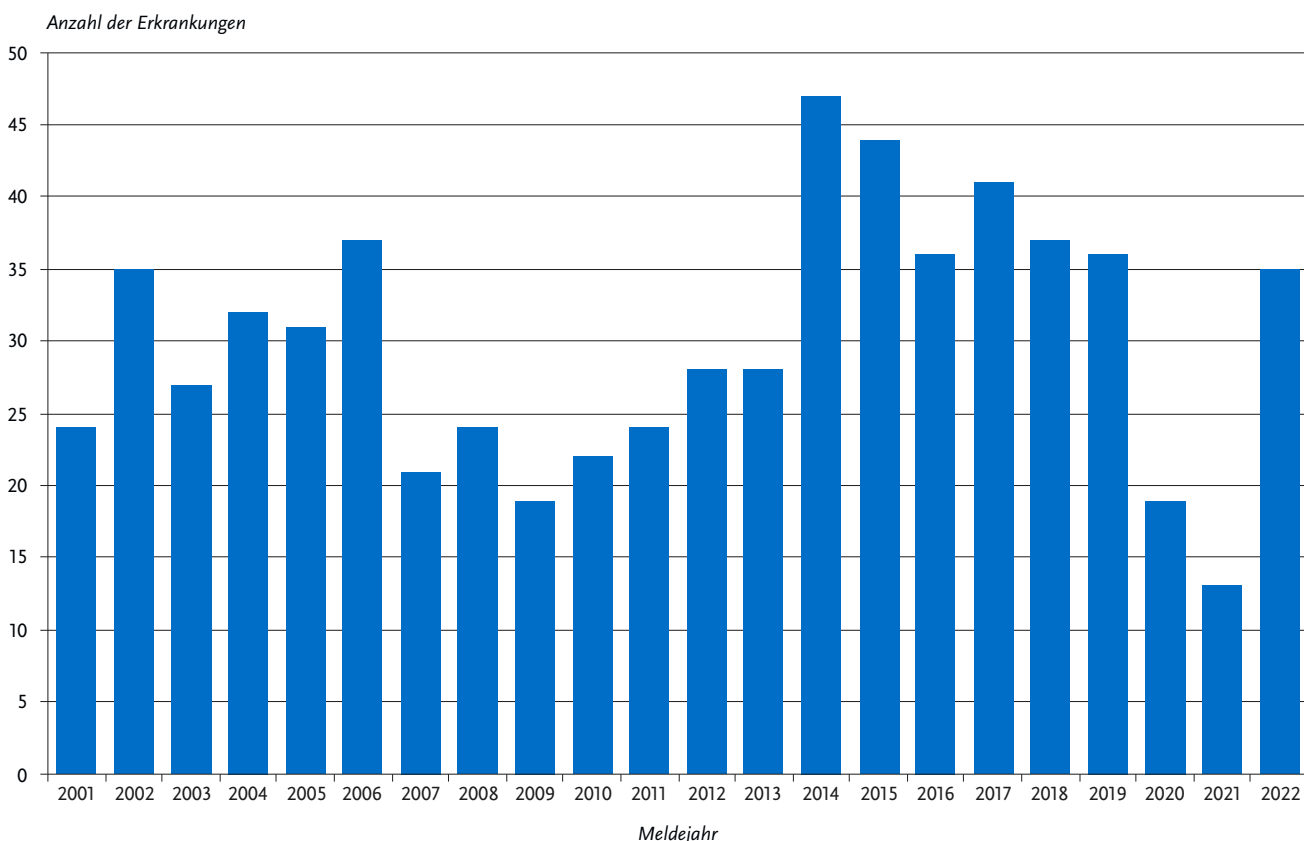
Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 35 Brucellose-Erkrankungen übermittelt, 22 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.6.1). Damit lag die Anzahl der übermittelten Erkrankungen wieder auf dem Niveau von 2019. Vermutlich wurden wegen der eingeschränkten (Fern-) Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie in den Jahren 2020 und 2021 deutlich weniger Erkrankungen übermittelt.

Es erkrankten 21 Männer und 14 Frauen im Alter von 13 bis 83 Jahren (Median: 40 Jahre). Erkrankungen wurden aus den Bundesländern Nordrhein-Westfalen (10), Bayern (8), Hessen (4), Baden-Württemberg, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz, (je 2) sowie Brandenburg, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und Thüringen (je eine) übermittelt.

Bei 26 Erkrankungen waren Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland enthalten; für 20 Erkrankungen (77 %) lag dieses im Ausland. Neben Deutschland (6 Nennungen) wurden Irak (5 Nennungen) und die Türkei (4 Nennungen) am häufigsten übermittelt. Bei 12 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde für 11 *B. melitensis* und für eine *B. abortus* als Erreger angegeben. Es wurden keine Ausbrüche oder Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

Abb. 6.6.1: Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Literaturhinweise

- Enkelmann J, Stark K, Faber M: *Epidemiological trends of notified human brucellosis in Germany, 2006 – 2018*. Int J Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.02.019>
- Vollmar P, Zange S, Zöller L, et al.: *Brucellose. Überblick und aktuelle Bedeutung*. Dtsch Med Wochenschr 2016; 141:1014 – 1018.
- Grunow R, Jacob D, Klee S, et al.: *Brucellosis in a refugee who migrated from Syria to Germany and lessons learnt, 2016*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.31.30311>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank, C., Stark, K.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48:42 – 43. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.7 Campylobacter-Enteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 43.601
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- ▶ Inzidenz um 29 % niedriger als der Median der 5 Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- ▶ Meist sporadische Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit Bauchschmerzen und wässrigem, gelegentlich blutigem Durchfall einhergeht. Die wichtigsten humanpathogenen Spezies sind *C. jejuni* und *C. coli*. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt vor allem über Lebensmittel tierischen Ursprungs (Geflügel, Rohmilch). Als seltene Komplikationen können Gelenkentzündungen sowie das Guillain-Barré-Syndrom (eine mit Lähmungserscheinungen einhergehende Nervenerkrankung) auftreten.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.7.1).

Verlauf

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 43.601 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 52 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2022 um 9 % niedriger als im Vorjahr.

Die *Campylobacter*-Enteritis war die häufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2022.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang (vor allem in der 2. Meldewoche), der nicht auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.7.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (90 Erkr./100.000 Einw.), im Saarland (77) und in Mecklenburg-Vorpommern (76) registriert. In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2017 bis 2021 (s. Abb. 6.7.2). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der 5 Vorjahre war in Bremen (-37 %), Hamburg (-36 %), Schleswig-Holstein (-35 %) und Nordrhein-Westfalen (-35 %) am stärksten. Gegenüber dem Vorjahr konnte in Berlin im Jahr 2022 eine leichte Zunahme (+6 %) der Inzidenz beobachtet werden, in Baden-Württemberg und Hessen war sie etwa auf dem Vorjahresniveau und in den übrigen 13 Bundesländern um 2 bis 19 % niedriger.

Für 26.071 (60 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (26.325 Nennungen; Mehrfachnennung möglich). Dabei entfielen 88 % der Nennungen (23.050) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren Spanien (421 Nennungen), Türkei (318), Italien (178), Indonesien (162), Griechenland (161), Frankreich (155), Thailand (151), Kroatien (144) und Portugal (139).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war wie in den Vorjahren zweigipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den einjährigen Kindern lag die Inzidenz bei 91 Erkr./100.000 Einw. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (70) und den 25- bis 29-Jährigen (64) am höchsten. Jungen und Männer (58) waren in fast allen Altersgruppen häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (47). Lediglich bei den 25- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen etwas höher als bei den Männern (s. Abb. 6.7.3).

Nachgewiesene Erreger

Zu 25.792 (59 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 72 % auf *C. jejuni*,

Tab. 6.7.1: Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	157	0 %	130	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	47.986	84 %	43.471	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	668	1 %	655	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8.634	15 %	9.401	18 %
alle	57.445	100 %	53.657	100 %
Referenzdefinition (B+C)	48.143	84 %	43.601	81 %

Abb. 6.7.1:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2022 (n=43.601) im Vergleich mit den Vorjahren

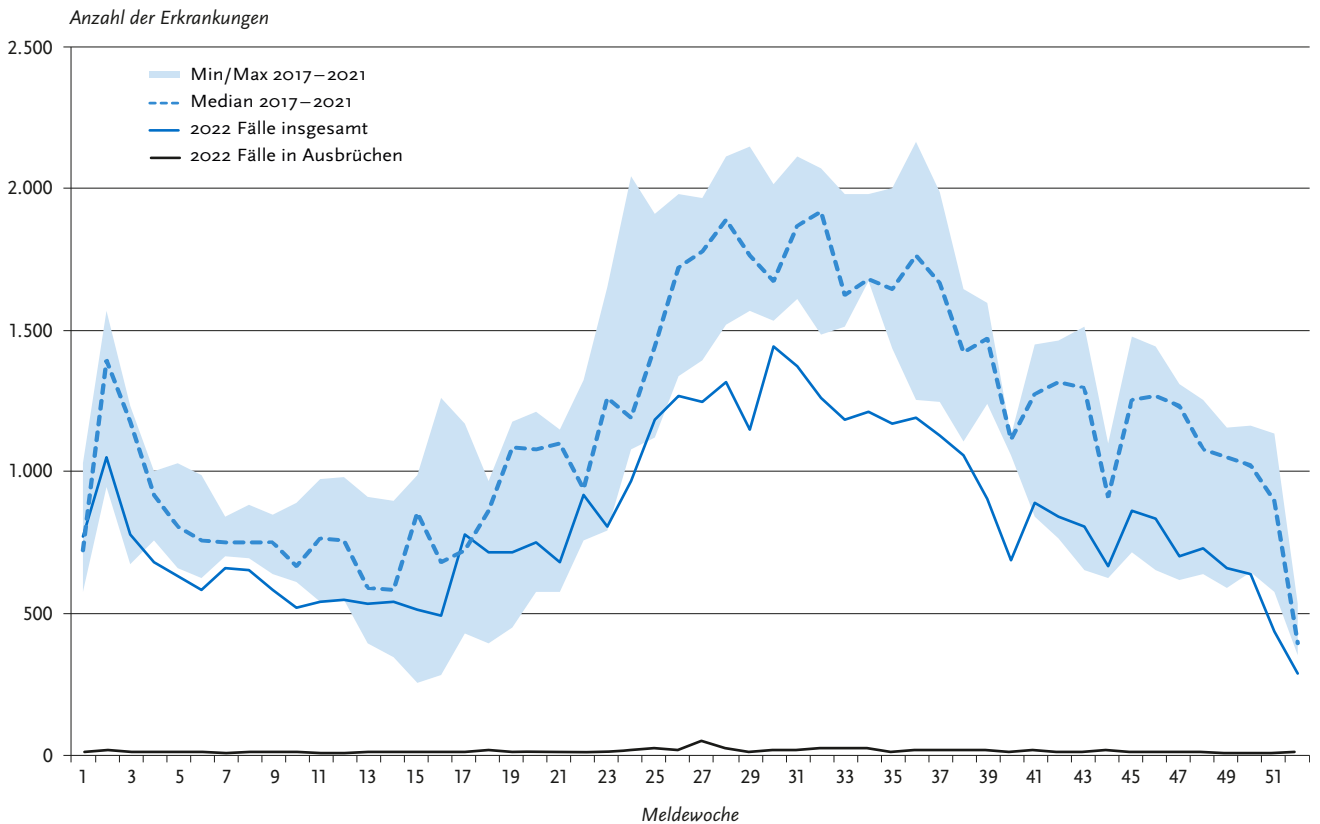


Abb. 6.7.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=43.601) im Vergleich mit den Vorjahren

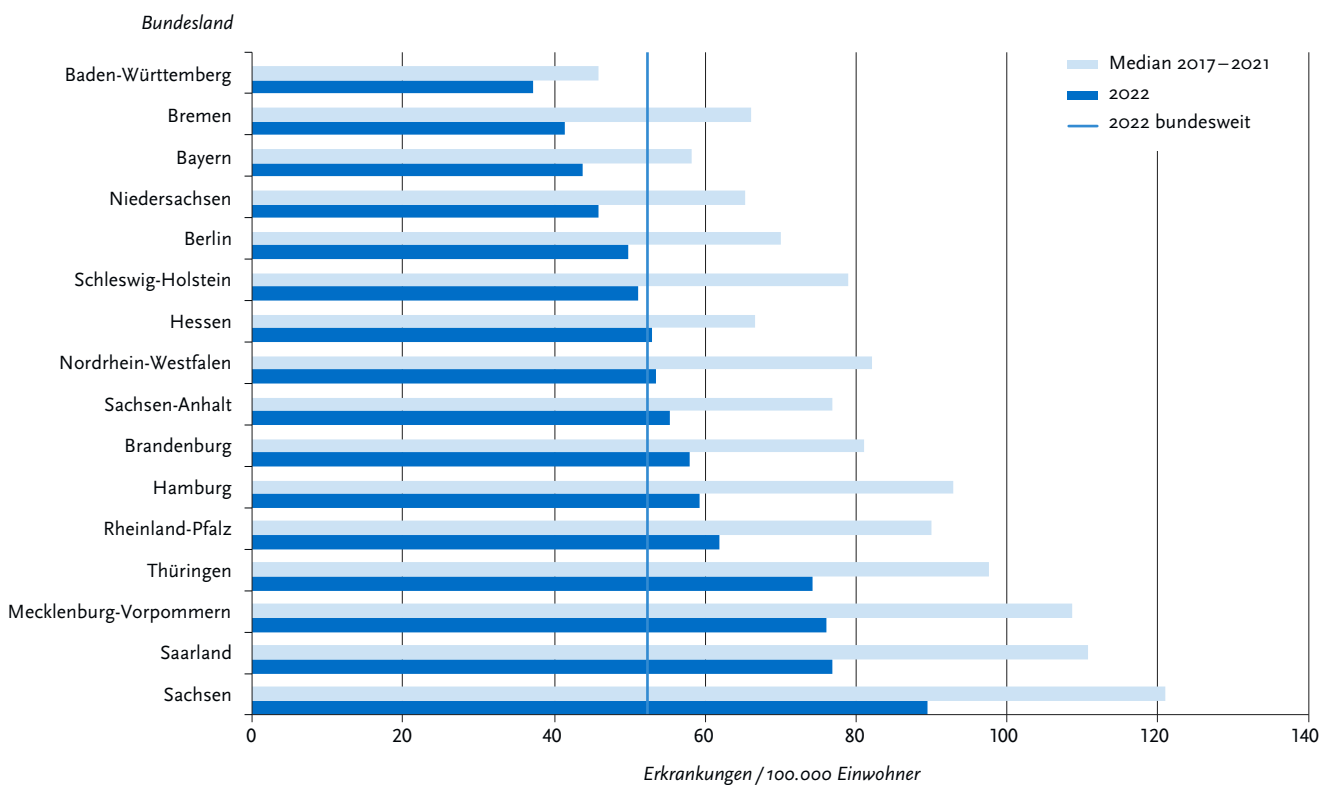
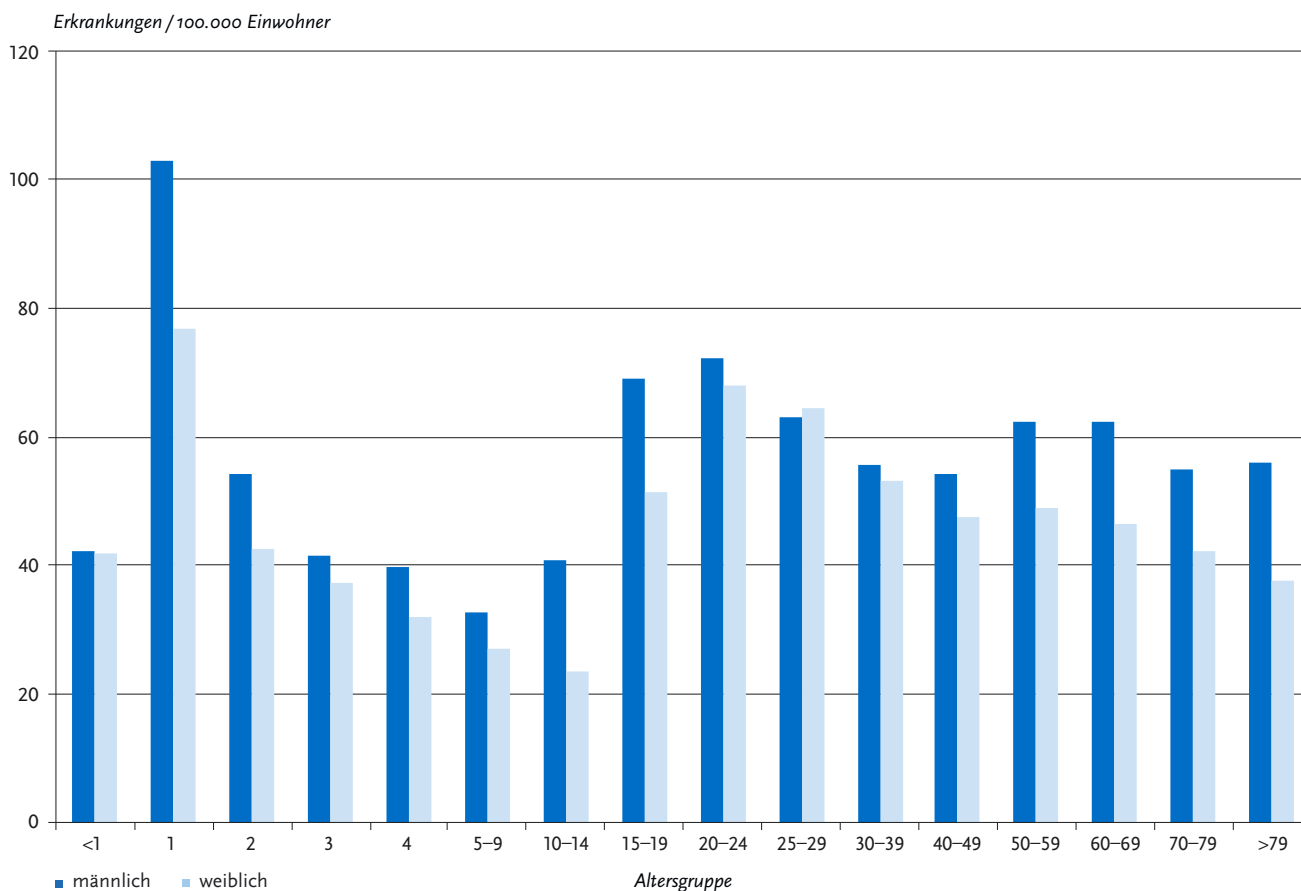


Abb. 6.7.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=43.476)



8 % auf *C. coli* und 13 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. fetus*, *C. lari* und *C. upsaliensis* entfielen jeweils etwa 0,4 % der Angaben oder weniger.

Klinische Aspekte

Für 43.600 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (91.136 Nennungen, Mehrfachangaben möglich). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98 % der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen), gefolgt von Bauchschmerzen (66 %), Fieber (31 %) und Erbrechen (14 %). Im Jahr 2022 wurden 2 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 2 Männer im Alter von etwa 70 bzw. 90 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 151 Ausbrüche mit insgesamt 367 Erkrankungen übermittelt; das entspricht einer Abnahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 13 %. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug knapp ein Prozent. Es wurden 150 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 336 Erkrankungen) und ein Ausbruch mit 31 Erkrankungen übermittelt. Der größte Ausbruch stand im Zusammenhang mit dem Infektionsumfeld »Zeltplatz, Wald« und wurde aus Nordrhein-Westfalen übermittelt. Ob es sich dabei um einen lebensmittelbedingten Ausbruch handelte, ist nicht bekannt, da keine weiteren Angaben zum Ausbruch übermittelt wurden.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2022 mit 43.601 um 9 % unter dem Niveau des Vorjahres 2021 (48.143). In beiden Jahren sowie im Jahr 2020 lagen die übermittelten Fallzahlen deutlich unter dem Niveau der Vorpandemie-Jahre 2015 bis 2019 (zwischen etwa 62.000 und 74.000 pro Jahr). Das niedrigere Niveau der übermittelten Fallzahlen in den Jahren 2020 bis 2022 steht wahrscheinlich mit der COVID-19-Pandemie im Zusammenhang.

Literaturhinweise

- Rosner BM, Gassowski M, Albrecht S, Stark K: Investigating the *Campylobacter enteritis* winter peak in Germany, 2018/2019. Sci Rep 2021. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-02423-8>
- Rosner BM, Schielke A, Didelot X, et al.: A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany, 2011 – 2014. Sci Rep 2017. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05227-x>
- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: Relevance of *Campylobacter* to public health – the need for a One Health approach. Int J Med Microbiol 2014; 304:817 – 823.
- Schielke A, Rosner B, Stark K: Epidemiology of campylobacteriosis in Germany – insights from 10 years of surveillance. BMC Infect Dis 2014. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-30>
- Banerji S, Fruth A, Flieger A: Intensivierte genombasierte Surveillance von *Campylobacter*-Isolaten humaner Erkrankungsfälle in Deutschland. Epid Bull 2021; 33:47 – 53. <https://doi.org/10.25646/8838>
- Rosner B: *Campylobacter*-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland. Epid Bull 2017; 44:501 – 507.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Das Chikungunyavirus gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern, im Süden und Südosten Asiens sowie seit Ende 2013 auch in Mittel- und Südamerika vor. Zudem wurden auch in Südeuropa schon lokal erworbene Infektionen und Ausbrüche beschrieben. Das Chikungunyavirus kann große, z.T. über Jahre anhaltende Epidemien verursachen. Primaten und andere Affen sowie vermutlich Nagetiere bilden das Reservoir. Die Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt über Stechmücken der Gattung *Aedes*. Nach einer Inkubationszeit von ca. 3 bis 12 Tagen kommt es zu einem plötzlichen, schnellen Fieberanstieg sowie Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen. Die häufig beidseitig auftretenden Gelenksbeschwerden können nach Entfieberung noch Wochen oder Monate lang anhalten. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar. Die Erkrankung verläuft in der Regel selbstlimitierend und sehr selten tödlich. Verläufe, die der WHO-Definition für ein hämorrhagisches Fieber entsprechen würden, sind nicht bekannt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden in Deutschland 16 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (2021: 4 Fälle, 2020: 26 Fälle, 2019: 87 Fälle). Die vergleichsweise hohe Fallzahl 2019 ging maßgeblich auf einen größeren Ausbruch in Thailand zurück (s. Abb. 6.8.1).

Die Fälle waren zwischen 20 und 79 Jahre alt. Es erkrankten 11 Frauen und 4 Männer (in einem Fall Geschlecht unbekannt). Todesfälle wurden nicht übermittelt. Die Fälle wurden vom II. bis IV. Quartal übermittelt. Zu den insgesamt 16 Fällen

lagen 17 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor: Brasilien (6), Indonesien (5) und je einmal Äthiopien, Bangladesch, Botsuana, Indien, Philippinen und Südafrika.

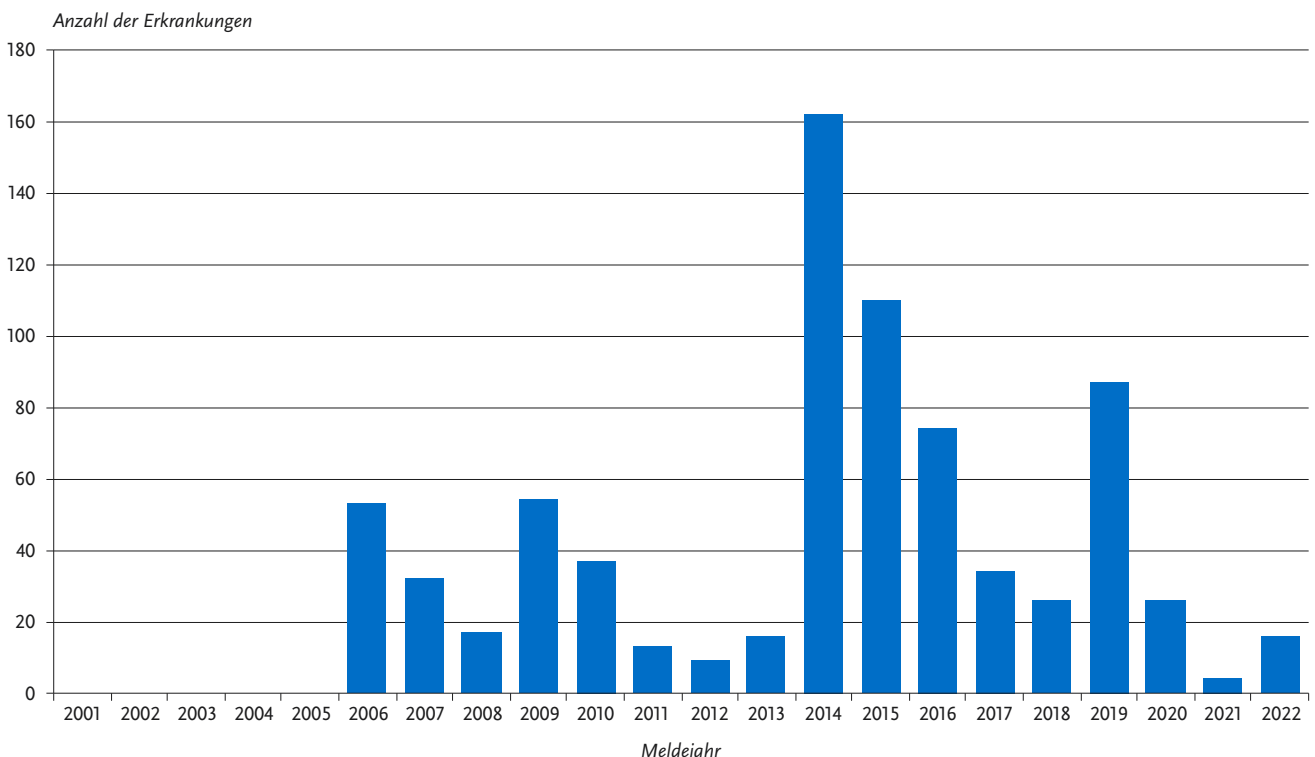
Fazit

Die Anzahl der Chikungunyavirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern, die großen Schwankungen unterliegt, sowie von Veränderungen in den Reiseströmen abhängig. Für die relativ niedrigen Fallzahlen in 2021 und auch noch in 2022 ist mit hoher Wahrscheinlichkeit der beträchtliche Rückgang bei den Fernreisen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie verantwortlich. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Gossner CM, Fournet N, Dias J, et al. Gossner CM, Fournet N, Dias J, et al.: *Risks related to Chikungunya infections among European Union travelers, 2012 – 2018*. Emerg Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.3201/eid2606.190490>
- Venturi G, Aberle SW, Avšič-Zupanc T, et al.: *Specialist laboratory networks as preparedness and response tool – the Emerging Viral Diseases-Expert Laboratory Network and the Chikungunya outbreak, Thailand, 2019*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.13.1900438>
- Thomas SM, Tjaden NB, Frank C, et al.: *Areas with High Hazard Potential for Autochthonous Transmission of Aedes albopictus-Associated Arboviruses in Germany*. Int J Environ Res Public Health 2018. <https://doi.org/10.3390/ijerph15061270>
- Heitmann A, Jansen S, Lühlen R, et al.: *Experimental risk assessment for chikungunya virus transmission based on vector competence, distribution and temperature suitability in Europe, 2018*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.29.1800033>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019; 27:246.

Abb. 6.8.1: Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



6.9 Cholera

Kurzbeschreibung

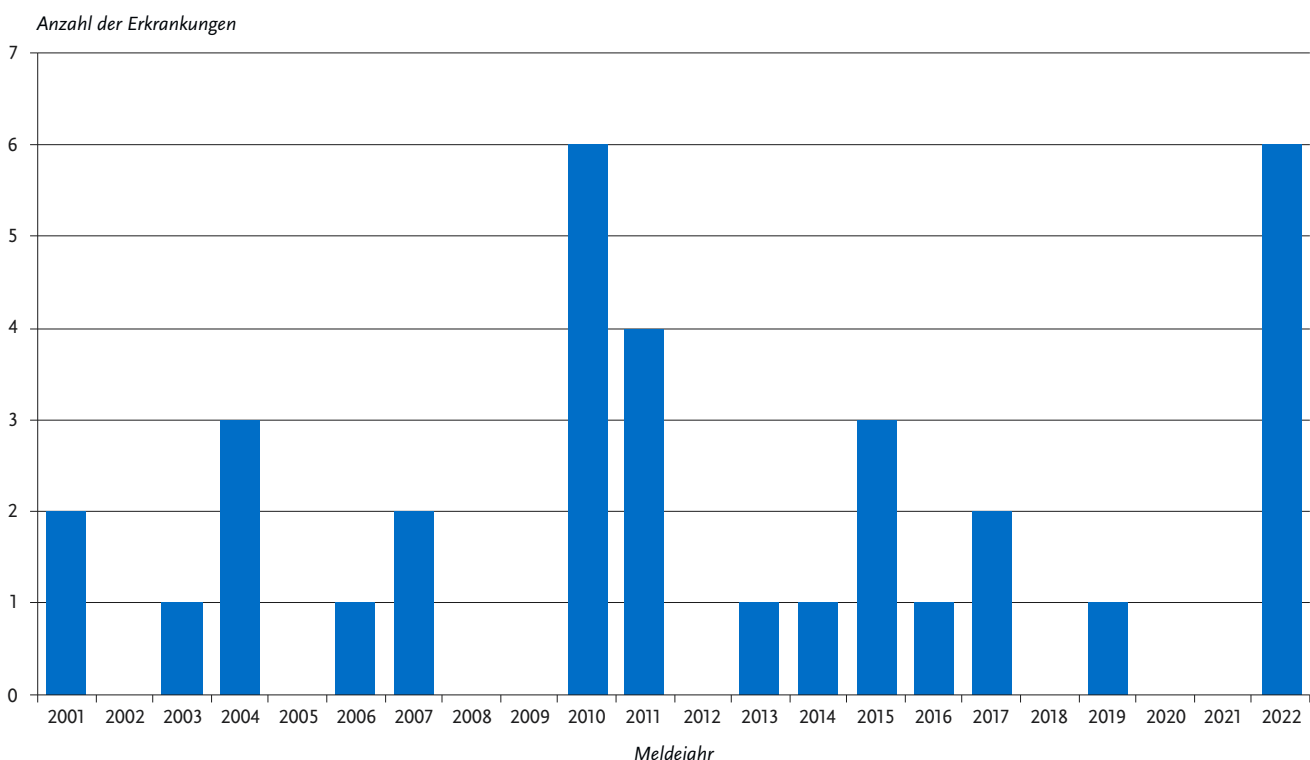
Cholera wird durch das Bakterium *Vibrio cholerae* (typischerweise der Serogruppen O1 und O139) verursacht, das hauptsächlich über verunreinigte Nahrung oder verunreinigtes Wasser übertragen wird. Die schwere Durchfallerkrankung kann aufgrund des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts unbehandelt lebensbedrohlich verlaufen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 6 Cholera-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.9.1). 4 Erkrankte waren männlich (3 in der Altersgruppe 50 bis 69 Jahre sowie ein 3-jähriges Kind) und 2 weiblich (Altersgruppe 20 bis 29 Jahre). Die Erkrankungen betrafen Niedersachsen (3 Erkrankungen) sowie Baden-Württemberg, Bayern und Nordrhein-Westfalen (jeweils eine Erkrankung). Die Infektion wurde bei 4 Erkrankten durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O1 verursacht; bei den anderen beiden Erkrankungen wurde keine Serogruppe übermittelt. Als wahrscheinliches Infektionsland für alle 6 Erkrankte wurde der Irak angegeben. Die Erkrankungen traten in den Monaten Juni bis September 2022 auf. Ein direkter epidemiologischer Zusammenhang zwischen den Erkrankungen ist nicht bekannt. Die Information des Impfstatus lag für 2 Erkrankungen vor: Beide Erkrankten waren ungeimpft. Kein Erkrankter ist verstorben.

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

Abb. 6.9.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Literaturhinweise

STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2023; 14:1 – 194. <https://doi.org/10.25646/11201>

6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 107
- ▶ Fallzahl im Jahr 2022 etwas unter Vorjahresniveau
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen
- ▶ Ausschließlich sporadische CJK-Fälle übermittelt

Kurzbeschreibung

Die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) gehört zur Gruppe der spongiformen Enzephalopathien, bei denen es zu schwammartigen Gehirnveränderungen mit rascher, erheblicher Beeinträchtigung kognitiver und motoneurologischer Funktionen kommt. Als Ursache werden falsch gefaltete infektiöse Proteine, sogenannte Prionen, angesehen.

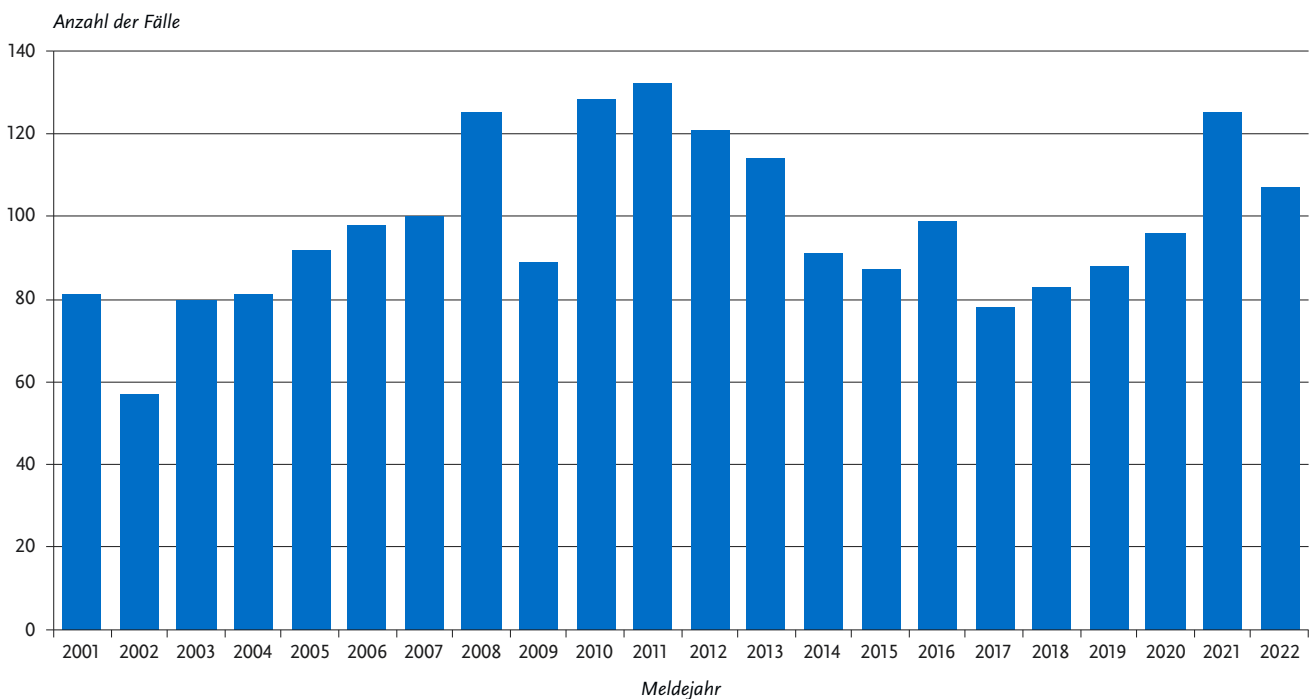
Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten. Ursache und Risikofaktoren der Erkrankung sind unbekannt. Es gibt jedoch auch Formen, die vererbt oder übertragen werden können (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru). Die familiär-hereditären Formen der humanen spongiformen Enzephalopathien sind in Deutschland nicht meldepflichtig.

Die sporadische Form der CJK des Menschen tritt vor allem im höheren Lebensalter (> 59 Jahre) auf und ist weltweit mit etwa 85 bis 90 % aller Fälle die häufigste Form. Wesentlich seltener sind durch medizinische Behandlungen bedingte Übertragungen auf den Menschen. Mögliche Übertragungswege sind dabei Injektionen von menschlichem Wachstumshormon oder die Transplantation von menschlicher Hirnhaut oder Augenhornhaut, die von Verstorbenen mit einer unerkannten CJK gewonnen wurden.

Im Vergleich zur sporadischen CJK betrifft die variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) deutlich jüngere Menschen und verläuft insgesamt langsamer. vCJK ist vermutlich auf die über die Nahrungskette auf den Menschen stattfindende Übertragung des Erregers, der bei Rindern beobachteten Hirnerkrankung »Bovine Spongiforme Enzephalopathie« (BSE), zurückzuführen. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass vCJK auch durch Bluttransfusionen übertragen werden kann.

Alle spongiformen Enzephalopathien verlaufen tödlich. Es stehen derzeit weder eine spezifische Behandlung mit Aussicht auf Heilung noch eine Impfung zur Verfügung.

Abb. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	82	66 %	101	94 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	29	23 %	6	6 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	14	11 %	0	0 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	125	100 %	107	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	125	100 %	107	100 %

Falldefinition

Seit der Ausgabe 2015 werden in der Falldefinition keine Einzelkriterien für das klinische Bild und den neuropathologischen Nachweis aufgeführt. Die Bestätigung beruht auf der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien (TSE) (s. Tab. 6.10.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden dem RKI 107 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.10.1). Im Vergleich zum Jahr 2021 ist somit die Anzahl der übermittelten Fälle etwas geringer (s. Abb. 6.10.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Aus allen Bundesländern wurden im Jahr 2022 Fälle übermittelt. Die meisten Fälle wurden aus Nordrhein-Westfalen (28), Bayern (19) und Baden-Württemberg (16) übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

Der überwiegende Teil der übermittelten Fälle betraf Personen im Alter über 50 Jahre, 2 Fälle traten in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen auf. Die Inzidenz war mit 0,5 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Frauen am höchsten. Bei Männern dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz 0,4. Insgesamt waren Frauen im Jahr 2022 mit 61 Fällen häufiger betroffen als Männer mit 46 Fällen.

Klinische Aspekte

Bei 61 der 107 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 54 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 6 Fällen wurde eine andere Todesursache übermittelt, bei einem Fall war die Todesursache unbekannt. Alle Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Datenqualität

Im Jahr 2022 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle als klinisch bestätigt übermittelt (101; 94 %). Dies erfolgte entsprechend der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien in Göttingen. Der Anteil der klinisch-labor-diagnostisch bestätigten Fälle lag im Jahr 2022 bei 6 % (6 Fälle). Zusätzlich gab es noch 7 übermittelte CJK-Fälle, bei denen das NRZ eine genetische Ursache nicht sicher ausschließen konnte. Gemäß Falldefinition erscheinen die hereditäre Krankheitsfälle nicht in der Statistik.

Die Identifikation und Validierung neuer diagnostischer Biomarker der sporadischen CJK nimmt kontinuierlich zu. Die hohe Spezifität der RT-QuIC Methode (Real time quaking-induced conversion; PrPsc-Aggregationsassay) erlaubt den direkten Nachweis von PrPsc (pathologische Isoform des Prion-Proteins) im Liquor und ermöglicht als zusätzlicher Bestandteil diagnostischer Kriterien die Vereinfachung der CJK-Diagnostik.

Fazit

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ihr bisheriges Maximum; in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle, bis sie im Vorjahr wieder auf einen nur gering niedrigeren Wert als im Jahr 2011 anstiegen. Im Jahr 2022 wurden wieder etwas geringere Fallzahlen verzeichnet (107), die jedoch über dem Median der letzten fünf Jahre (88) lagen. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch 2022 mit 0,1 Fällen/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- Hermann P, Haller P, Goebel S, et al.: *Total and phosphorylated cerebrospinal fluid tau in the differential diagnosis of sporadic Creutzfeldt-Jakob Disease and rapidly progressive Alzheimer's Disease*. Viruses 2022. <https://doi.org/10.3390/v14020276>.
- Hermann P, Appleby B, Brandel JP, et al.: *Biomarkers and diagnostic guidelines for sporadic Creutzfeldt-Jakob disease*. Lancet Neurol 2021; 20:235 – 46.
- Watson N, Brandel JP, Green A, et al.: *The importance of ongoing international surveillance for Creutzfeldt-Jakob disease*. Nat Rev Neurol 2021. <https://doi.org/10.1038/s41582-021-00488-7>
- Llorens F, Villar-Piqué A, Hermann P, et al.: *Cerebrospinal fluid non-phosphorylated tau in the differential diagnosis of Creutzfeldt-Jakob disease: a comparative prospective study with 14 – 3 – 3*. J Neurol 2020; 267:543 – 550.

- Blennow K, Diaz-Lucena D, Zetterberg H, et al.: *CSF neurogranin as a neuronal damage marker in CJD: a comparative study with AD*. J Neurol Neurosurg Psychiatry 2019; 90:846 – 853.
- Kanata E, Golanska E, Villar-Piqué A, et al.: *Cerebrospinal fluid neurofilament light in suspected sporadic Creutzfeldt-Jakob disease*. J Clin Neurosci 2019; 60:124 – 127.
- Zafar S, Noor A, Zerr I: *Therapies for prion diseases*. Handb Clin Neurol 2019; 165:47 – 58.
- Zerr I, Hermann P: *Diagnostic challenges in rapidly progressive dementia*. Expert Rev Neurother 2018; 18:761 – 772.
- Zerr I, Parchi P: *Sporadic Creutzfeldt-Jakob disease*. Handb Clin Neurol 2018; 153:155 – 174.
- Schmitz M, Candelise N, Llorens F, Zerr I: *Amplification and Detection of Minuscule Amounts of Misfolded Prion Protein by Using the Real-Time Quaking-Induced Conversion*. Methods Mol Biol 2018; 1779:257 – 263.

6.11 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.301
- ▶ Inzidenz von 1,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Rückgang im Vergleich zu den Vorjahren)
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-Jährigen

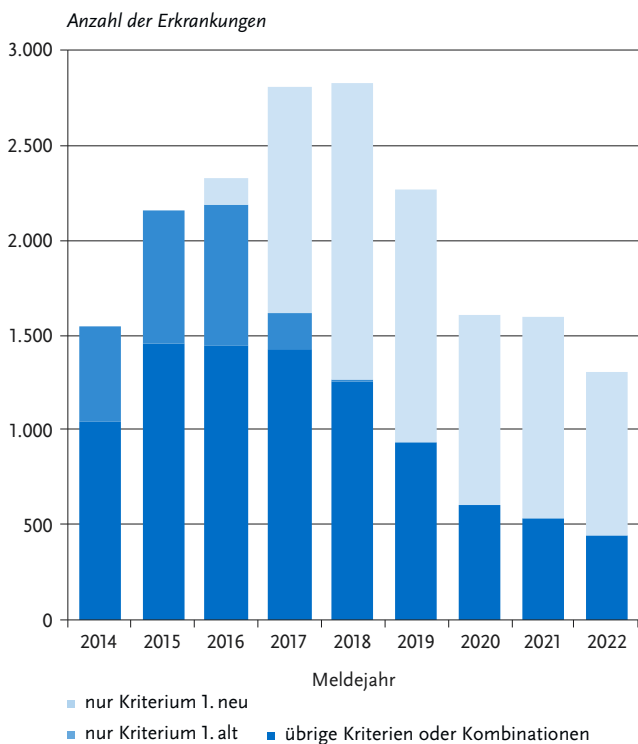
Kurzbeschreibung

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

Falldefinition

Im Jahr 2016 wurden die Meldekriterien, welche das klinische Bild einer schweren Verlaufsform einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung definieren, und in der Folge die Falldefinition für *C. difficile*-Erkrankungen geändert. Das Kriterium (1. alt) »Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten *C. difficile*-Infektion« wurde durch (1. neu) »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulanten erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« ersetzt (s. Abb. 6.11.1). Die weiteren Kriterien umfassen: Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung oder ihrer Komplikationen; Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis; Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und Wertung der *Clostridioides-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung.

Abb. 6.11.1:
Übermittelte Clostridioides-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2022



Zeitlicher Verlauf

Insgesamt wurden 1.301 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C. difficile*-Erkrankung erfüllten. Die bundesweite Inzidenz lag damit im Jahr 2022 bei 1,6 Erkr./100.000 Einw. und ist im Vergleich zu den Jahren 2019 (2,7), 2020 (1,9) und 2021 (1,9) abnehmend.

Insgesamt wurden 857 Erkrankungen allein aufgrund des 2016 neu formulierten Kriteriums (1. neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« übermittelt. Im Vergleich zu 2021 nahm die Anzahl der allein auf Kriterium 1. neu zurückzuführenden Übermittlungen leicht ab. Insgesamt erfüllten 444 Erkrankungen Kriterien, die durch die Änderung der Falldefinition nicht beeinflusst wurden. Hier zeigt sich im Vergleich zu den 4 Vorjahren ebenso ein Rückgang der übermittelten Erkrankungen (s. Abb. 6.11.1).

Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C. difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,5 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 4,0 in Sachsen-Anhalt. In fast allen Bundesländern nahm die Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre ab (s. Abb. 6.11.2).

Demografische Verteilung

C. difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 866 Erkrankte (67 %) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,3 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 0,7, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 1,8 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 3,7. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 9,7 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.11.3) beobachtet. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 1,5 und bei Frauen bei 1,6 Erkr./100.000 Einw.

Klinische Aspekte

Das Kriterium (1. neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« war 1.011-mal (65 %) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« wurde bei 196 (13 %) Erkrankungen angegeben. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde bei 38 (2 %) der Erkrankungen genannt.

Bei 302 (20 %) Erkrankungen wurde »Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *C. difficile*-Erkrankung und Wertung der *C. difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung« angegeben.

Fazit

Die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C. difficile*-Erkrankungen ist mit 1,6 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2021 und dem Median der 5 Vorjahre rückläufig. Eine Ursache für den Rückgang sowie der mögliche Einfluss der COVID-19-Pandemie ist anhand der übermittelten Daten nicht direkt ableitbar.

Literaturhinweise

- Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: Aktuelle molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen von *Clostridioides difficile* in Deutschland im Jahr 2022. *Epid Bull* 2023;15:3 – 8 | DOI 10.25646/11194
- Heudorf U, Berres M, Dogan O, Steul KS: Meldepflicht für schwere *Clostridioides difficile* – Infektionen – Daten aus Frankfurt am Main, 2014 – 2018. *Bestandsaufnahme und Diskussion*. *Gesundheitswesen*. 2022; 84:293 – 300.
- Abdrabou AMM, Bischoff M, Mellmann A, et al.: Implementation of a *Clostridioides difficile* sentinel surveillance system in Germany: First insights for 2019 – 2021. *Anaerobe* 2022. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2022.102548>
- van Preen J, Reigadas E, Vogelzang EH, et al.: European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases: 2021 update on the treatment guidance document for *Clostridioides difficile* infection in adults. *Clin Microbiol Infect* 2021. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2021.09.038>
- Johnson S, Lavergne V, Skinner AM, et al.: Clinical Practice Guideline by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and Society for Healthcare Epidemiology of America (SHEA): 2021 Focused update guidelines on management of *clostridioides difficile* Infection in adults. *Clin Infect Dis* 2021. <https://doi.org/10.1093/cid/ciab718>
- Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Bischoff M, Gärtner BC, German speaking *C. difficile* laboratory study group: Quality assurance for genotyping and resistance testing of *Clostridium (Clostridioides) difficile* isolates – Experiences from the first inter-laboratory ring trial in four German speaking countries. *Anaerobe* 2020; 61:102093.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): Hygienemaßnahmen bei *Clostridioides difficile*-Infektion (CDI). *Bundesgesundheitsbl* 2019; 62:906 – 923.
- Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: CDAD-KISS Referenzdaten 2021. https://www.nrz-hygiene.de/files/Referenzdaten/CDAD/202101_202112_CDAD_Ref_v2.pdf
- Tschudin-Sutter S, Kuijper EJ, Durovic A, et al.: Guidance document for prevention of *Clostridium difficile* infection in acute healthcare settings. *Clin Microbiol Infect* 2018. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2018.02.020>
- Abdrabou AMM, Ul Habib Bajwa Z, Halfmann A, et al.: Molecular epidemiology and antimicrobial resistance of *Clostridioides difficile* in Germany, 2014 – 2019. *Int J Med Microbiol* 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2021.151507>
- Cassini A, Plachouras D, Eckmanns T, et al.: Burden of six healthcare-associated infections on European population health: estimating incidence-based disability-adjusted life years through a population prevalence-based modelling study. *PLoS Med* 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1002150>
- Berger F, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: Ausbruchuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*. *Epid Bull* 2018; 14:137 – 139. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-017>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.11.2:
 Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000
 Einwohnerinnen und Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.301)

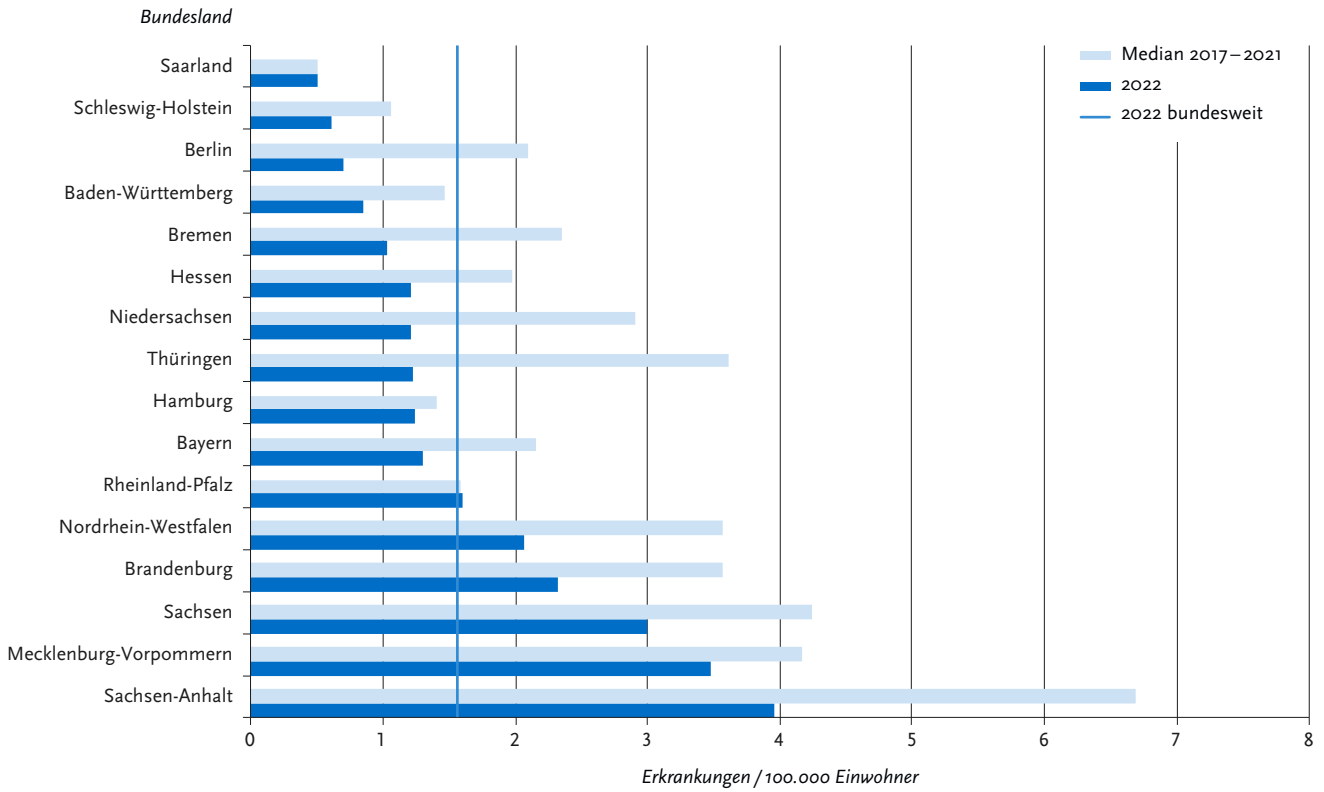
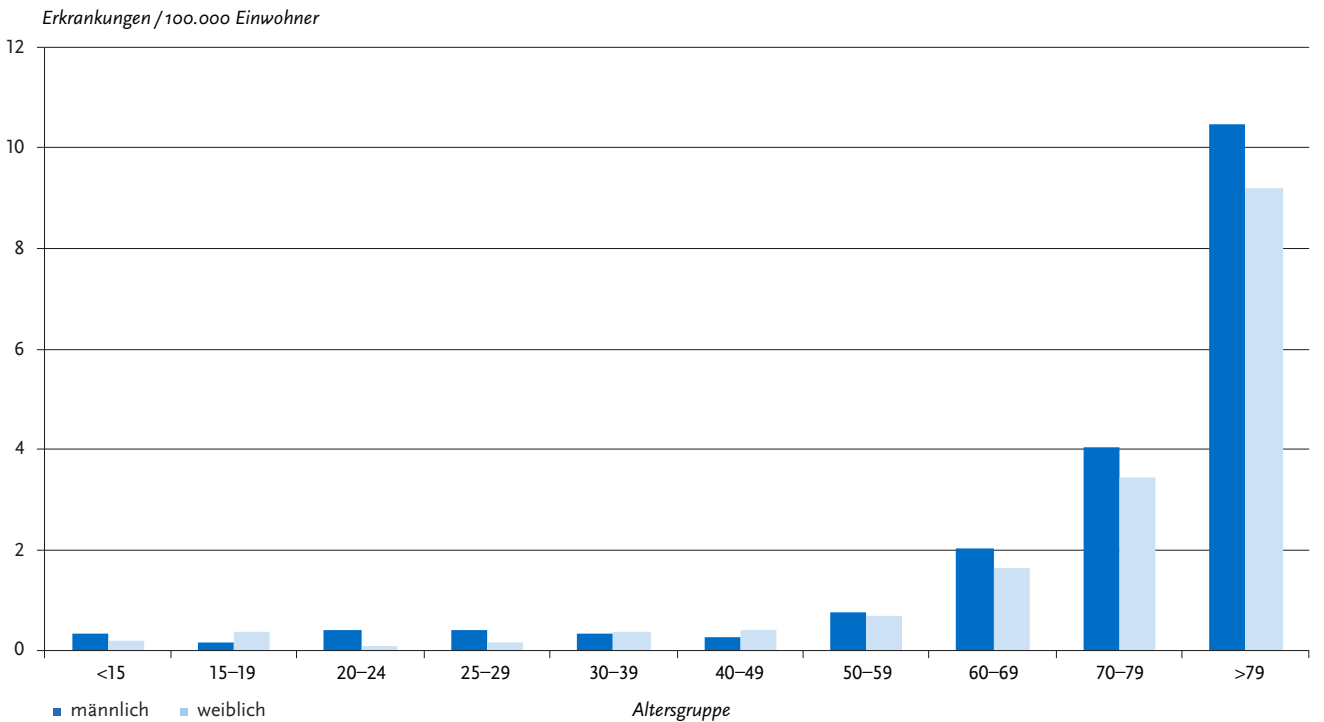


Abb. 6.11.3:
 Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000
 Einwohnerinnen und Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2022 (n=1.299)



6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 30.170.056
- ▶ Im dritten Jahr der COVID-19-Pandemie wurde die fünfte und sechste Erkrankungswelle verzeichnet, wobei die fünfte (Omikron BA.1/BA.2) im Frühjahr fließend in die sechste (Omikron BA.5) im Sommer übergang
- ▶ Höchste Inzidenz bei Jugendlichen (10 bis 14 Jahre), auch bedingt durch die hohe Testfrequenz in dieser Altersgruppe
- ▶ 105.895 Ausbrüche mit 586.525 Fällen v. a. in privaten Haushalten und in Alten- und Pflegeheimen

Kurzbeschreibung

Die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) verursacht akute respiratorische Erkrankungen und wird durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2) ausgelöst. SARS-CoV-2 ist ein Beta-Coronavirus, das Ende 2019 in China erstmals gehäuft auftrat und Anfang 2020 als Auslöser von COVID-19 identifiziert wurde. Am 11.03.2020 wurde das weltweite COVID-19-Infektionsgeschehen von der WHO zu einer Pandemie erklärt.

Die Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt hauptsächlich über die respiratorische Aufnahme virushaltiger Partikel (Tröpfchen, Aerosole), die beim Atmen, Sprechen, Husten, Niesen und Singen infektiöser Personen entstehen. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. COVID-19 kann sich in vielfältiger Weise und nicht nur in der Lunge manifestieren, sondern auch in anderen Organsystemen. In der Regel treten Atemwegsinfektionen auf, die in der Mehrzahl der Fälle mild verlaufen. COVID-19 zeichnete sich in den ersten beiden Pandemie Jahren durch einen hohen Anteil schwerer Verläufe mit intensivmedizinischer Behandlung aus. Das dritte Pandemiejahr war insbesondere durch das hohe Transmissionsgeschehen aufgrund der dominierenden Zirkulation der Omikron-Variante geprägt. Im Vergleich zur Delta-Variante ging Omikron mit einer geringeren Krankheitschwere einher. Die seit Ende 2020 zur Verfügung stehenden Impfstoffe gegen COVID-19 haben eine sehr gute Wirksamkeit gegen schwere Krankheitsverläufe.

Falldefinition

Im Jahr 2022 wurden 30.183.387 Fälle übermittelt. Davon entsprachen 30.170.056 der Referenzdefinition. Der Verdacht, die Erkrankung, einschließlich Hospitalisierung, und der Tod in Bezug auf COVID-19 sind gemäß § 6 IfSG sowie der Nachweis von SARS-CoV-2 gemäß § 7 IfSG meldepflichtig. Das Gesundheitsamt übermittelt gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI nur Erkrankungs- oder Todesfälle und Erregernachweise, die der Falldefinition gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechen. Dies sind alle laborbestätigten Fälle unabhängig von klinischen Symptomen sowie klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle (Falldefinitionskategorien B, C, D, E). Im Folgenden werden Fälle berichtet, die der Referenzdefinition (nur mittels Nukleinsäurenachweis oder Erregerisolierung labordiagnostisch bestätigte Fälle) entsprechen. Mit Antigennachweis labordiagnostisch bestätigte Fälle werden an das RKI übermittelt, erfüllen jedoch nicht die Referenzdefinition und werden in den folgenden Darstellungen nicht berücksichtigt.

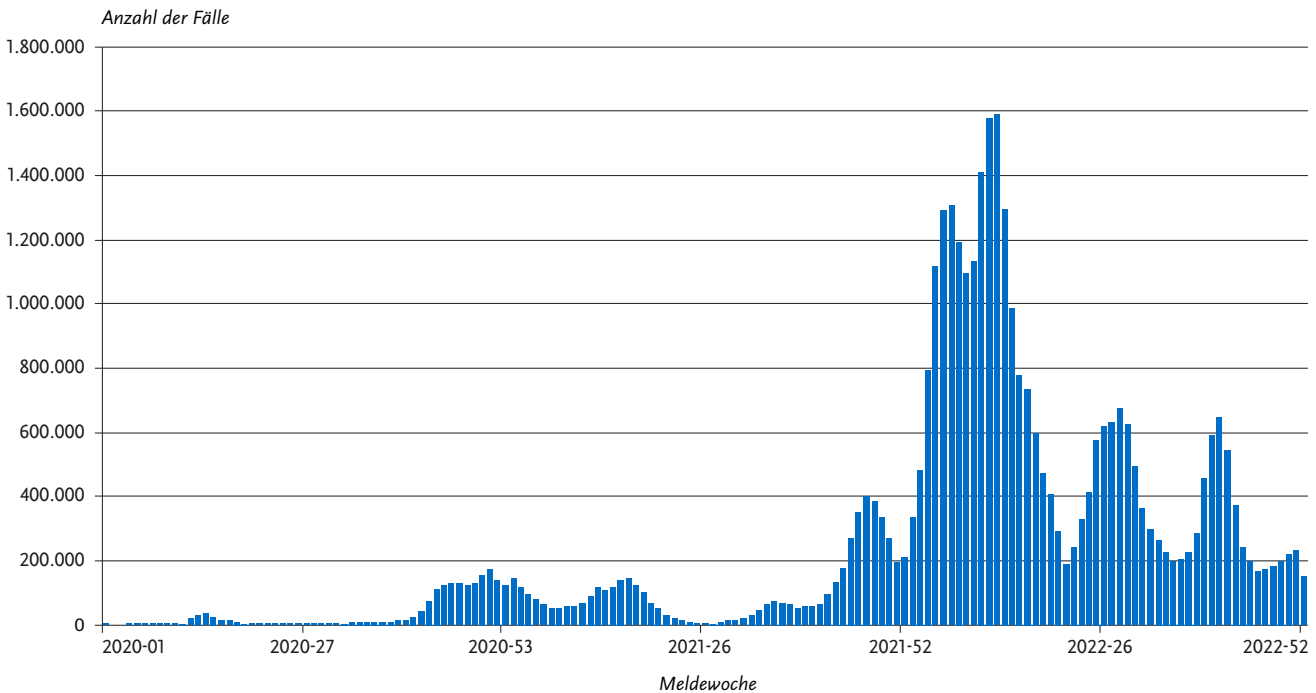
Zeitlicher Verlauf

Der zeitliche Verlauf der Pandemie wurde anhand verschiedener Kriterien in Phasen eingeteilt, um einheitliche retrospektive Auswertungen zu ermöglichen. Zum Ende des Jahres 2021 war ab der 52. Meldewoche (MW) ein fließender Übergang von der vierten (verursacht durch die Delta-Variante) in die fünfte COVID-19-Welle (verursacht durch die Omikron-Subvarianten BA.1 und BA.2) zu beobachten (s. Abb. 6.12.1). Die fünfte COVID-19-Welle nahm dabei einen zweigipfligen Verlauf, der mit der Dominanz der Omikron BA.1- bzw. BA.2-Subvariante einherging, und kann in 2 Phasen unterteilt werden. Die erste Phase der fünften Welle (Omikron BA.1) dauerte von der 52. MW 2021 bis zur 8. MW 2022. Nach einem sehr raschen und starken Anstieg der Fallzahlen zu Beginn des Jahres 2022 erreichte die BA.1-Phase in der 6. MW mit 1.309.871 übermittelten Fällen pro Woche ihren Höhepunkt. Insgesamt wurden in dieser Phase 7.832.163 Fälle übermittelt. Die zweite Phase der fünften COVID-19-Welle (Omikron BA.2) schloss sich ab der 9. MW direkt an und dauerte bis zur 21. MW. In diesem Zeitraum stiegen die Fallzahlen nochmals deutlich an. In der 12. MW wurde mit 1.588.544 Fällen der seit Beginn der Pandemie höchste Wert an übermittelten Fällen pro Woche erreicht. Auch insgesamt gesehen, wurden – im Vergleich zu allen anderen Phasen der Pandemie – die meisten Fälle während der zweiten Phase der fünften COVID-19-Welle übermittelt (n=11.467.300). Anders als in den Vorjahren, in denen während der Sommermonate eine Niedriginzidenzphase bzw. ein Sommerplateau beobachtet werden konnte, schloss sich in der 22. MW direkt die von

Tab. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3.507	0 %	13.331	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.666.204	49 %	4.676.922	15 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.090.217	20 %	1.696.086	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.683.361	31 %	23.797.048	79 %
alle	5.443.289	100 %	30.183.387	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	5.439.782	100 %	30.170.056	100 %

Abb. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2020 bis 2022



Omikron BA.5 dominierte sechste COVID-19-Welle an. Auch in der sechsten Welle war ein zweigipfliger Verlauf zu erkennen, dieser blieb jedoch deutlich unter dem Niveau, welches im Frühjahr 2022 beobachtet werden konnte. In der sechsten COVID-19-Welle wurden bis zur 52. MW insgesamt 11.079.298 Fälle übermittelt. Im Vergleich zu den ersten beiden Pandemie-jahren wurden während der fünften und sechsten COVID-19-Welle etwa 4-mal mehr Fälle übermittelt.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2022 lag bei 36.246 Fällen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 6.535). Dabei lag die Inzidenz in 6 Bundesländern über dem bundesweiten Wert, insbesondere in Niedersachsen (41.196), im Saarland (41.175) und in Bayern (40.030). Die niedrigste Inzidenz wurde in Berlin (29.082) und Thüringen (27.587) beobachtet.

Für 6.798.367 Fälle (23 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für 99 % der Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland keine Rolle mehr.

Demografische Verteilung

Für 29.871.745 Fälle (99 %) lag eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Ähnlich zum Vorjahr lag die höchste altersspezifische Inzidenz im Jahr 2022 bei Personen im Alter von 10 bis 14 Jahren (49.774), gefolgt von Personen im Alter von 15 bis 19 Jahren (48.071) und den 30- bis 39-Jährigen (47.264). Personen ab 70 Jahren und Kinder unter 5 Jahren hatten hingegen die niedrigsten Inzidenzen (s. Abb. 6.12.2). Anders als im Vorjahr war die Inzidenz aller COVID-19-Fälle im Jahr 2022 bei Frauen (37.170) höher als bei Männern (34.635). Insbesondere in den Altersgruppen der 15- bis 39-Jährigen waren weibliche Fälle deutlich stärker betroffen (Inzidenz von > 50.000 bei Frauen

vs. Inzidenzen zwischen rund 41.000 und 45.000 bei Männern in der jeweiligen Altersgruppe). Der Altersmedian für alle COVID-19-Fälle lag bei 38 Jahren (Vorjahr: 36 Jahre).

Klinische Aspekte

Für 21 % aller Fälle (n=6.356.359) waren klinische Informationen verfügbar. Neben allgemeinen Krankheitszeichen (59 %) traten bei der Mehrheit dieser Fälle Erkältungssymptome wie Husten (55 %) und Schnupfen (53 %) auf, gefolgt von Halsschmerzen (38 %) und Fieber (28 %) (Mehrfachnennungen möglich). Im Vergleich zum Vorjahr hat sich der Anteil an Fällen mit Geruchs- bzw. Geschmacksverlust in etwa halbiert und lag bei 6 % bzw. 8 %.

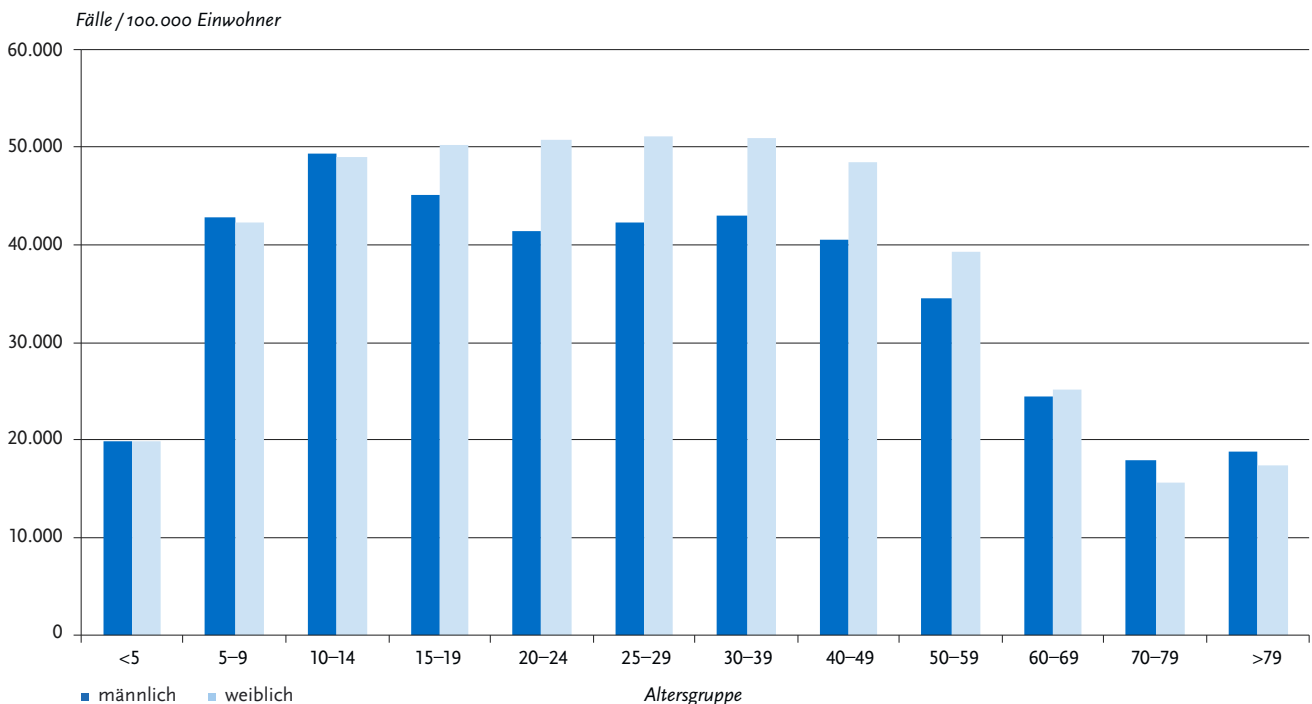
Unter allen Fällen lag für 12.961.476 eine Angabe zur Hospitalisierung vor (43 %). Davon wurden 446.397 COVID-19-Fälle (3 %) stationär aufgenommen. Mit ca. einem Drittel (30 %) wurde der höchste Anteil an hospitalisierten Fällen bei Personen ab 80 Jahren beobachtet. Der niedrigste Anteil (< 1 %) lag jeweils bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 5 bis 9 bzw. 10 bis 14 Jahren. Unter den hospitalisierten Fällen waren 51 % weiblich und 49 % männlich.

Für das Jahr 2022 lag für 28.661.829 (95 %) eine Angabe zum Verstorbenenstatus vor. Unter diesen wurden 46.841 COVID-19-Todesfälle übermittelt. Dies entspricht einem Fall-Verstorbenen-Anteil von unter einem Prozent. Für 33.462 Fälle (71 %) wurde angegeben, dass COVID-19 ursächlich zum Tod beigetragen habe. Mit 68 % nehmen Personen ab 80 Jahren den größten Anteil unter den Verstorbenen ein, gefolgt von den 70- bis 79-Jährigen (19 %). 54 % der Todesfälle waren männlich.

Nachgewiesene Erreger

Seit Beginn der Zirkulation von SARS-CoV-2 im Menschen erwarben die Viren eine zunehmende Anzahl von Mutationen innerhalb ihres Genoms. Anhand dieser Genomveränderungen

Abb. 6.12.2:
Übermittelte COVID-19-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=29.871.745)



werden die Viren in Varianten (auch Clades bzw. Linien) des ursprünglich identifizierten Wildtyps von SARS-CoV-2 unterteilt. Die Varianten unterscheiden sich in ihren Erregereigenschaften wie der Übertragbarkeit, der Virulenz oder der Suszeptibilität gegenüber der Immunantwort von genesenen oder geimpften Personen relevant vom ursprünglichen Wildtyp von SARS-CoV-2. Im Dezember 2020 wurde erstmals vom vermehrten Auftreten der Beta-Variante in Südafrika und der Alpha-Variante im Vereinigten Königreich berichtet. Die Alpha-Variante verbreitete sich später auch in der gesamten europäischen Region aus und war im Frühjahr 2021 die dominierende Variante in Deutschland. Zu Beginn des Jahres 2021 wurde erstmals bei Reisenden aus dem brasilianischen Bundesstaat Amazonas die SARS-CoV-2-Variante Gamma nachgewiesen, die in Deutschland jedoch nur einen kleinen Anteil unter allen zirkulierenden Varianten einnahm. Die Delta-Variante wurde seit März 2021 auch in Deutschland nachgewiesen und war insbesondere in der zweiten Jahreshälfte die dominierende Variante. Zum Jahresende 2021 wurde sie durch die Omikron-Variante abgelöst, durch die ein fließender Übergang von der vierten in die fünfte COVID-19-Welle ab der 52. MW 2021 erfolgte. Die Omikron-Variante war über das gesamte Jahr 2022 die dominierende Variante, wobei im Frühjahr insbesondere die Omikron-Subvariante BA.1 zirkulierte, gefolgt von der Subvariante BA.2 im Frühsommer und Omikron BA.5 von Sommer bis Jahresende 2022.

Für das Jahr 2022 wurde bei 1.840.263 Fällen die Omikron-Variante, bei 49.051 Fällen die Delta-Variante, bei 1.683 Fällen die Alpha-Variante, bei 350 Fällen die Beta-Variante und bei 122 Fällen die Gamma-Variante nachgewiesen.

Impfungen

Die Meldung aller durchgeführten COVID-19-Impfungen an das RKI war in § 4 der Coronavirus-Impfverordnung für alle Leistungserbringenden gesetzlich vorgeschrieben. Die Impfungen begannen

in Impfzentren, durch mobile Teams und in einigen Krankenhäusern am 27.12.2020. Seit dem 06.04.2021 impften die Vertragsärztinnen/-ärzte, seit dem 07.06.2021 auch die Betriebs- und Privatärztinnen/-ärzte und seit dem 25.05.2022 wurden auch Zahnarztpraxen eingebunden. Im Jahr 2022 standen 6 Impfstoffe zur Verfügung, die im Zeitverlauf unterschiedlichen Personengruppen empfohlen wurden: Comirnaty (BioNTech/Pfizer), Spikevax (Moderna), Vaxzevria (AstraZeneca), JCOVDEN (vorher COVID-19 Vaccine Janssen (Johnson & Johnson)), NuvaXovid (Novavax) und COVID-19-Impfstoff Valneva (Valneva). Zu Beginn der Impfkampagnen standen nur begrenzte Mengen verschiedener Impfstoffe zur Verfügung. Daher empfahl die Ständige Impfkommission (STIKO) zunächst eine Priorisierung von vorrangig zu impfenden Personengruppen (ab 18 Jahren) mit einem besonders hohen Risiko für einen schweren oder tödlichen Verlauf, einem erhöhtem Expositionsrisiko im beruflichen Umfeld oder engen Kontakt zu vulnerablen Gruppen (z. B. medizinisches Personal). Diese Priorisierung wurde mit der Neufassung der Coronavirus-Impfverordnung zum 7. Juni 2021 aufgehoben. Für Kinder und Jugendliche wurden Impfungen zunächst auch nur bei bestimmten Indikationen (z. B. Vorerkrankungen) und im zeitlichen Verlauf für unterschiedliche Altersgruppen empfohlen. Eine generelle Impfeempfehlung erfolgte im August 2021 für die 12- bis 17-Jährigen und im November 2022 für die 5- bis 11-Jährigen. Eine Impfung für Kleinkinder (von 6 Monaten bis 4 Jahren) mit Vorerkrankungen wurde seit November 2022 empfohlen.

Ende des Jahres 2022 hatten etwa 80 % der Bevölkerung eine Impfdosis, 76 % 2 Impfdosen und etwa zwei Drittel der Bevölkerung (63 %) eine Auffrischimpfung erhalten (Stand 02.01.2023).

Die Impfwirksamkeit wird kontinuierlich überwacht. Aktuelle Erkenntnisse zeigen, dass die Auffrischimpfung in allen Altersgruppen und die Grundimmunisierung bei Kindern

(5 bis 11 Jahre) eine hohe Wirksamkeit gegen einen schweren COVID-19-Krankheitsverlauf haben. Daten zu COVID-19-Impfungen und Impfquoten wurden im Rahmen des Digitalen Impfmonitorings (DIM) erfasst. Für detaillierte und aktuelle Angaben zur Anzahl geimpfter Personen und zur Wirksamkeit der Impfung wird auf die entsprechenden Informationen auf den Webseiten des RKI hingewiesen.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 105.895 Ausbrüche mit insgesamt 586.525 COVID-19-Fällen übermittelt. Durchschnittlich wurden pro Ausbruch 5 bis 6 Fälle übermittelt. Etwa zwei Drittel (64 %) der Fälle gehörte zu größeren Ausbruchsgeschehen mit mindestens 5 Fällen (insgesamt 378.214; 25 % aller Ausbrüche).

Der Altersmedian von Fällen in Ausbrüchen lag bei 45 Jahren, wobei Personen ab 80 Jahren den größten Anteil (22 %) einnahmen. Mit Blick auf die wahrscheinlichen Ausbruchsettings wurde wie im Vorjahr am häufigsten der private Haushalt genannt (52 % aller Ausbrüche). Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen wurden insbesondere in Alten- und Pflegeheimen verzeichnet (33 % der Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen).

Datenqualität

Die Datenerfassung wurde im Verlauf kontinuierlich an die neuen wissenschaftlichen Erkenntnisse und gesetzlichen Vorgaben angepasst. So konnten bspw. ab der 17. MW 2020 Symptome wie Geruchs- und Geschmacksverlust systematisch übermittelt werden. Ende 2020 wurden weitere Felder zur Erfassung des Impfstatus implementiert und seit Anfang 2021 bestand auch die Möglichkeit den Nachweis einer Virusvariante oder von Mutationen zu übermitteln.

Da die Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen bzw. COVID-19 an das medizinische Versorgungssystem durch niedergelassene Ärztinnen und Ärzte, Krankenhäuser, Labore, Leitungen von Gemeinschaftseinrichtungen oder Testzentren gekoppelt ist und die Referenzdefinition des RKI zudem nur durch PCR oder Virusisolierung, aber nicht Antigennachweise erfüllen, kann es sein, dass insbesondere Personen mit einem milden oder asymptomatischen Krankheitsverlauf seltener erfasst wurden. Die Erfassung milder und asymptomatischer Fälle ist auch von der angewendeten Teststrategie abhängig. Personengruppen, die systematisch getestet werden (z. B. Schulkinder), können einer geringeren Untererfassung unterliegen und somit im Verhältnis zum Infektionsgeschehen in der Gesamtbevölkerung in den Meldedaten überrepräsentiert sein.

Mit den Meldedaten kann der zeitliche Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen sowie die Betroffenheit der einzelnen Altersgruppen gut wiedergegeben werden. Es ist jedoch nicht möglich, alle Fälle im Meldesystem – insbesondere bei einer hohen Zirkulation von SARS-CoV-2 in der Bevölkerung wie bspw. bei Omikron – zu erfassen. Da schwere Erkrankungen bei der Gesamtbewertung des Geschehens stärker in den Vordergrund treten, wurden neben den Meldedaten im Rahmen der COVID-19- und ARE-Berichterstattung weitere etablierte Surveillance-systeme wie bspw. die syndromische Surveillance akuter Atemwegserkrankungen einbezogen.

Fazit

Die COVID-19-Pandemie in Deutschland verlief im Jahr 2022 in mehreren Wellen. Zu Beginn des Jahres setzte sich die von Omikron BA.1 und später von Omikron BA.2 dominierte fünfte COVID-19-Welle fort. Im Sommer schloss sich direkt die sechste

COVID-19-Welle mit einer dominanten Zirkulation von Omikron BA.5 an, welche bis zum Jahresende andauerte. Aufgrund ihrer virologischen Eigenschaften führten die 3 Untervarianten von Omikron im dritten Pandemiejahr erstmals zu einer sehr hohen Transmission in der gesamten Bevölkerung und damit zu einem starken Anstieg der Fallzahlen.

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei Jugendlichen (10 bis 14 Jahre bzw. 15 bis 19 Jahre) registriert. Im Hinblick auf das COVID-19-Symptomprofil scheint der Geruchs- und Geschmacksverlust kein eindeutiges Kennzeichen mehr von COVID-19 zu sein. Im Vergleich zum Vorjahr halbierten sich die Anteile beider Symptome unter den COVID-19-Fällen und befanden sich während der Zirkulation von Omikron auf einem relativ niedrigen Niveau. Unter allen Altersgruppen wurden bei Kindern und Jugendlichen (5 bis 9 Jahre bzw. 10 bis 14 Jahre) der geringste Anteil an hospitalisierten Fällen beobachtet. Hospitalisierte und verstorbene Fälle wurden hauptsächlich bei hochaltrigen Personen (ab 80 Jahren) übermittelt. Geschlechtsspezifische Unterschiede zeigten sich zum einen in den altersspezifischen Inzidenzen, wobei in den Altersgruppen der 15- bis 39-jährigen weibliche Fälle am stärksten betroffen waren. Unter den tödlich verlaufenden Erkrankungen zeigte sich, dass Fälle mit männlichem Geschlecht etwas häufiger verstarben.

Literaturhinweise

- RKI (2023): Aktuelle Situationsberichte, Wochenberichte und COVID-19-Trends im Überblick. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html
- RKI (2023): COVID-19 und Impfen: Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ). <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQ/COVID-Impfen/gesamt.html>
- STIKO (2023): STIKO-Empfehlung zur COVID-19-Impfung, wissenschaftliche Begründungen und frühere Aktualisierungen. <https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Impfen/ImpfungenAZ/COVID-19/Impfempfehlung-Zusfassung.html>
- RKI (2023): Antworten auf häufig gestellte Fragen zum Coronavirus SARS-CoV-2 / Krankheit COVID-19. <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQ/NCOV2019/FAQ-Liste-COVID-19-Pandemie.html>
- Lehfeld AS, Buda S, Haas W, et al.: Änderung des COVID-Symptomprofils während der Coronapandemie – Analyse der deutschen Meldedaten. *Dtsch Arztebl Int* 2023. <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2023.0018>
- Siedler A, Schönfeld V, Peine C, et al.: Evaluation der COVID-19-Impfung nach breiter Anwendung – ein Zwischenfazit für Deutschland im Juli 2022. *Bundesgesundheitsbl* 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-022-03618-8>
- Sievers C, Zacher B, Ulrich A, et al.: SARS-CoV-2 Omicron variants BA.1 and BA.2 both show similarly reduced disease severity of COVID-19 compared to Delta, Germany, 2021 to 2022. *Euro Surveill* 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.22.2200396>
- an der Heiden M, Buchholz U: Serial interval in households infected with SARS-CoV-2 variant B.1.1.529 (Omicron) is even shorter compared to Delta. *Epidemiol Infect* 2022. <https://doi.org/10.1017/S0950268822001248>
- Diercke M, Claus H, Rexroth U, Hamouda O: Anpassung des Meldesystems gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2020 aufgrund von COVID-19. *Bundesgesundheitsbl* 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03298-w>
- Tolksdorf K, Loenenbach A, Buda S: Dritte Aktualisierung der »Retrospektiven Phaseneinteilung der COVID-19-Pandemie in Deutschland«. *Epid Bull* 2022; 38:3 – 6. <https://doi.org/10.25646/10598>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Hauer B, et al.: COVID-19-Infektionsgeschehen und Maßnahmen in Schulen – Auswertungen der Daten auf der Webseite der Kultusministerkonferenz. *Epid Bull* 2022;17: 3 – 10. <https://doi.org/10.25646/9977>
- Lehfeld AS, Buchholz U, Grgic M, et al.: Meldedaten und KiTa-Register ergänzen sich in der Bewertung der Dynamik der SARS-CoV-2-Ausbrüche in Kindertageseinrichtungen. *Epid Bull* 2022;3:42 – 51. <https://doi.org/10.25646/9514>

6.13 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 375
- ▶ Geringere Fallzahl als vor der COVID-19-Pandemie, beeinflusst vom Rückgang der Fernreisen, aber wieder deutlich höhere Fallzahl als 2020 und 2021.
- ▶ Alle Infektionen wurden im Ausland erworben, die meisten davon auf Kuba.

Kurzbeschreibung

Das Denguevirus, bei dem 4 Serotypen unterschieden werden, wird von vorwiegend tagaktiven Stechmücken in über 100 Ländern der Tropen und Subtropen übertragen. Es verursacht eine akute fieberhafte Erkrankung mit Kopf- und Gliederschmerzen und

gelegentlich Hautausschlag. Die schweren, zum Teil tödlichen Verlaufsformen mit diffusen Blutungen (hämorrhagisches Denguefieber) und Kreislaufversagen (Dengue-Schock-Syndrom) treten vermehrt bei erneuter Infektion mit einem anderen Serotyp und vor allem bei in Endemiegebieten lebenden Kindern auf.

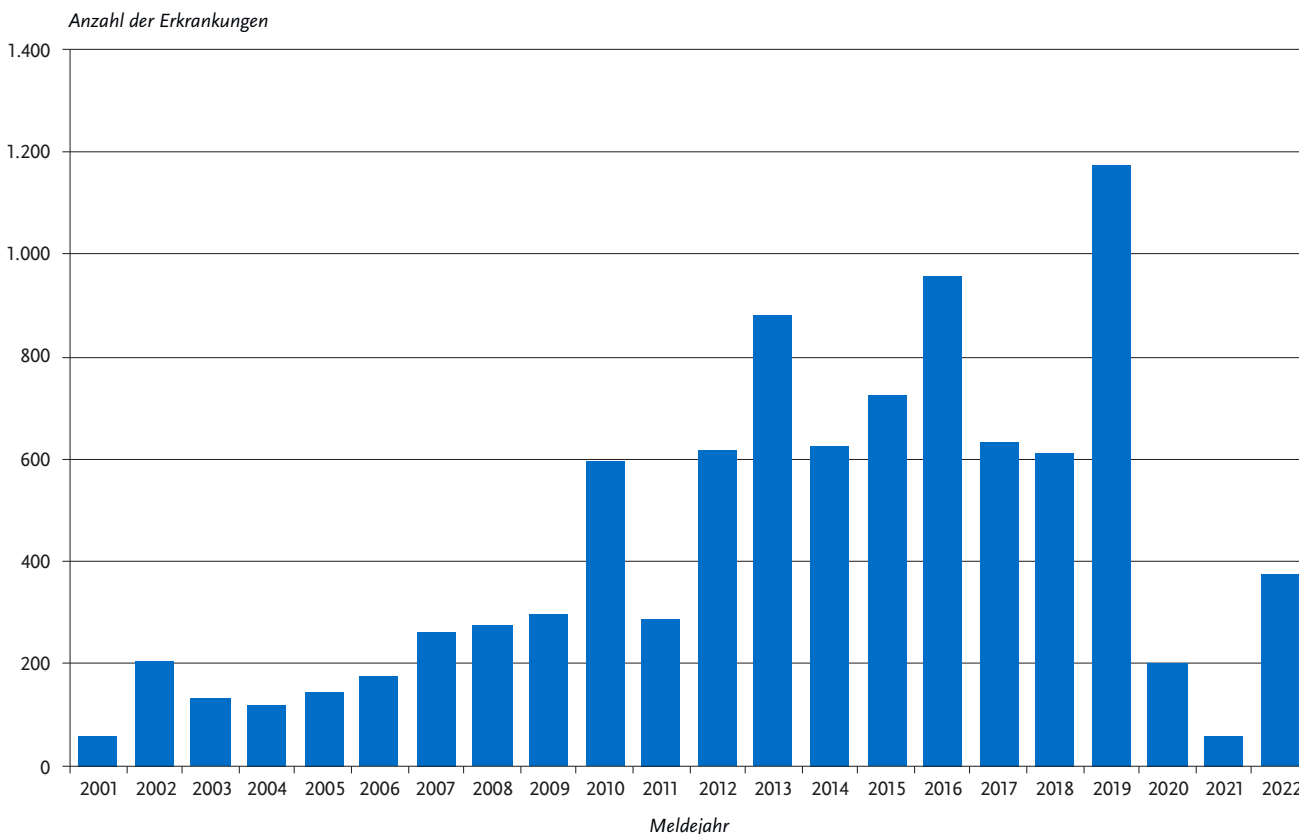
Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 375 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt. Dies ist mehr als das 6-fache des Jahres 2021 (s. Abb. 6.13.1), liegt jedoch deutlich unter dem Median der Jahre 2015 bis 2019 (n=725). Die Inzidenz betrug 0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Insgesamt 74 % der Erkrankungen wurden im III. und IV. Quartal 2022 übermittelt.

Abb. 6.13.1: Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.13.1: Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	60	87 %	375	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	13 %	15	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	13	3 %
alle	69	100 %	403	100 %
Referenzdefinition (C)	60	87 %	375	93 %

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (1,4 Erkr./100.000 Einw.), gefolgt von Hamburg (0,9), Bayern (0,7) und Baden-Württemberg (0,6).

Zu den 375 Erkrankungen lagen 387 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.13.2 sind die 10 am häufigsten genannten Infektionsländer aufgeführt. Kuba wurde am häufigsten angegeben (23 % der Nennungen, Vorjahr: 2 %). In den Jahren vor der COVID-19-Pandemie war Thailand das mit Abstand am häufigsten genannte Infektionsland. Im Vergleich zum Vorjahr wurden anteilig mehr Infektionen in Süd- und Mittelamerika erworben (43 %; Vorjahr: 17 %) und weniger in Afrika (14 %; Vorjahr: 40 %). Auf asiatische Länder entfielen 43 % (Vorjahr: 43 %); Länder in Australien/Ozeanien wurden nicht genannt. Für 3 Erkrankungen wurden europäische Staaten (Überseegebiete) als Infektionsländer übermittelt (Vorjahr: keine Erkrankungen).

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen beobachtet. Die wie in den Vorjahren niedrige Inzidenz unter Kindern und Seniorinnen und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider (s. Abb. 6.13.2). Von allen erkrankten Personen waren 55 % männlich.

Klinische Aspekte

Bei einer minderjährigen hospitalisierten erkrankten Person, exponiert auf den Malediven, waren die Kriterien eines hämorrhagischen Verlaufes erfüllt. Eine erwachsene Person, über deren klinisches Bild wenig Details vorlagen, infizierte sich in Togo und verstarb in Deutschland an der Infektion. Fälle, die die Kriterien für ein Dengue-Schock-Syndrom erfüllen wurden 2022 nicht übermittelt.

Tab. 6.13.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, 375 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

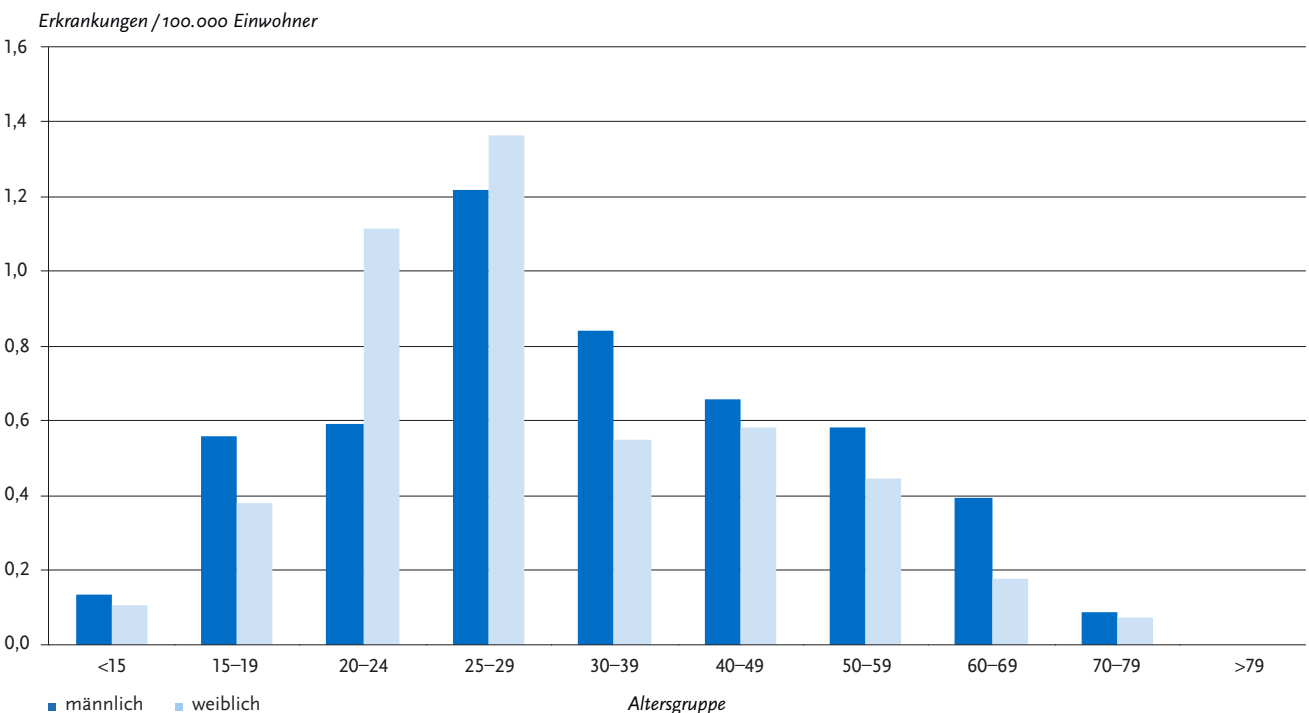
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kuba	88	23 %
Indien	32	8 %
Thailand	31	8 %
Indonesien	22	6 %
Malediven	22	6 %
Brasilien	19	5 %
Mexiko	17	4 %
Nepal	16	4 %
Costa Rica	13	3 %
Philippinen	9	2 %
Andere	118	30 %
Summe	387	100 %

Datenqualität

Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig waren, hat die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 die Meldepflicht (§ 7 Abs. 1 IfSG) explizit um Nachweise von Dengue- und anderen Arboviren erweitert.

Unabhängig davon sind weiterhin Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch Denguefieber mit hämorrhagischem Verlauf gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG vom behandelnden

Abb. 6.13.2: Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=375)



Arzt zu melden. Da die Meldepflicht nur in Deutschland festgestellte Erkrankungen und nachgewiesene Erreger erfasst, werden die bereits im Reiseland durchgemachten und nur dort diagnostizierten Infektionen nicht berücksichtigt.

Fazit

Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie Veränderungen der Reiseaktivität. Nachdem in den Jahren 2020 und 2021 ein pandemiebedingter, starker Rückgang der Fallzahlen zu beobachten war, stiegen diese im III. und IV. Quartal 2022 wieder deutlich an. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Gossner CM, Fournet N, Frank C, et al.: *Dengue virus infections among European travellers, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.2.2001937>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark, K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48:42 – 43. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019; 27:246.

6.14 Diphtherie

Kurzbeschreibung

Diphtherie wird durch Diphtherie-Toxin-bildende (toxigene) Bakterien der Arten *Corynebacterium* (*C.*) spp. hervorgerufen, klassischerweise durch *C. diphtheriae* oder den zoonotischen Erreger *C. ulcerans*, sehr selten durch andere zoonotische Erreger wie *C. pseudotuberculosis*. Seit der IfSG-Änderung im Jahr 2017 sind alle Diphtherie-Toxin-bildenden Corynebakterien melde- und übermittlungspflichtig. Diphtherie kann sich unterschiedlich manifestieren, z. B. als klassische Tonsillen- oder Rachendiphtherie mit schwerer Rachenentzündung und weißgrülichen Belägen, sogenannten Pseudomembranen. Wenn Erreger in bestehende Hautläsionen oder Wunden gelangen, können diese eine Haut-/Wunddiphtherie mit schmierig belegten und teils ausgestanzten Hautläsionen verursachen. Die Erreger werden bei der respiratorischen Diphtherie vorwiegend durch Tröpfchen übertragen; jedoch ist auch eine Kontaktinfektion möglich, z. B. über den direkten Kontakt mit Haut-/Wunddiphtherie-Läsionen oder infektiösen Ausscheidungen sowie indirekt über kontaminierte Oberflächen. Bei der durch *C. ulcerans* hervorgerufenen Haut-/Wunddiphtherie werden die Erreger vorwiegend vom Tier zum Menschen übertragen, insbesondere durch Kontakt mit infizierten oder kolonisierten Katzen, Hunden oder anderen Haustieren sowie Nutztieren. Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Erkrankungen. Für die Grundimmunisierung empfiehlt die STIKO einen 6-fach-Impfstoff, der gegen Diphtherie sowie Tetanus, Pertussis, Poliomyelitis, *Haemophilus*

influenzae Typ b und Hepatitis B schützt. Seit Mitte 2020 empfiehlt die STIKO für die Grundimmunisierung das von 3+1 auf 2+1 reduzierte Impfschema. Auffrischimpfungen sollten im Alter von 5 bis 6 Jahren sowie im Alter von 9 bis 17 Jahren erfolgen und dann alle 10 Jahre. Der Impfstoff beruht auf dem Diphtherie-Toxin von *C. diphtheriae*. Die Schutzwirkung gegen andere Diphtherie-Toxin-produzierende Corynebakterien ist bisher nicht ausreichend nachgewiesen, ein Schutz durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet.

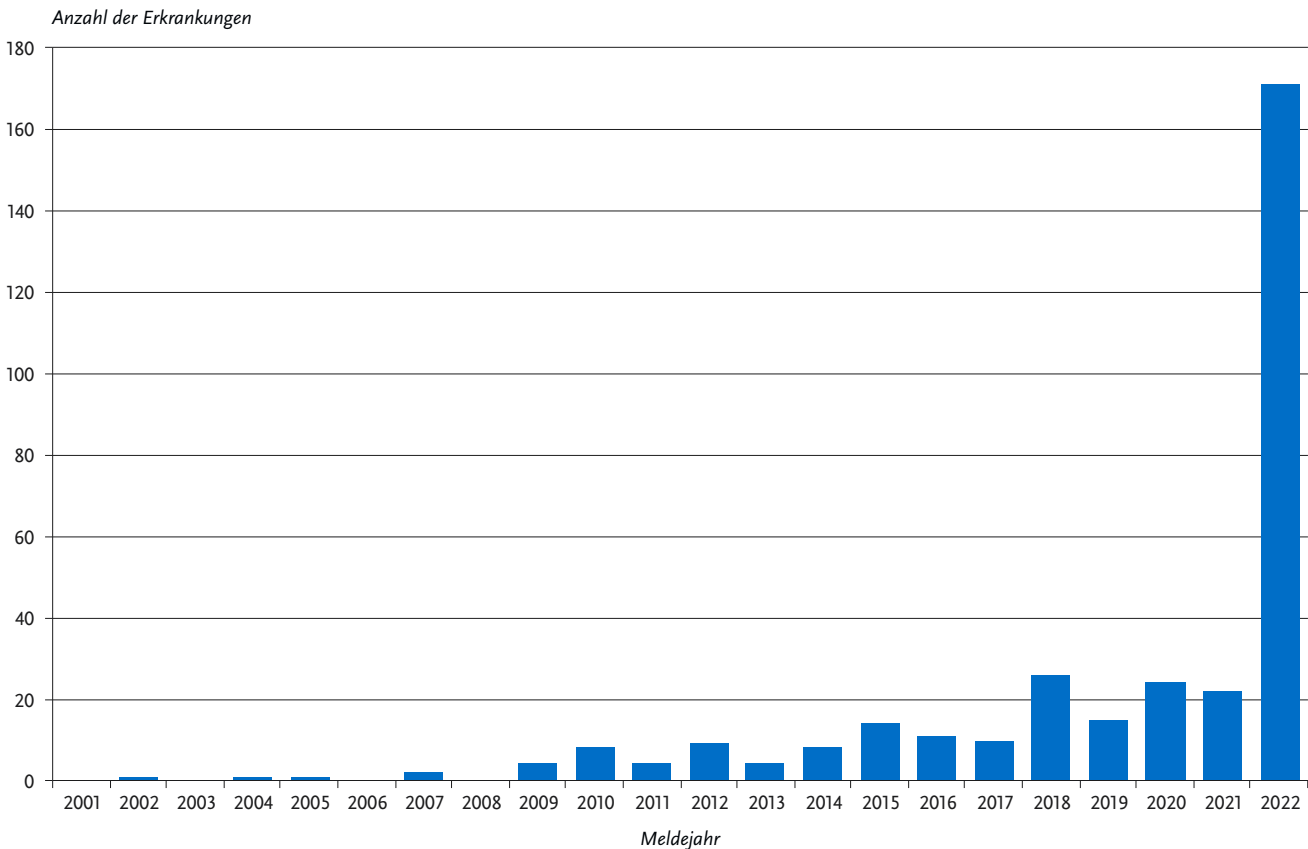
Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 177 Diphtherie-Fälle übermittelt, von denen 171 (97%) die Referenzdefinition erfüllten. Dies entspricht einem starken Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (2021: 22 Fälle, s. Abb. 6.14.1). Dieser Anstieg war insbesondere auf zwei Entwicklungen zurückzuführen: Zum einen wurden erneut mehr Erkrankungen mit *C. ulcerans* übermittelt; zum anderen war Deutschland von einem internationalen Ausbruch importierter Diphtherie mit *C. diphtheriae* unter Geflüchteten betroffen, der seit Sommer 2022 mehrere Länder in Europa betraf. Die Erkrankungen wurden aus 13 Bundesländern übermittelt: Baden-Württemberg (78 Erkrankungen), Hessen (23 Erkrankungen), Sachsen (19 Erkrankungen), Bayern (12 Erkrankungen), Rheinland-Pfalz (10 Erkrankungen), Nordrhein-Westfalen (9 Erkrankungen), Niedersachsen (6 Erkrankungen), Brandenburg (4 Erkrankungen), Hamburg (3 Erkrankungen), Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, Schleswig-Holstein (jeweils 2 Erkrankungen) und Berlin (eine Erkrankung). Die Erkrankungen betrafen 9 weibliche und 162 männliche Personen im Alter von 8 bis 87 Jahren.

22 Diphtherie-Erkrankungen in 2022 wurden durch *C. ulcerans* hervorgerufen (2021: 13 Erkrankungen). Diese manifestierten sich in 20 Fällen als Hautdiphtherie sowie in zwei Fällen als respiratorische Diphtherie und betrafen in 9 Fällen Frauen, in 13 Fällen Männer. Das Durchschnittsalter der betroffenen Personen lag bei 65 Jahren. Bei allen 16 Fällen bei denen Angaben zum Infektionsland vorlagen, war Deutschland als Infektionsland angegeben. 149 Diphtherie-Erkrankungen in 2022 wurden durch *C. diphtheriae* hervorgerufen (2021: 9 Erkrankungen). Davon wurden mindestens 144 mit dem europaweiten Ausbruch importierter Diphtherie unter Geflüchteten in Verbindung gebracht (2021: 8 importierte Erkrankungen mit *C. diphtheriae*, davon 7 migrationsassoziiert). Diese 144 Erkrankungen betrafen ausschließlich Männer im Alter von 8 bis 49 Jahren und mit einem Durchschnittsalter von 20 Jahren. Von den 144 zum Ausbruch gehörigen Fällen manifestierten sich 131 Erkrankungen als Hautdiphtherie und 13 als respiratorische Diphtherie, davon 3 als klassische respiratorische Diphtherie mit festhaftenden, pseudomembranösen Belägen im Nasen-Rachenraum oder Kehlkopf. Die epidemiologischen und phylogenetischen Untersuchungen, die in Zusammenarbeit mit dem Konsiliarlabor für Diphtherie anhand von 44 zum Ausbruch gehörigen Fällen mit einem Meldedatum bis einschließlich 30.09.2022 durchgeführt wurden, ergaben, dass die Mehrzahl der betroffenen Personen, die vor allem aus Syrien (21 Fälle) bzw. Afghanistan (17 Fälle) stammten, sich vermutlich auf der Migrationsroute, insbesondere entlang der Balkanroute infiziert haben.

Bei den übrigen 5 Erkrankungen, die durch *C. diphtheriae* hervorgerufen wurden, wurde ein Expositionsort außerhalb Deutschlands angegeben. Je einmal wurde als Expositionsort Afghanistan, Afrika ohne weitere Angabe zum genauen Infek-

Abb. 6.14.1:
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



tionsland, Lettland, die Türkei und die Ukraine angegeben. Zum Datenschluss lagen nicht genügend Informationen vor, um eine Reiseassoziation oder die Zugehörigkeit zu dem derzeitigen Ausbruch herzustellen.

Ein Todesfall wurde im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt. Dabei handelt es sich um eine 80-jährige Frau mit Hautdiphtherie und Nachweis von *C. ulcerans*. Weitere Angaben zu der Ausprägung der Erkrankung bzw. den Todesumständen lagen nicht vor.

Von den 177 übermittelten Fällen erfüllten 6 die Referenzdefinition nicht: 5 gehörten zur Falldefinitions-kategorie »Labor-diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild«, ein Fall gehörte zur Falldefinitions-kategorie »Labor-diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild«.

Informationen zum Impfstatus lagen bei 56 der 171 Erkrankungen vor. Gemäß den Angaben waren 24 der 56 Erkrankten nicht gegen Diphtherie geimpft. In 21 der 32 gegen Diphtherie geimpften Fälle lagen Informationen zur Anzahl der Impfstoffdosis vor: in 19 Erkrankungen wurde 1 Impfstoffdosis, in einer Erkrankung 2 Impfstoffdosen und in einer Erkrankung 5 Impfstoffdosen angegeben. Bei 19 Erkrankungen lagen Informationen zum Datum der letzten Impfung vor. Demnach lag bei 9 Fällen das Datum der letzten Impfung am oder nach dem Erkrankungsbeginn, in 4 Fällen lag die letzte Impfung weniger als 10 Jahre, in einem Fall mehr als 10 Jahre zurück. In 5 Fällen war das Datum der letzten Impfung angegeben, aber kein Datum des Erkrankungsbeginns, so dass unklar ist, ob diese Fälle vor oder nach der Erkrankung zuletzt geimpft wurden.

Fazit

Mit 171 Diphtheriefällen war die Fallzahl im Jahr 2022 deutlich höher als im Vorjahr (22 Erkrankungen). Für diesen Anstieg gibt es insbesondere zwei Ursachen:

Der Anstieg der durch *C. diphtheriae* hervorgerufenen Erkrankungen (2021: 9, 2022: 149) beruht auf einem internationalen Ausbruch unter Geflüchteten, die vor allem entlang der Balkanroute nach Deutschland und in andere Länder Europas kamen. Zum Datenschluss dieses Jahrbuchs sind Infektionsorte bzw. die Epizentren unklar.

Der Anstieg der durch *C. ulcerans* hervorgerufenen Erkrankungen (2021: 13 Erkrankungen, 2022: 22 Erkrankungen) steht im Einklang mit der Entwicklung in den Vorjahren, in denen kontinuierlich steigende Zahlen von durch *C. ulcerans* bedingten Hautdiphtheriefälle übermittelt wurden. Dies könnte auch auf den mittlerweile weit verbreiteten Einsatz der MALDI-TOF-Massenspektrometrie zurückzuführen sein, die die Erregerdifferenzierung deutlich vereinfacht und eine schnelle und kostengünstige Identifizierung von Spezies in Mischkulturen ermöglicht. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass im Zuge der Epidemie mit Mpox (Affenvpocken) im Frühjahr und Sommer 2022 in Deutschland vermehrt Hautläsionen und Hautwunden abgestrichen und Diphtherie-Erreger labor-diagnostisch nachgewiesen bzw. eine Diphtherie-Erkrankung diagnostiziert wurde. Da sich die Diphtherie-Impfung gegen das Diphtherie-Toxin richtet und nicht gegen den Diphtherie-Erreger, kann es auch bei Geimpften zu einer Besiedlung mit Diphtherie-Toxin-bildenden Erregern kommen, ohne dass Toxin-bedingte Symptome vorliegen.

Die Daten über den Impfstatus der übermittelten Diphtherie-Erkrankungen, inkl. Anzahl und Zeitpunkt der Impfungen, sind weiterhin unvollständig. Angaben zum Impfstatus lagen nur für 56 (33 %) der 171 Diphtherie-Erkrankungen vor; bei den 144 Erkrankungen, die dem Ausbruch zugeordnet werden können, lagen diese Angaben nur bei 38 (26 %) Fällen vor. Die übermittelten Angaben zum Impfstatus sind sehr unvollständig und lassen daher nur eine sehr eingeschränkte Bewertung zu.

Die zwischen 2019 bis 2022 am RKI durchgeführte intensive Diphtherie-Surveillance wurde im Dezember 2022 beendet.

Literaturhinweise

European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. *EUCAST Clinical Breakpoint Tables v. 13.0. Corynebacterium diphtheriae and C. ulcerans* (S. 91 – 92).

https://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/Breakpoint_tables/v_13.0/Breakpoint_Tables.pdf

Badenschier F, Berger A, Dangel A, et al. *Outbreak of imported diphtheria with Corynebacterium diphtheriae among migrants arriving in Germany, 2022*. Euro Surveill 2022.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.46.2200849>

European Centre for Disease Prevention and Control: *Increase of reported diphtheria cases due to Corynebacterium diphtheriae among migrants in Europe – 6 October 2022*. ECDC: Stockholm; 2022.

Muscat M, Gebrie B, Efstratiou A, Datta SS, Daniels D. *Diphtheria in the WHO European Region, 2010 to 2019*. Euro Surveill 2022.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.8.2100058>

WHO: *WHO laboratory manual for the diagnosis of diphtheria and other related infections*. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/352275>
Lizenz: CC BY-NC-SA 3.0 IGO

STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung zur Grundimmunisierung gegen Diphtherie, Tetanus, Pertussis, Poliomyelitis, Haemophilus influenzae Typ b und Hepatitis B mit dem 6-fach-Impfstoff im Säuglingsalter nach dem 2 + 1-Impfschema*.

Epid Bull 2020; 26:3 – 21. <https://doi.org/10.25646/6955.2>

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.15 Echinokokkose

Kurzbeschreibung

In Europa kommen 2 Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*) zur alveolären Echinokokkose. Während die alveoläre Echinokokkose in Deutschland endemisch ist, ist die zystische Echinokokkose vorrangig aus anderen Ländern importiert. Der Mensch infiziert sich durch orale Aufnahme der Eier; die Larven setzen sich vor allem in der Leber, seltener auch in Lunge, Gehirn oder anderen Organen ab. Das klinische Bild ist sehr variabel und wird durch die Raumforderung der Zysten (bei *E. granulosus*) bzw. das infiltrative Wachstum (bei *E. multilocularis*) bestimmt. Symptome treten erst Monate oder Jahre nach der Infektion auf.

Fallkriterien

Die Echinokokkose wird gemäß § 7 Abs. 3 IfSG direkt an das RKI gemeldet. Um das aktuelle Infektionsgeschehen zu erfassen, werden nur Meldungen in die Statistik aufgenommen, bei denen es sich um eine Erstdiagnose handelt bzw. deren frühere nicht-gemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum liegt. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung durch histologische oder radiologische Verfahren

oder durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 96 zystische Echinokokkosen und 41 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 17-mal gemeldet (s. Tab. 6.15.1).

Zystische Echinokokkose

Die 96 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 13 Bundesländern gemeldet: Nordrhein-Westfalen (21 Fälle), Baden-Württemberg (17), Niedersachsen (13), Bayern (12), Hessen (9), Berlin und Sachsen (je 6), dem Saarland (3), Brandenburg, Hamburg, Rheinland-Pfalz und Thüringen (je 2) sowie Sachsen-Anhalt (ein Fall). Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 71 Meldungen (74 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 13 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 14 in Syrien, 7 in der Türkei, 6 in Afghanistan und weitere 31 in anderen Ländern (s. Tab. 6.15.1).

Es erkrankten 54 männliche Personen und 39 weibliche Personen an zystischer Echinokokkose. Von den Erkrankten waren 88 % 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 9 Jungen und 3 Mädchen bis 19 Jahre an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 79 Fällen. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2016 mit einer deutlich höheren Fallzahl von 122 Fällen (s. Abb. 6.15.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 41 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Personen aus 8 Bundesländern: Baden-Württemberg (15 Fälle), Bayern (10), Nordrhein-Westfalen (6), Rheinland-Pfalz (3), Berlin, Hessen, Sachsen (je 2) und Thüringen (ein Fall). Auch hier kann aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, nicht in jedem Fall auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 31 Fälle (76 %) vor, darunter entfielen 30 (97 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.15.1) und einmal wurde die Türkei genannt. Zu den 40 Erkrankten (mit Angaben zum Geschlecht) zählten 19 männliche und 21 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 14 Jahre waren betroffen. Die Meldezahlen im Jahr 2022 liegen im Bereich des Medians der letzten fünf Jahre (s. Abb. 6.15.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 17 Fälle lag im Jahr 2022 keine Differenzierung vor. Hier von wurden 5 Fälle aus Baden-Württemberg, 4 Fälle aus Bayern, 2 Fälle aus Hessen und jeweils ein Fall aus Bremen, Hamburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Sachsen gemeldet.

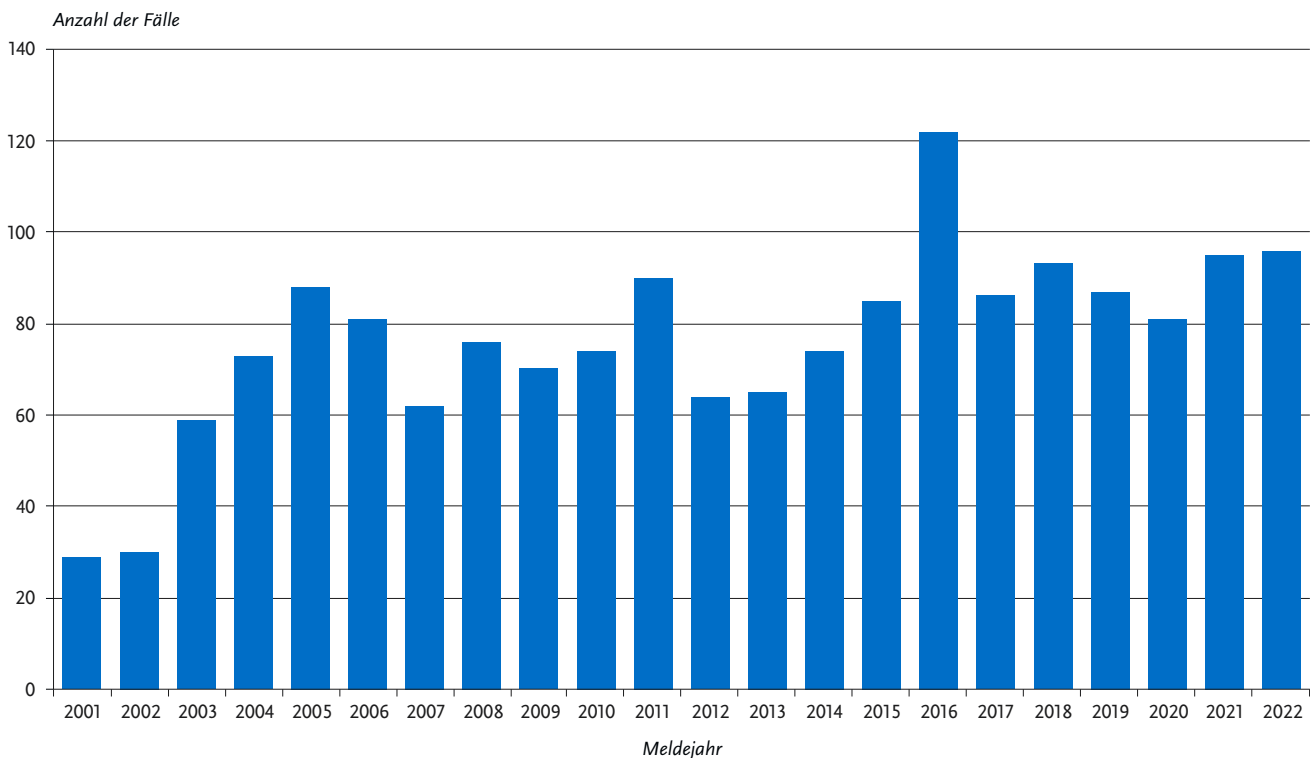
Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 9 Erkrankungen (53 %) vor, darunter entfielen 4 Nennungen auf Deutschland, 2 auf Rumänien und jeweils eine auf Bulgarien, Serbien und Syrien (s. Tab. 6.15.1). Unter den Erkrankten waren 11 männliche Personen und 6 weibliche Personen. Die Betroffenen waren alle älter als 19 Jahre.

Die Anzahl jährlich gemeldeter Echinokokkosen, die als nicht differenziert gemeldet wurden, schwankt seit 2001 zwischen 5 und 29 Fällen (Median 14 Fälle) (s. Abb. 6.15.3).

Tab. 6.15.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2022

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	13	30	4	47
Syrien	14		1	15
Türkei	7	1		8
Afghanistan	6			6
Bulgarien	4		1	5
Rumänien	3		2	5
Irak	4			4
Kosovo	4			4
Nordmazedonien	4			4
Andere	12		1	13
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	71	31	9	111
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	25	10	8	43
Summe Fälle	96	41	17	154

Abb. 6.15.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Datenqualität

Die Angaben in den vorliegenden Meldebögen sind teilweise unvollständig, so dass die Kriterien für die Bewertung als Fall teilweise nicht erfüllt sind.

Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

Fazit

Die Fallzahlen der zystischen und der alveolären Echinokokkose unterliegen von Jahr zu Jahr Schwankungen, die aufgrund der langen Zeit zwischen Infektion und Diagnose keine Aussagen über aktuelle Infektionszahlen zulassen. Ob die Fälle von zystischer Echinokokkose, für die Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, möglicherweise auch durch frühere Auslandsaufenthalte bedingt waren, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

Abb. 6.15.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022

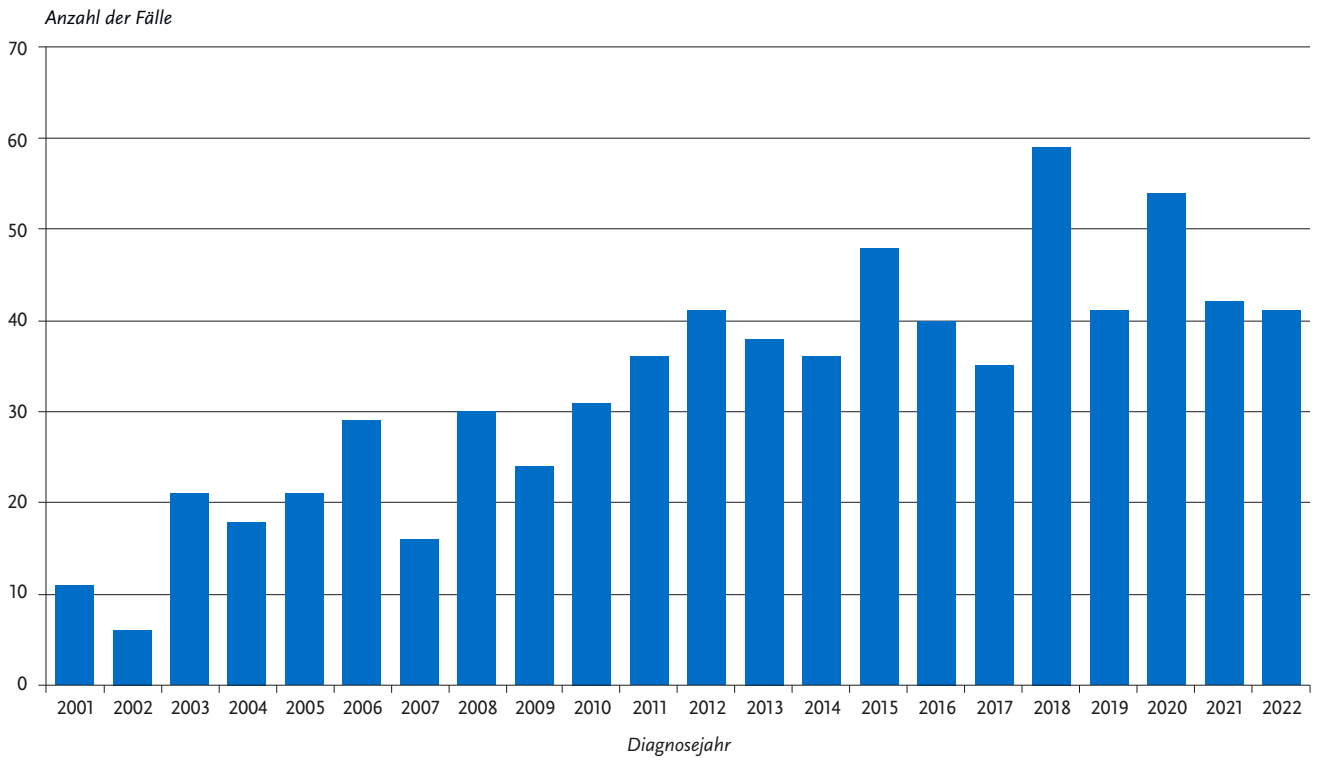
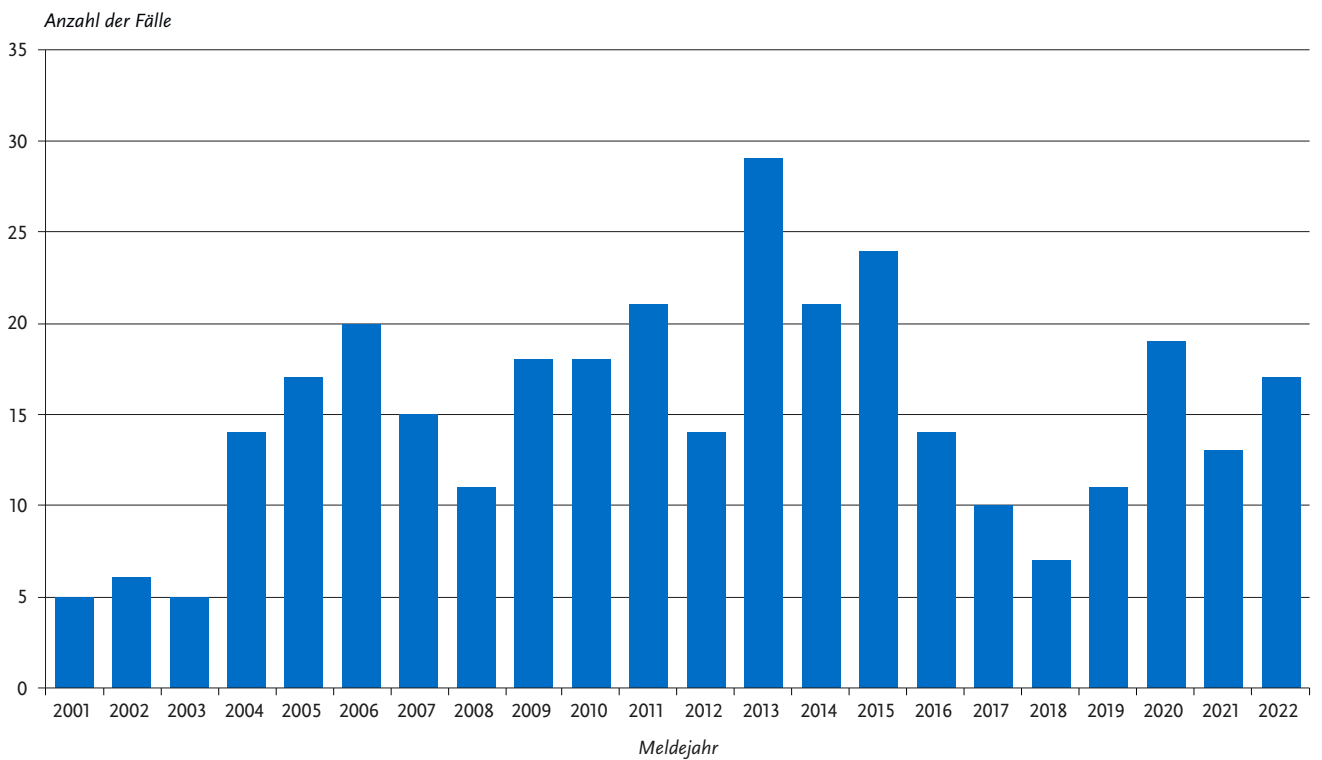


Abb. 6.15.3:
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Literaturhinweise

Schmidberger J, Baumann S, Kratzer W, et al.: *Epidemiologisches Update: Aktuelles zur epidemiologischen Situation der alveolären Echinokokkose und deren Erfassungs- und Meldestrukturen in Österreich, der Schweiz und Deutschland*. Gesundheitswesen 2020. <https://doi.org/10.1055/a-1138-0692>

Schmidberger J, Kratzer W, Stark K, et al.: *Alveolar echinococcosis in Germany, 1992 – 2016. An update based on the newly established national AE database*. Infection 2017. <https://doi.org/10.1007/s15010-017-1094-0>

Conraths FJ, Probst C, Possenti A, et al.: *Potential risk factors associated with human alveolar echinococcosis: Systematic review and meta-analysis*. PLoS Negl Trop Dis 2017. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005801>

Kern P, Menezes da Silva A, Akhan O, et al.: *The echinococcoses: diagnosis, clinical management and burden of disease*. Adv Parasitol 2017; 96:259 – 369.

Kratzer W, Schmidberger J, Hillenbrand A, et al.: *Alveoläre Echinokokkose: Eine Herausforderung für Diagnostik, Therapie und Klinisches Management*. Epid Bull 2019; 41:423 – 430. <https://doi.org/10.25646/6307>

Brehm K: *Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie*. Epid Bull 2017; 15:127 – 32. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-019>

RKI-Ratgeber (2005). www.rki.de/ratgeber

6.16 EHEC-Erkrankung

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.822
- ▶ Große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Nicht-Bestimmung, Nicht-Meldung und Nicht-Übermittlung von Serogruppen erschwert die Ausbruchserkennung

Kurzbeschreibung

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Als lebensbedrohliche Komplikation kann das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auftreten. Infektionen mit EHEC kommen weltweit vor. Als Reservoir für die meisten EHEC-Stämme gelten Wiederkäuer, vor allem Rinder. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt fäkal-oral, wobei die Erreger-

aufnahme über den Kontakt mit Tierfäzes, über kontaminierte Lebensmittel oder kontaminiertes Wasser erfolgt, aber auch durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.16.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.29 behandelt wird.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 1.822 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2021: 1.604; Median 2017 bis 2021: 1.877). Dies ist eine Zunahme um 14 % gegenüber dem Vorjahr. Die meisten Erkrankungen (n=659; 36 %) wurden, wie in den Vorjahren, im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.16.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz betrug 2,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2021: 1,9 Erkr./100.000 Einw.). In Hessen (1,0), im Saarland (1,3) und in Thüringen (1,4) waren die Inzidenzen am niedrigsten und in Niedersachsen (3,1), Schleswig-Holstein (2,9) und Nordrhein-Westfalen (2,8) am höchsten. In den 3 letztgenannten Bundesländern sowie in Bremen und dem Saarland lag die Inzidenz deutlich höher als im Median der 5 Vorjahre. In den übrigen Bundesländern war sie niedriger oder nahezu unverändert (s. Abb. 6.16.2).

Bei 1.069 Erkrankungen (59 %) wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (1.094 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 911-mal genannt (83 % der Nennungen). Der Anteil anderer Infektionsländer stieg von 11 % der Nennungen im Jahr 2021 auf 17 %. Am häufigsten wurden die Türkei (52-mal), Ägypten (38-mal) und Italien (12-mal) genannt, andere Länder höchstens 6-mal.

Nachgewiesene Erreger

Für 226 EHEC-Erkrankungen (12 %; 2021: 237 Fälle, 15 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.16.2). Zu den am häufigsten genannten Serogruppen gehörten wie im Vorjahr O157 mit 50 Fällen (2021: 24), O26 mit 27 Fällen (2021: 31) und die Angabe »Ont« (= O-Antigen nicht typisierbar) mit 23 Fällen (2021: 45). Deutlich häufiger als im Vorjahr wurde neben O157 auch die Serogruppen O146 mit 19 Fällen (2021: 9) und O111 mit 12 Fällen (2021: 5) übermittelt. Markante Rückgänge gab es bei den Serogruppen O103 (von 29 auf 8 Fälle) und O91 (von 23 auf 9 Fälle).

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.16.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.29 behandelt wird.

Tab. 6.16.1: Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	0 %	10	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.598	73 %	1.812	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	248	11 %	246	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	326	15 %	328	14 %
alle	2.178	100 %	2.396	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.604	74 %	1.822	76 %

Abb. 6.16.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2017 bis 2022

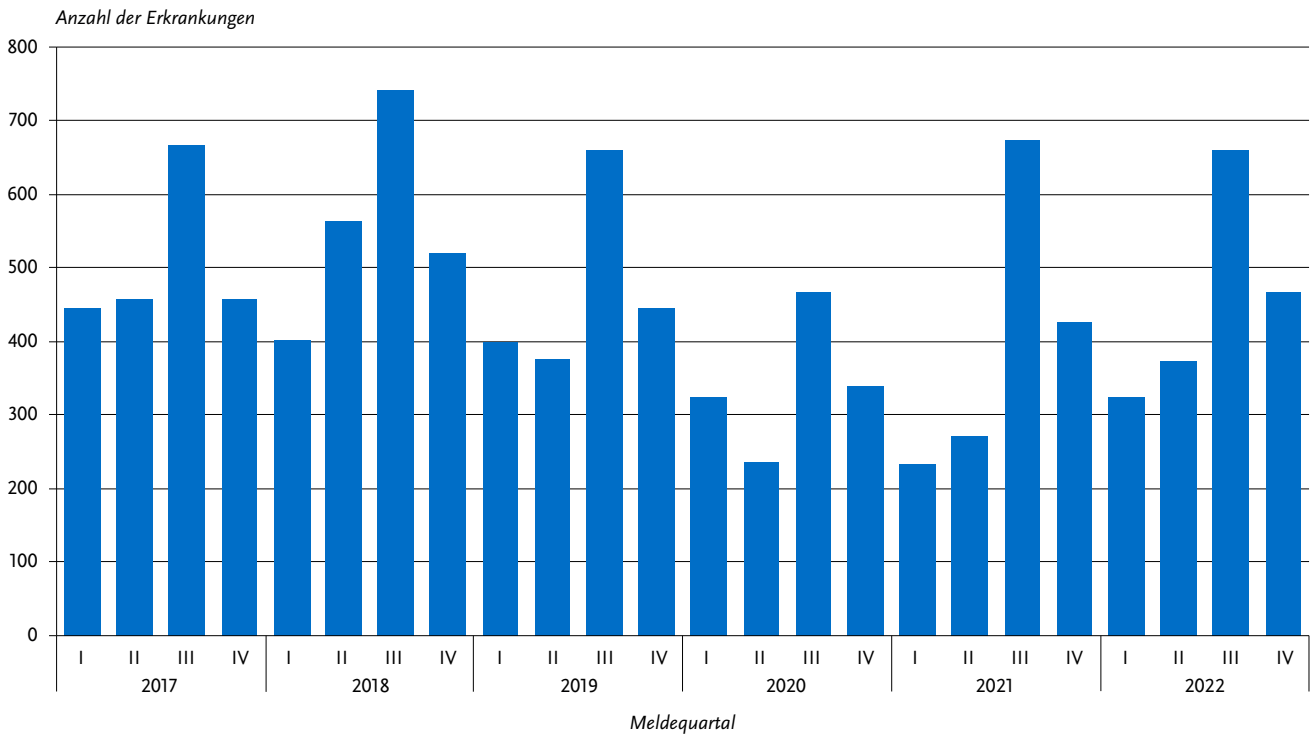
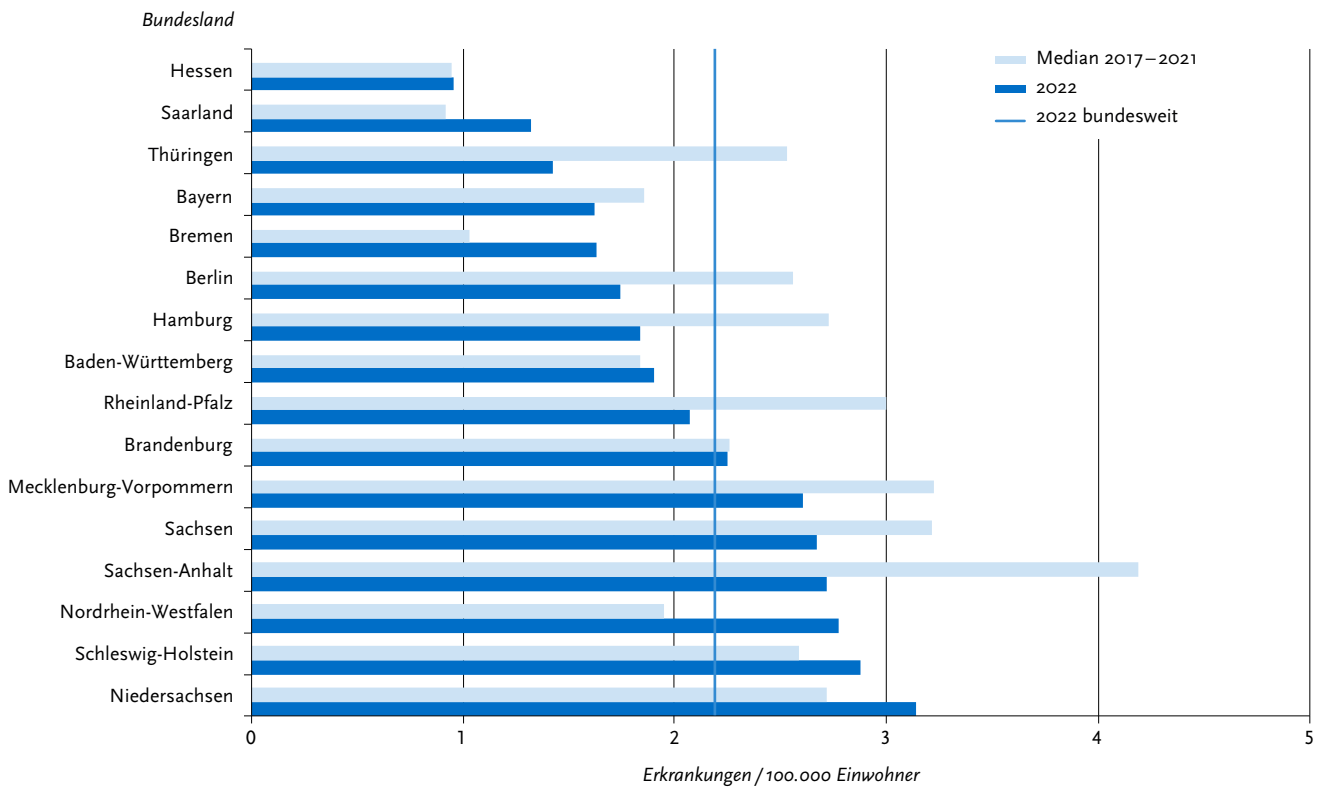


Abb. 6.16.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.822)



Tab. 6.16.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2022 (n=226)

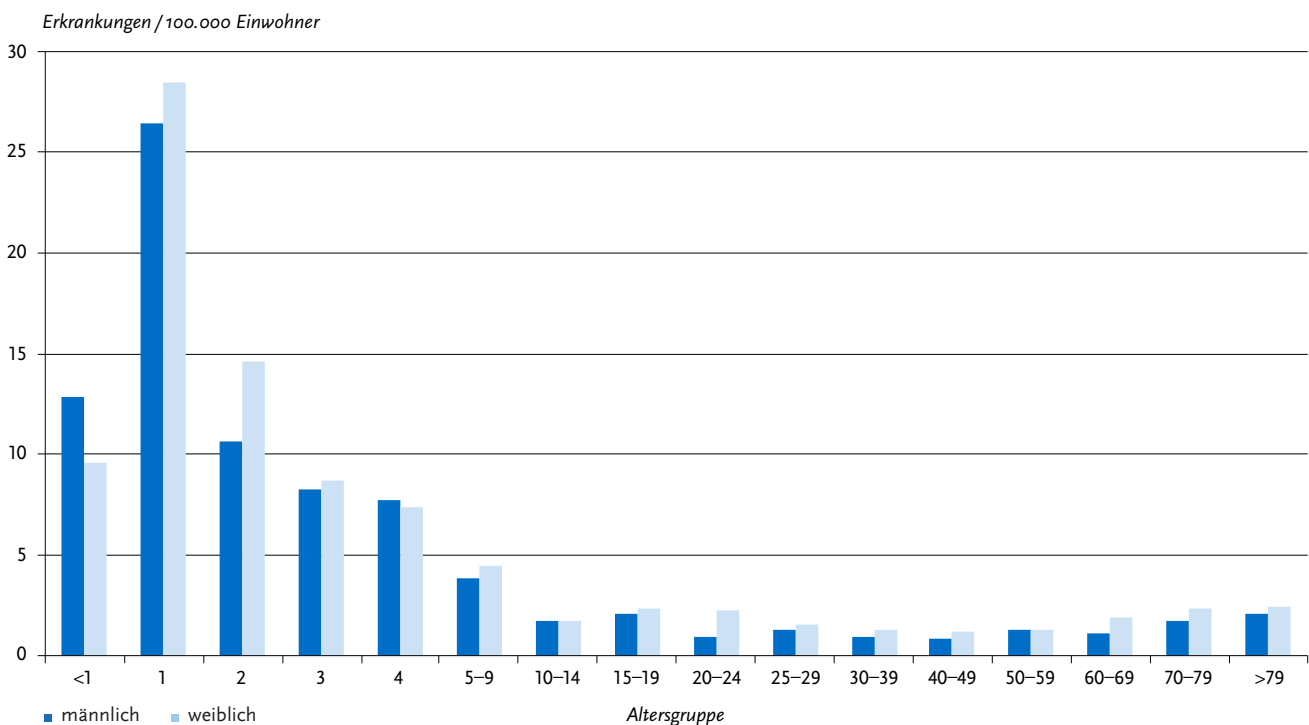
Serogruppe	Anzahl	Anteil
O157	50	22 %
O26	27	12 %
Ont (nicht typisierbar)	23	10 %
O146	19	8 %
O145	17	8 %
O111	12	5 %
O91	9	4 %
O103	8	4 %
O113	5	2 %
O8	4	2 %
Andere	52	23 %
Summe	226	100 %

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (13 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,6) (s. Abb. 6.16.3); 29 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (27 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf.

Die Inzidenz lag bei weiblichen Personen etwas höher als bei männlichen Personen (2,4 vs. 2,0). Während im Vorjahr < 5-jährige Jungen eine etwas höhere Inzidenz hatten als Mädchen (16,4 vs. 14,8), war die Inzidenz 2022 nahezu gleich hoch (13,1 vs. 13,6).

Abb. 6.16.3:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.818)



Klinische Aspekte

Für alle 1.822 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 3.423 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (bei 89 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (62 %), Erbrechen (20 %) und Fieber (17 %). Im Jahr 2022 wurden keine Todesfälle aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 29 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 62 Erkrankungen übermittelt (2021: 22 Ausbrüche mit 54 Erkrankungen). Die Ausbrüche betrafen maximal 3 Personen. EHEC-Ausbrüche, in denen auch HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.29 beschrieben.

Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt oft nur ein Nachweis des Shigatoxins bzw. Shigatoxin-Gens ohne Erregerisolierung und somit ohne Möglichkeit, die Serogruppe zu bestimmen.

Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 12 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft. Bei 328 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Die Zahl der übermittelten EHEC-Erkrankungen ist seit 2012 stetig angestiegen und hat 2018 einen Höchststand von 2.229 Fällen erreicht. 2019 und vor allem 2020 mit nur 1.371 Fällen

(vermutlich in Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie) lagen die Fallzahlen deutlich niedriger, steigen seitdem aber wieder an.

Der mit nur 12 % sehr geringe und im Vergleich zum Vorjahr weiter gesunkene Anteil der Erkrankungen mit Angabe der Serogruppe erschwert die Erkennung von geografisch diffusen, möglicherweise lebensmittelübertragenen Ausbrüchen.

Literaturhinweise

- Prohahn M, Lamparter MC, Ganas P, et al.: *Genetic diversity and pathogenic potential of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) derived from German flour*. Int J Food Microbiol 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109197>
- 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. <https://doi.org/10.1128/JCM.00768-19>
- Werber D, Scheutz F: *The importance of integrating genetic strain information for managing cases of Shigatoxin-producing E. coli infection*. Epidemiol Infect 2019. <https://doi.org/10.1017/S0950268819001602>
- Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiederzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion*. Epid Bull 2019; 47:506–509. <https://doi.org/10.25646/6414>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 5.896 (sowie 114 in anderen Übermittlungskategorien)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahr und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, Jungen und Männer stärker betroffen
- ▶ Fallzahlen nahmen im Vergleich zum Vorjahr weiterhin zu, und überstiegen das Niveau der Vorjahre

Kurzbeschreibung

Enterobacterales sind gramnegative Bakterien, die ubiquitär in der Umwelt vorkommen und zur natürlichen Darmflora des Menschen gehören. Zu den Enterobacterales gehört eine Vielzahl von verschiedenen Erregern, die unterschiedliche Eigenschaften haben. Sie können unterschiedliche Kompartimente besiedeln (Kolonisation), jedoch auch zahlreiche Infektionen wie Pneumonien, Harnwegsinfektionen und Blutstrominfektionen auslösen. Insbesondere bei nosokomialen Infektionen spielen Enterobacterales eine wichtige Rolle.

Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die u. a. als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemasen sind Enzyme, die Carbapeneme spalten können. Sie werden durch Gene kodiert, die oft auf Plasmiden lokalisiert sind und damit leicht auf andere Bakterien übertragen werden können.

Daher sind Carbapenemase-produzierende Stämme insbesondere im Krankenhaus von großer Bedeutung. Der Anteil der Carbapenemase-Produzenten ist abhängig von der jeweiligen Spezies, so werden beispielsweise bei *Escherichia coli* und *Klebsiella pneumoniae* relativ häufig Carbapenemasen nachgewiesen (58 % und 49 %), bei anderen Spezies wie *Klebsiella aerogenes* seltener (3 %).

Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 über eine Verordnung eingeführt und zum 01.03.2020 ins IfSG integriert. Dabei wurden auch Anpassungen hinsichtlich der Nomenklatur und der Neudefinition der Kategorie I zur Bewertung der Ergebnisse von Resistenztestungen vorgenommen. So wird nicht mehr der Begriff Carbapenem-Nichtempfindlichkeit, sondern der Begriff verminderte Empfindlichkeit gegenüber Carbapenem verwendet.

Übermittlungskategorien

Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit, definiert als »sensibel bei erhöhter Exposition/ intermediär oder resistent gegenüber Carbapenemen«, werden in der Übermittlungssoftware in verschiedenen Kategorien erfasst (s. Tab. 6.17.1). Zur Familie der Enterobacterales gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen und *E. coli*, die auch in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 114 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacterales wurden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n=5.827) und bei Nutzung veralteter Software in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« (WBK) (n=69) übermittelt. Beide werden in der ersten Zeile der Tab. 6.17.1 als eine Übermittlungskategorie zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 6.010 Fälle von Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante übermittelt.

Tab. 6.17.1: Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2022

Meldekategorie	Anzahl
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	5.896
Salmonellose	61
EHEC-Erkrankung	34
Yersiniose	11
Typhus abdominalis	4
Shigellose	4
Gesamt	6.010

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden (s. Tab. 6.17.2). Infektionen oder Todesfälle werden in der Kategorie »klinisch-labor diagnostisch bestätigte Erkrankung (C)«, Kolonisationen in der Kategorie »labor diagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)« und Fälle mit fehlender Angabe zum Infektionsstatus in der Kategorie »labor diagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild (E)« erfasst.

Tab. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	627	15 %	1.118	19 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.030	50 %	2.826	48 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.399	34 %	1.952	33 %
alle	4.056	100 %	5.896	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	4.056	100 %	5.896	100 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 5.896 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 7,1 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (4,9) deutlich gestiegen.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.17.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin (15,9 Fälle/100.000 Einw.), Hessen (11,2), Hamburg (8,7), und Nordrhein-Westfalen (8,4) verzeichnet, die geringste Inzidenz im Saarland (2,2)

Für 2.531 Fälle lagen Informationen zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 2.079 Nennungen (81 %), wurde die Ukraine mit 294 Fällen (11 %) sowie die Türkei mit 43 Fällen (2 %) angegeben.

Demografische Verteilung

Drei Viertel der übermittelten Fälle (76 %) waren Erwachsene ab 50 Jahren. Die Inzidenz variierte jedoch deutlich zwischen den Altersgruppen. Neben den älteren Erwachsenen ab 60 Jahren waren auch Kinder unter einem Jahr (16,7 Fälle/100.000 Einw.) besonders stark betroffen (s. Abb. 6.17.2). Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (18,6) bzw. der über 79-Jährigen (17,4) beobachtet. Jungen und Männer (9,1 Fälle/100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (5,1), besonders in den hohen Altersgruppen.

Klinische Aspekte

Für 3.405 der 5.896 Fälle (58 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 1.255 Fälle (37 %) wurden als Infektion und 2.150 Fälle (63 %) als Kolonisation übermittelt.

Abb. 6.17.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=5.896)

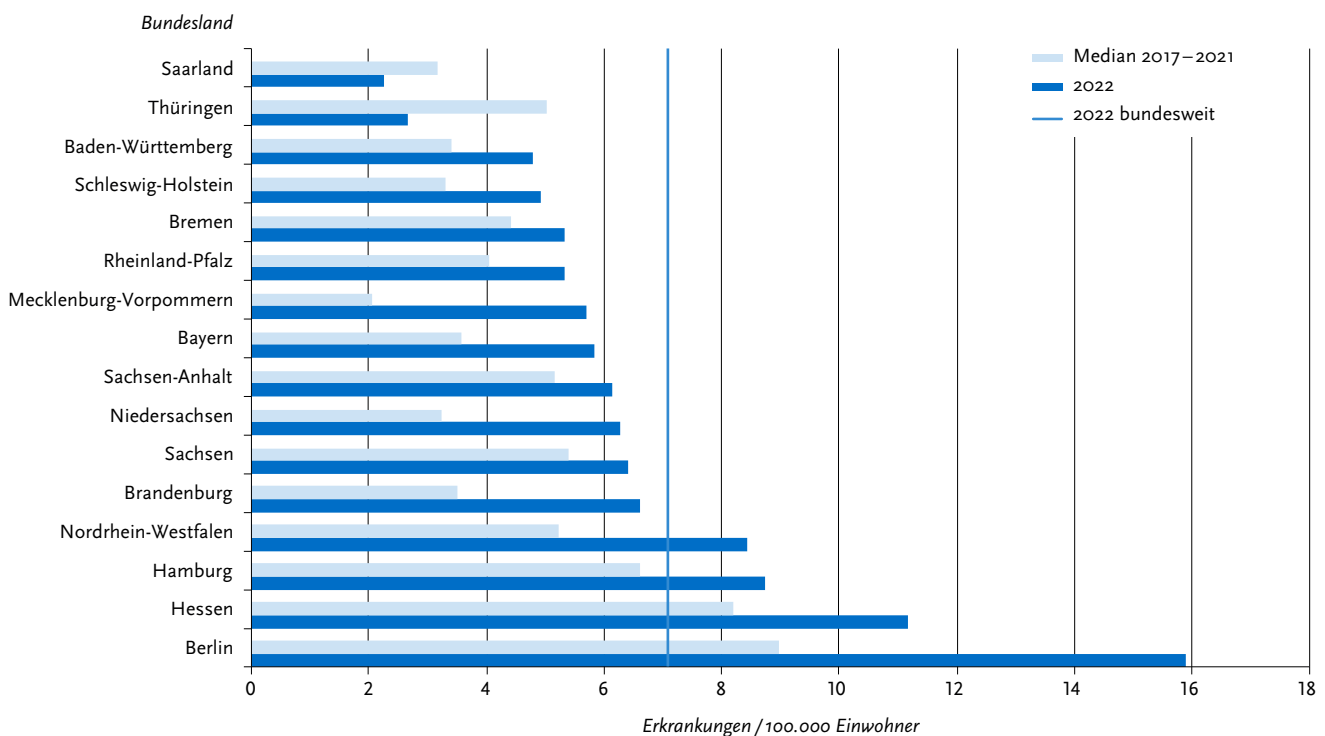
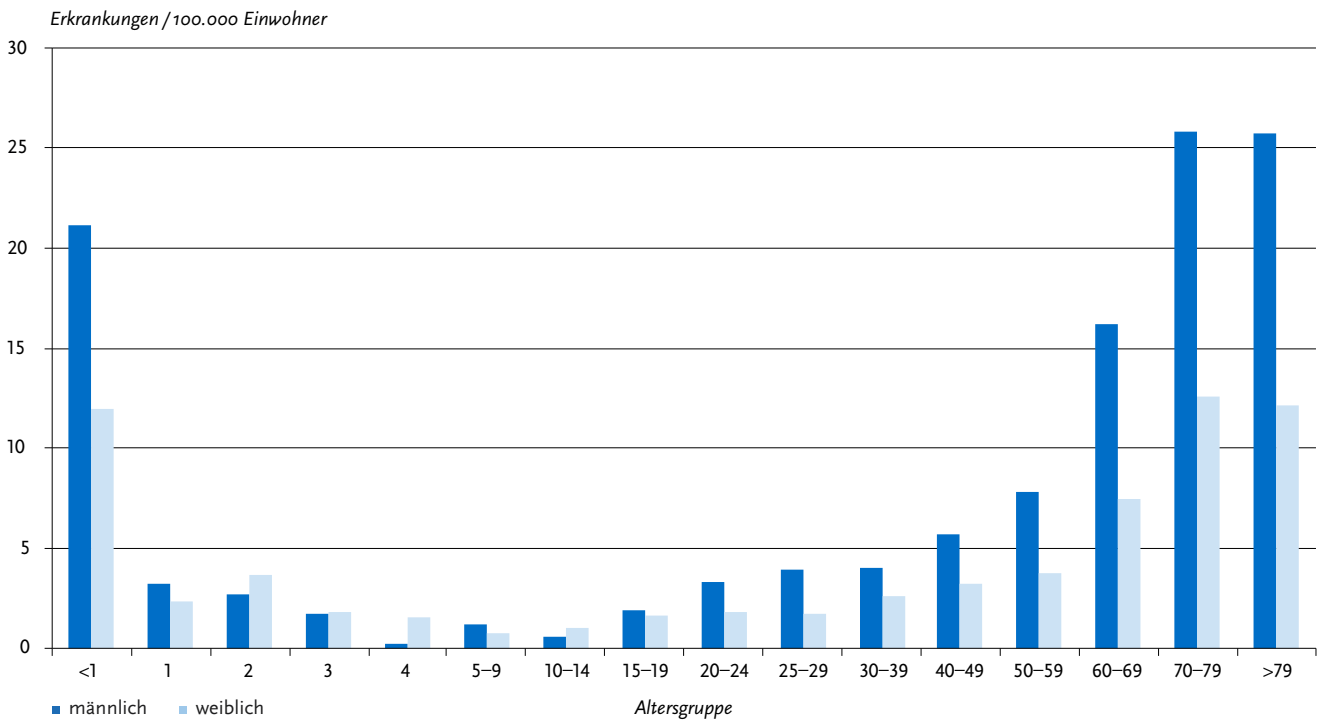


Abb. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=5.881)



Für 5.893 Fälle (99,95 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (2.840-mal, 45 % der 6.290 Nennungen), im Urin (1.292-mal, 21 %) und in Wundabstrichen (839-mal, 13 %) (Mehrfachangaben möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 5.300 Fälle (90 %) vorhanden. Demnach waren 4.808 Fälle (91 %) hospitalisiert. Unter 5.844 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 267 Todesfälle verzeichnet (5 %). Von 217 Todesfällen, für die Angaben zur Todesursache vorlagen, wurden 36 Fälle (17 %) als »an der gemeldeten Krankheit verstorben« übermittelt, darunter 19 Fälle mit *Klebsiella* spp., 6 Fälle mit *Enterobacter* spp., 5 Fälle mit *Escherichia* spp., 4 Fälle mit *Serratia* spp. und 2 Fälle mit *Citrobacter* spp.

Nachgewiesene Erreger

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (2.346 Fälle, 40 % aller Fälle). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (999 Fälle, 17 %) und *Enterobacter* spp., darunter am häufigsten *E. cloacae* (613 Fälle, 10 %) (siehe Tab. 6.17.3).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 5.827 Fälle war die Angabe zu Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme aufgrund der verwendeten Softwareversion möglich. Für die 69 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, lagen diese Angaben nicht vor. Bei 4.875 von 5.827 Fällen (84 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, lagen weitergehende Informationen zur Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor.

Tab. 6.17.3:
Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland 2022 (n=5.896)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.382	34,2 %
<i>Escherichia coli</i>	602	14,9 %
<i>Enterobacter cloacae</i>	534	13,2 %
<i>Klebsiella aerogenes</i>	461	11,4 %
<i>Citrobacter freundii</i>	338	8,4 %
<i>Klebsiella oxytoca</i>	129	3,2 %
<i>Serratia marcescens</i>	118	2,9 %
<i>Klebsiella</i> spp., sonstige	71	1,8 %
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	63	1,6 %
<i>Proteus mirabilis</i>	48	1,2 %
<i>Hafnia alvei</i>	41	1,0 %
<i>Klebsiella variicola</i>	34	0,8 %
<i>Citrobacter koseri</i>	22	0,5 %
<i>Morganella morganii</i>	21	0,5 %
Andere	175	4,3 %
Gesamt	4.039	100 %

Von den 2.573 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 2.500 Fälle (97 %) vermindert empfindlich gegen Ertapenem, 1.829 Fälle (71 %) gegen Imipenem und 1.725 Fälle (67 %) gegen Meropenem. 1.591 Fälle (62 %) waren vermindert empfindlich gegen alle 3 Carbapeneme.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemase)

Für 3.728 von 5.827 Fällen (64 %) lagen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 3.321 Fällen (89 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 2.802 Fällen (84 % der getesteten Fälle) nachgewiesen, am häufigsten Carbapenemase vom Typ OXA-48-like (inklusive OXA-48, OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 1.189 Fälle, 42 %).

Bei *Klebsiella* spp. (1.171 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 1.399 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (634 Fälle, 45 %), NDM-1 (94 Fälle, 7 %), KPC-2 (40 Fälle, 3 %), KPC-3 (22 Fälle, 2 %) und VIM-1 (14 Fälle, 1 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (689 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 622 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemase OXA-48 bzw. OXA-48-like (322 Fälle, 52 %), darunter OXA-244 (34 Fälle, 5 %), NDM-1 (18 Fälle, 3 %), NDM-5 (8 Fälle, 1 %) und VIM-1 (8 Fälle, 1 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (353 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 289 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (53 Fälle, 19 %), VIM-1 (26 Fälle, 9 %), KPC-2 (5 Fälle, 2 %) und NDM-1 (5 Fälle, 2 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 28 Ausbrüche mit insgesamt 123 Fällen übermittelt. Bei 7 Ausbrüchen wurden 5 Fälle oder mehr übermittelt (insgesamt 72 Fälle (59 %)). Insgesamt wurden 21 der 28 Ausbrüche durch *Klebsiella pneumoniae* verursacht (insgesamt 106 Fälle), 3 Ausbrüche durch *Enterobacter cloacae* (9 Fälle), 3 Ausbrüche durch *Serratia marcescens* (6 Fälle) und ein Ausbruch durch *Escherichia coli* (2 Fälle).

Datenqualität

Der Anteil der übermittelten Fälle mit vollständigen Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger war sehr hoch. Angaben zum Infektionsstatus, welche u. a. für die Bewertung der Krankheitslast wichtig sind, waren in 58 % der übermittelten Fälle enthalten. Für lediglich 64 % der Fälle lagen Angaben zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) vor. Diese Information ist jedoch hinsichtlich der Einschätzung einer Übertragbarkeit der verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen essentiell, da die Carbapenemase-Gene häufig auf Plasmiden lokalisiert sind und so zwischen verschiedenen Enterobacterales ausgetauscht werden können. Zudem ist die Angabe des Resistenzgens wichtig für die Detektion und Zuordnung überregionaler Ausbrüche. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies u. a. auch vom Untersuchungsverhalten und von der Meldecompliance in der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Ein Grund für die regionalen Unterschiede könnte die noch relativ neue und komplexe bundesweite Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein. Im Vergleich zu 2021 stiegen die Fallzahlen 2022 weiter an und erreichten das höchste Niveau seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016. Ein Teil des Anstiegs steht möglicherweise in Zusammenhang mit der Versorgung von Kriegsverletzten und Geflüchteten aus der Ukraine, worauf auch mehrere Publikationen hinweisen. Die hohe Auslastung der Krankenhäuser, v. a. der Intensivstationen, könnte ein Grund für die gestiegene Anzahl der Ausbrüche sein.

Literaturhinweise

- Hans JB, Pfennigwerth N, Neumann B, et al.: *Molecular surveillance reveals the emergence and dissemination of NDM-5-producing Escherichia coli high-risk clones in Germany*, 2013 to 2019. Euro Surv 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.10.2200509>
- Poku E, Cooper K, Cantrell A, et al.: *Systematic review of time lag between antibiotic use and rise of resistant pathogens among hospitalized adults in Europe*. JAC-Antimicrob Resist 2023. <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad001>
- Sandfort M, Hans JB, Fischer MA, et al.: *Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing Klebsiella pneumoniae in Germany associated with the war in Ukraine*, 2022. Euro Surveill 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.50.2200926>
- ECDC (2022): *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) – Annual epidemiological report for 2021*. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER-EARS-Net-2021_2022-final.pdf
- WHO (2022): *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2022*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>
- von Laer A, Eckmanns T, Zacher B, et al.: *Geographical differences of carbapenem non-susceptible Enterobacterales and Acinetobacter spp. in Germany from 2017 to 2019*. Antimicrob Resist Infect Control 2022. <https://doi.org/10.1186/s13756-021-01045-z>
- ECDC (2021): *OXA-244-producing Escherichia coli in the European Union/ European Economic Area and the UK since 2013, first update – 20 July 2021*. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/OXA-244-producing-E-coli-in-EU-EEA-since-2013-first-update.pdf>
- Dietze N, Trawinski H, Schönherr SG, et al.: *Infektionsmedizinische und chirurgische Herausforderungen durch Carbapenem-resistente bakterielle Erreger bei der Versorgung Kriegsverletzter aus der Ukraine*. Epid Bull 2022; 36:3 – 10. DOI 10.25646/10447
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauskeime – Zeitraum 1. Januar 2021 bis 31. Dezember 2021*. Epid Bull 2022; 19:3 – 9. <https://doi.org/10.25646/10034>
- Reuss A, Klingeborg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: *Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotika-resistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8 – 11. <http://dx.doi.org/10.25646/8026>
- KRINKO: *Ergänzung zur Empfehlung der KRINKO »Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen« (2012) im Zusammenhang mit der von EUCAST neu definierten Kategorie »I« bei der Antibiotika-Resistenzbestimmung: Konsequenzen für die Definition von MRGN*. Epid Bull 2019; 9:82 – 83. <https://doi.org/10.25646/5916>

6.18 Fleckfieber

Kurzbeschreibung

Fleckfieber ist eine akute fieberhafte Erkrankung mit Hautausschlag, die durch das Bakterium *Rickettsia prowazekii* verursacht wird. Es wird durch Kleiderläuse übertragen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch findet nicht statt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde dem RKI kein Fall von Fleckfieber übermittelt, der die Referenzdefinition erfüllt.

In den Jahren 2021, 2019, 2017, 2016 und 2003 wurde jeweils eine serologisch diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung übermittelt, zuvor 2 Erkrankungen im Jahr 2001.

Alle bisher bekannten Infektionen wurden nicht in Deutschland erworben.

Literaturhinweis

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

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

Kurzbeschreibung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) und verwandte Virusenzephalitiden werden durch das TBE (tick-borne encephalitis)-Virus verursacht, das durch Zecken auf den Menschen übertragen wird. Weltweit gibt es drei relevante Virus-Subtypen: den europäischen, fernöstlichen und sibirischen Subtyp. TBE ist der englische Überbegriff für alle Subtypen; der deutsche Begriff »FSME« bezeichnet die Erkrankung mit dem europäischen Subtyp. In Deutschland erfolgt die Übertragung durch die Zeckenspezies *Ixodes ricinus*, umgangssprachlich der Gemeine Holzbock. Der typische Verlauf einer FSME-Erkrankung ist biphasisch und beginnt mit unspezifischen, allgemeinen Krankheitszeichen wie Fieber, Gliederschmerzen, Übelkeit und Erbrechen (Inkubationszeit meist 7 bis 14 Tage). Nach einem kurzen Intervall von

circa einer Woche folgen die spezifischen neurologischen Manifestationen der FSME (Meningitis, Enzephalitis, Myelitis).

Ein hoher Anteil der Infektionen verläuft jedoch asymptomatisch oder die 2. Krankheitsphase bleibt aus, Schätzungen gehen von 70 bis 95 % aus. Die verfügbaren Totimpfstoffe bieten einen effektiven Schutz gegen FSME.

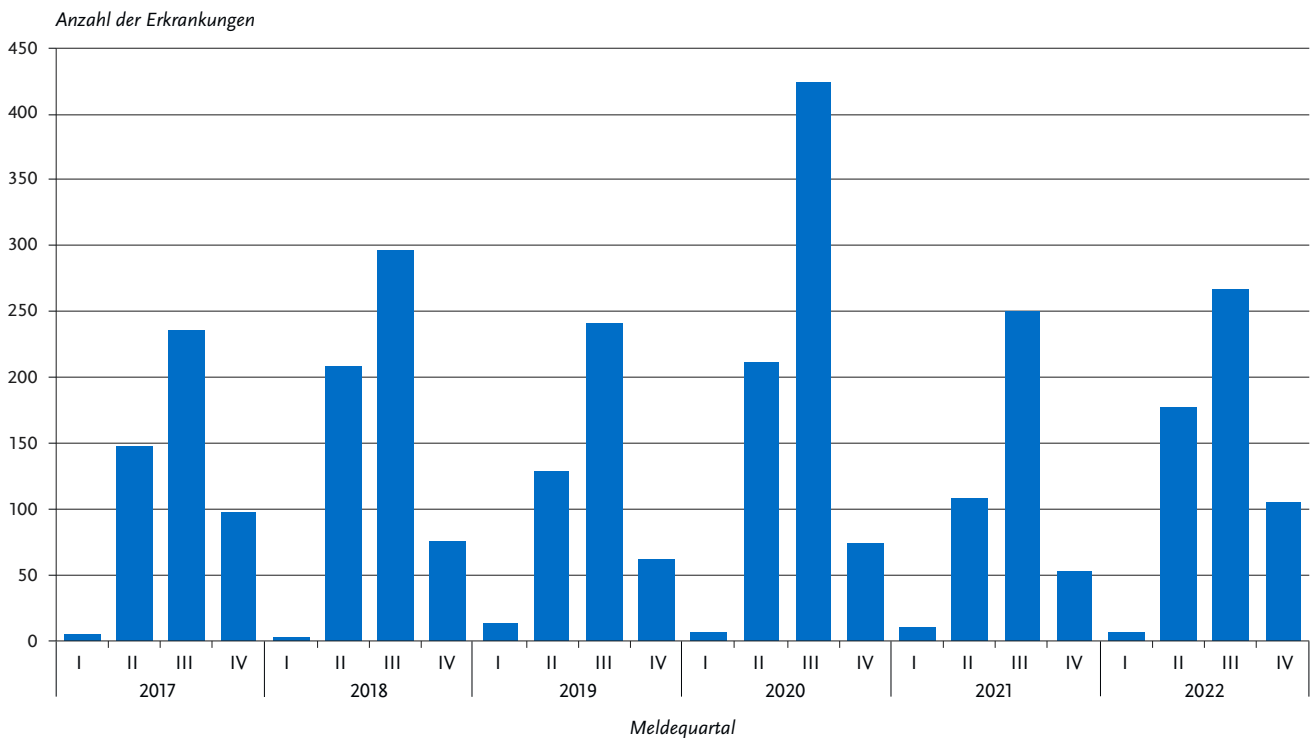
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.19.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 erfüllten 554 der 613 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 133 Erkrankungen (32 %) gestiegen (s. Tab. 6.19.1). Entsprechend der Zeckenaktivität wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 443 der 554 Erkrankungen (80 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.19.1).

Abb. 6.19.1: Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2017 bis 2022 (n=3.202)



Tab. 6.19.1: Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	421	93 %	554	90 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	3 %	27	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19	4 %	32	5 %
alle	453	100 %	613	100 %
Referenzdefinition (C)	421	93 %	554	90 %

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der übermittelten FSME-Erkrankungen lag in den meisten Bundesländern mit Risikogebieten unter dem jeweiligen Median der Vorjahre 2017 bis 2021. In wenigen Bundesländern lag die Inzidenz über dem Median der Vorjahre, insbesondere in Sachsen. Mit 2,0 bzw. 1,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz in Bayern und Baden-Württemberg – wie in den Vorjahren – am höchsten (s. Abb. 6.19.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 137 der 178 im Jahr 2022 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Thüringen, Hessen, Sachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte [Karte der Risikogebiete](#) für FSME verwiesen. Für diese Karte werden neben den Fallzahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

Wie in Kapitel 2 beschrieben, werden Fälle örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Der Infektionsort kann vom Ort des Gesundheitsamtes abweichen.

Für 477 von 497 Erkrankungen (96 %), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war (Mehrfachnennungen möglich), wurde ausschließlich Deutschland genannt. Daneben wurden noch Österreich (7 Nennungen), Schweden (4), jeweils zweimal die Schweiz und die Tschechische Republik und jeweils einmal 12 weitere Länder als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Für 57 Erkrankungen (10 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 0,8 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (0,5). Die höchste Inzidenz wurde mit etwa 1,4 bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.19.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre am höchsten (0,9).

Klinische Aspekte

Bei allen 554 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 27 der 49 (55 %; Vorjahr: 45 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 24 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 4 mit zusätzlicher Enzephalitis. Bei 3 Kindern wurde eine isolierte Enzephalitis berichtet.

Von den 505 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 278 (55 %; Vorjahr: 50 %) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 168 Erkrankte (33 %) eine isolierte Meningitis. Bei einer erkrankten Person trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 104 Erkrankten (21 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 49 zusätzlich eine Meningitis, 2 Erkrankte zusätzlich eine Myelitis und 6 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 5 Personen wurde eine isolierte Myelitis berichtet. Somit wurde bei insgesamt 117 Erkrankten (23 %) die besonders schweren neurologischen Manifestationen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

Von den 554 übermittelten Erkrankungen wurde bei 474 (86 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS wurde häufiger eine Hospitalisierung angegeben (285/305; 93 %) als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeine

Abb. 6.19.2: Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=554) im Vergleich mit den Vorjahren

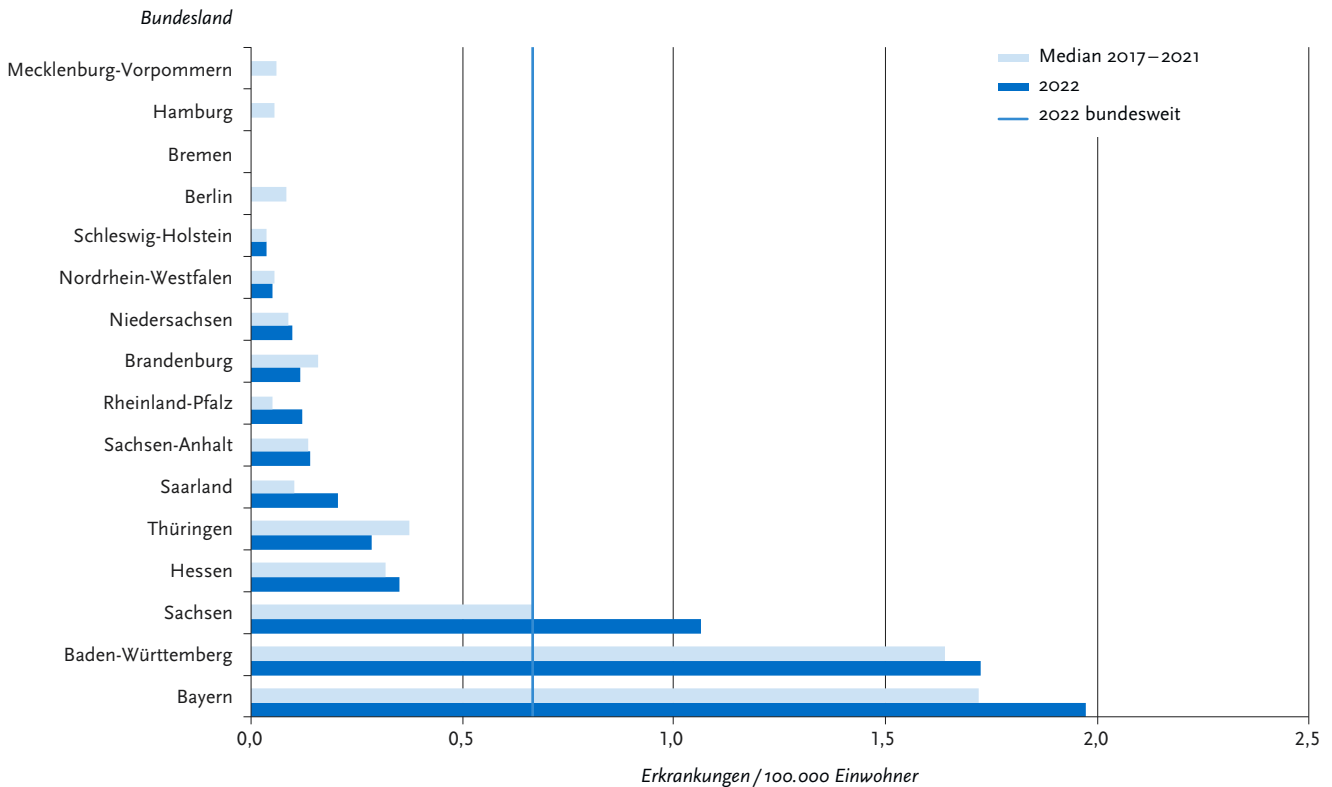
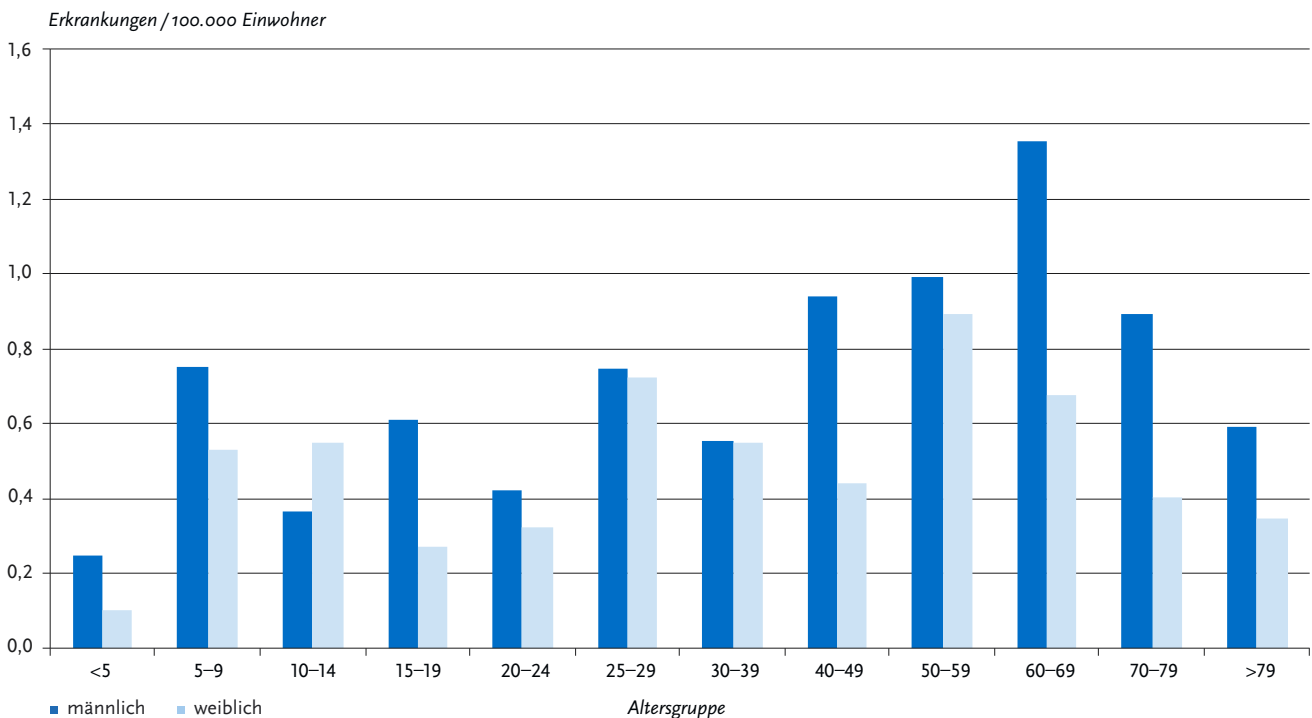


Abb. 6.19.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=554)



Krankheitssymptome angegeben wurden (189/249; 76 %). Es wurden 2 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt: eine Person älter als 80 Jahre und eine Person der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre.

Impfstatus

Eine vollständige Grundimmunisierung zum Schutz vor einer FSME besteht aus insgesamt 3 Impfungen mit zeitlichen Abständen entsprechend der Impfschemata der Hersteller.

Ein zeitlich begrenzter Schutz (circa 5 bis 12 Monate) besteht für einen hohen Anteil der Impflinge bereits ab 3 Wochen nach der 2. Impfdosis. Nach der Grundimmunisierung ist für beide Impfstoffe die erste Auffrischimpfung nach 3 Jahren empfohlen, danach Auffrischimpfungen im Abstand von 5 Jahren (Alter < 50 Jahre [Impfstoff Encepur®] bzw. Alter < 60 Jahre [Impfstoff FSME-Immun®]) oder 3 Jahren (Alter 50 Jahre oder älter [Impfstoff Encepur®] bzw. 60 Jahre oder älter [Impfstoff FSME-Immun®]).

Der gleichzeitige Nachweis von IgM-Antikörpern und IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labor diagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnostik daher in den Monaten nach einer Impfung statt, kann eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden. Zudem hat eine in Bayern durchgeführte Studie gezeigt, dass sich eine Infektion bei Personen mit vorausgegangenem Impfungen durch weitere Untersuchungen häufig nicht bestätigen lässt. Bei Auftreten einer Infektion trotz Impfung weisen die FSME-spezifischen Antikörper im Verlauf ein charakteristisches Muster und weitere Eigenschaften auf,

die durch geeignete Methoden untersucht werden können. Weiterhin kann der Nachweis von NS1-Antikörpern klären, ob eine frische Infektion vorliegt. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels geeigneter Methoden durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

Von den 554 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 495 (89 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 56 (11 %) als geimpft und 439 (89 %) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 56 geimpften Erkrankten lagen bei 42 (75 %) plausible Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns (nur erforderlich, wenn > 1 Dosis) und zum Datum der letzten Impfung (nur erforderlich, wenn > 1 Dosis) vollständig vor, sodass der Impfschutz bei insgesamt 481 (87 %) Erkrankten bewertet werden konnte (439 Ungeimpfte und 42 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 42 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 34 (81 %) als unzureichend geimpft eingestuft (17 Erkrankten mit einer Impfdosis, 7 Erkrankte mit 2 Impfdosen, 6 Erkrankte mit 3 Impfdosen, 2 Erkrankte mit 4 Impfdosen und jeweils eine Erkrankung mit 5 bzw. 7 Impfdosen). Dieser Anteil lag damit in der Größenordnung der Vorjahre (2021: 75 %, 2020: 78 %). Die Impfungen waren unvollständig bzw. erfolgten mit einem zu kurzen bzw. zu langen Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis (s. Abb. 6.19.4).

Bei den übrigen 8 (19 %) Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus ist von einem ausreichenden Impfschutz auszugehen. Diese Fälle wurden als mögliche Impfdurchbrüche

eingestuft (eine erkrankte Person mit 2 Impfdosen deren letzte ≤ 12 Monate vor der Erkrankung verabreicht wurde, 3 mit 3 Impfdosen deren letzte ≤ 3 Jahre vor Erkrankung verabreicht wurde, 3 mit 4 Impfdosen und eine erkrankte Person mit 5 Impfdosen (> 50 Jahre), deren letzte ≤ 5 Jahre vor der Erkrankung verabreicht wurde. Von den 8 mit Impfdurchbrüchen eingestuft Erkrankten wiesen 5 ZNS-Symptome in der Form einer Meningitis und Enzephalitis auf.

Datenqualität

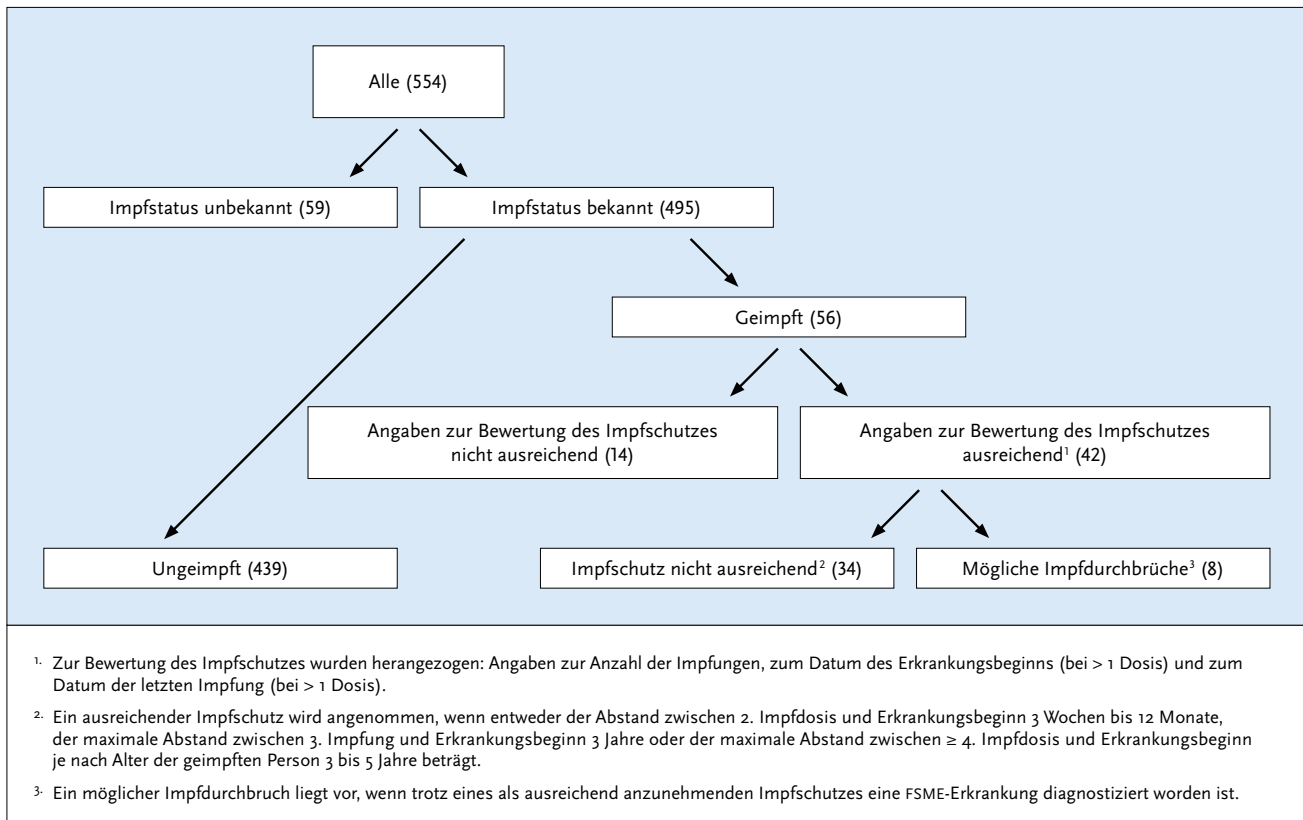
Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 25 % der als geimpft übermittelten Erkrankungen wichtige Angaben wie z. B. das Impfdatum, die Anzahl der Impfungen oder der Erkrankungsbeginn, ohne die der Impfstatus nicht beurteilt werden kann. Ferner fehlt bei 65 (12 %) der 554 übermittelten Erkrankungen die Angabe des Landes bzw. des Landkreises, in dem die Infektion wahrscheinlich erworben wurde, die für die Erstellung der jährlichen Karte der FSME-Risikogebiete unerlässlich ist.

Fazit

Im Jahr 2022 wurden deutlich mehr FSME-Erkrankungen übermittelt als im Vorjahr 2021. Die Anzahl der FSME-Erkrankungen lag im Jahr 2022 weiterhin deutlich über dem Median

der jährlichen Fallzahlen von 313 Erkrankungen seit Beginn der Erfassung gemäß IfSG im Jahr 2001. Die jährliche Zahl übermittelter Erkrankungen unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen. Die Gründe sind vermutlich multifaktoriell: Klimatische und ökologische Faktoren beeinflussen sowohl die Aktivität und den Lebenszyklus der Zecken, als auch die Population der Wirtstiere. Das Freizeitverhalten der Menschen beeinflusst das Risiko für Zeckenstiche und wird ebenfalls von der Wetterlage sowie durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können das Bewusstsein für die Krankheit sowie das Meldeverhalten die Erkrankungszahlen beeinflussen. Die hohen Erkrankungszahlen im Jahr 2022 könnten damit zusammenhängen, dass bedingt durch die COVID-19-Pandemie, wie im Rekordjahr 2020, mehr Menschen ihre Freizeit im Freien verbracht haben und somit ein höheres Risiko für Zeckenstiche hatten. In einer Befragung von FSME-Erkrankten aus dem Jahr 2018 – 2020 wurden 2020 deutlich häufiger Spaziergänge im Wald und auf Wiesen als in den Vorjahren angegeben. Hervorzuheben bleibt, dass die Mehrzahl (98 %) aller an FSME Erkrankten mit bekanntem Impfstatus ungeimpft oder unvollständig geimpft war und eine Erkrankung mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

Abb. 6.19.4: Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=554)



Literaturhinweise

- Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al.: *Tick-borne encephalitis: Acute clinical manifestations and severity in 581 cases from Germany, 2018 – 2020.* J Infect 2023.
<https://doi.org/10.1016/j.jinf.2023.02.018>
- Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al.: *Tick-borne encephalitis vaccine effectiveness and barriers to vaccination in Germany.* Sci Rep. 2022.
<https://doi.org/10.1038/s41598-022-15447-5>
- Friedsam AM, Brady OJ, Pilic A, Dobler G, Hellenbrand W, Nygren TM: *Geo-Spatial Characteristics of 567 Places of Tick-Borne Encephalitis Infection in Southern Germany, 2018 – 2020.* Microorganisms 2022.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms10030643>
- Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al.: *Tick-borne encephalitis risk increases with dog ownership, frequent walks, and gardening: a case-control study in Germany 2018 – 2020.* Microorganisms 2022.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms10040690>
- Girl P, Bestehorn-Willmann M, Zange S, Borde JP, Dobler G, von Buttler H: *Tick-borne encephalitis virus nonstructural-protein 1 IgG enzyme-linked immunosorbent assay for differentiating infection versus vaccination antibody responses.* J Clin Microbiol 2020.
<https://doi.org/10.1128/JCM.01783-19>
- Hellenbrand W, Kreusch T, Böhmer MM, et al.: *Epidemiology of Tick-Borne Encephalitis (TBE) in Germany, 2001 – 2018.* Pathogens 2019.
<https://doi.org/10.3390/pathogens8020042>
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen.* Epid Bull 2023; 14:1 – 194.
<https://doi.org/10.25646/11201>
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2023).* Epid Bull 2023; 9:3 – 22.
<https://doi.org/10.25646/11176>
- RKI: *Fünffahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002 – 2022.* Epid Bull 2023; 9 (Anlage):1 – 14.
- RKI: *Ergebnisse der bayerischen FSME-Studie 2007: Hohe diagnostische Sicherheit bei gemeldeten Fällen, aber zusätzliche Untersuchungen notwendig bei Patienten mit früherer FSME-Impfung.* Epid Bull 2011; 17:142 – 145.
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

6.20 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.780
- ▶ Seit 2011 tendenziell abnehmender Trend der Fallzahlen; 2022 jedoch leichter Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr)
- ▶ 44 % der Infektionen im Ausland erworben (Vorjahr: 24 %)
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kindern zwischen 0 bis 9 Jahren sowie bei 25- bis 49-Jährigen; überwiegend männliche Personen betroffen
- ▶ 11 Ausbrüche mit 33 Erkrankungen, davon ein Ausbruch mit 5 und mehr Fällen

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem weltweit verbreiteten Dünndarmparasiten *Giardia lamblia* kann unauffällig verlaufen, aber auch zu lang andauernden und über Jahre wiederkehrenden Durchfällen und Oberbauchbeschwerden mit Gewichtsabnahme sowie ausgeprägtem Meteorismus führen. Im Meldesystem werden jedoch nur die akuten Infektionen erfasst. Der Parasit wird fäkal-oral durch direkten Kontakt, Nahrungsmittel oder Trinkwasser übertragen.

Falldefinition

Die Falldefinition für Giardiasis wurde 2015 angepasst. Seitdem erfüllt neben dem mikroskopischen Nachweis und Antigen-nachweis auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.20.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 1.780 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 471 (35,9 %) mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.20.1). Die Gesamtinzidenz stieg auf 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 1,6).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 0,9 Erkr./100.000 Einw. in Bremen und Niedersachsen und 6,7 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.20.2). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 2,1 lagen außer Berlin auch Sachsen (4,2), Sachsen-Anhalt (3,5), Mecklenburg-Vorpommern (3,0), Hamburg (3,0), das Saarland (2,6) und Thüringen (2,5). Bei 1.088 Erkrankungen (61 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 1.130 Nennungen entfielen 56 % auf Deutschland. Der Anteil der im Ausland erworbenen Infektionen ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 24 % auf 44 % gestiegen. Weitere häufig genannte Infektionsländer waren Indien (48 Nennungen, 4 %) und Spanien (30 Nennungen, 3 %) (s. Tab. 6.20.2).

Tab. 6.20.2: Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, 1.088 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	638	56 %
Indien	48	4 %
Spanien	30	3 %
Italien	24	2 %
Mexiko	24	2 %
Türkei	22	2 %
Kolumbien	20	2 %
Ghana	13	1 %
Thailand	12	1 %
Ägypten	10	1 %
Andere	289	26 %
Summe	1.130	100 %

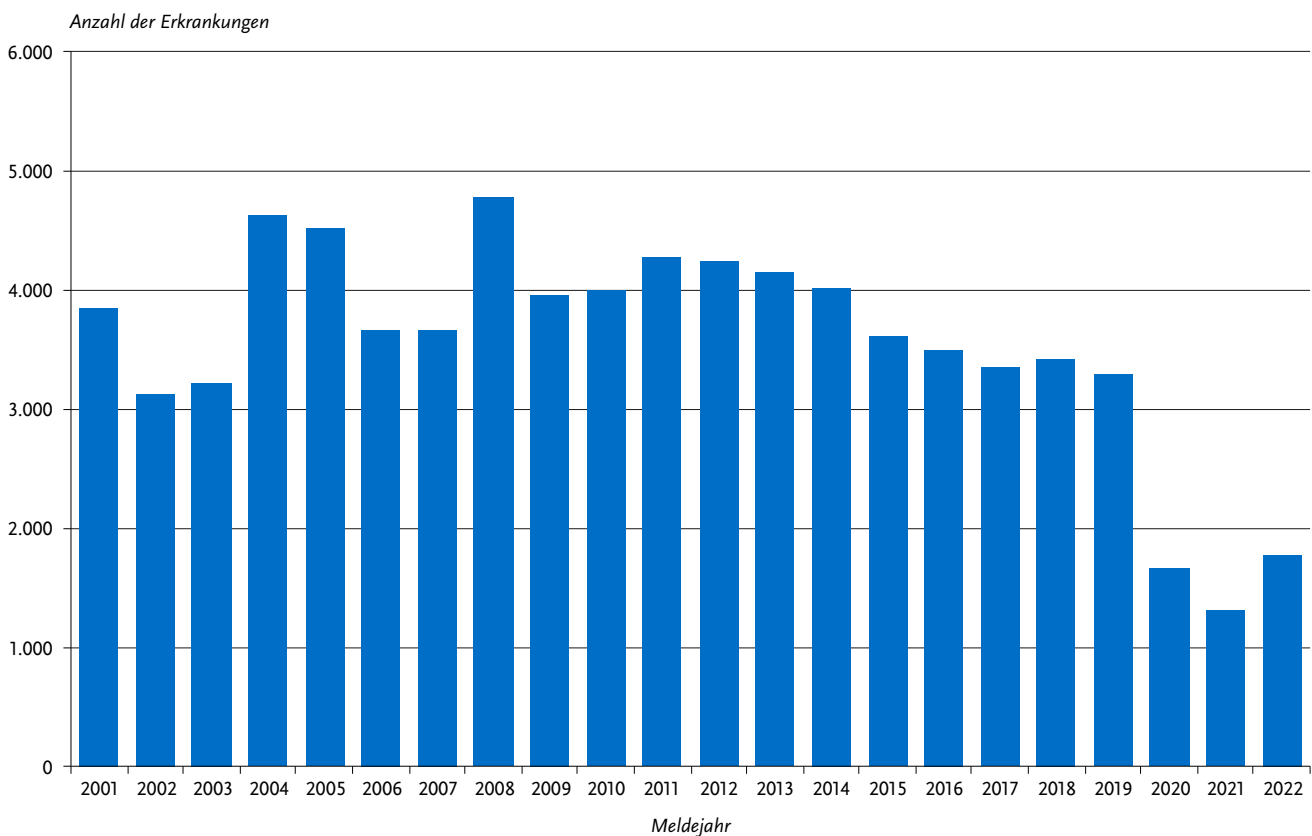
Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweiphasig (s. Abb. 6.20.3) mit einem Inzidenzgipfel bei Kindern zwischen 0 und 9 Jahren (2,6 Erkr./100.000 Einw.) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren (2,7). Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (2,7 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (1,6); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von 0 Jahren sowie in der Altersgruppe der 30- bis 59-Jährigen.

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.307	71 %	1.779	69 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	157	8 %	194	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	385	21 %	586	23 %
alle	1.851	100 %	2.560	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.309	71 %	1.780	70 %

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 11 Ausbrüche übermittelt (2021: 5). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 33 (2021: 12). In einem der Ausbrüche wurden mehr als 5 Erkrankte übermittelt.

Datenqualität

Seit Einführung des IfSG ist bei allen labordiagnostisch bestätigten Giardiasis-Erkrankungen der Anteil der Fälle, die ausschließlich durch Mikroskopie diagnostiziert wurden, zu Gunsten der Anwendung von sensitiveren Antigentests zurückgegangen. Seit der Anpassung der Falldefinition 2015 werden außerdem Erkrankungen berücksichtigt, die mittels des sensitiven Nukleinsäurenachweises (z. B. PCR) diagnostiziert wurden. Es ist zu erwarten, dass diese Nachweismethode in den kommenden Jahren

Abb. 6.20.2:

Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.780) im Vergleich mit den Vorjahren

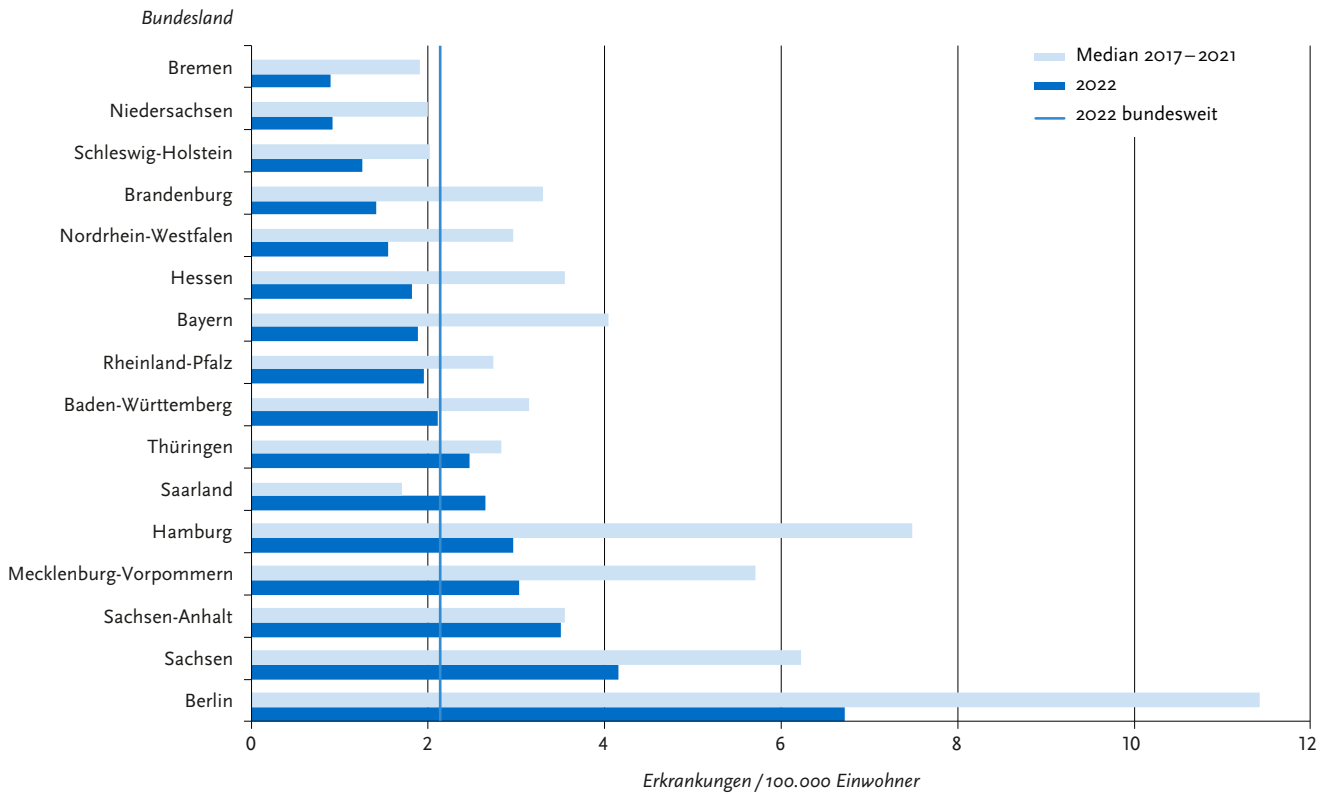
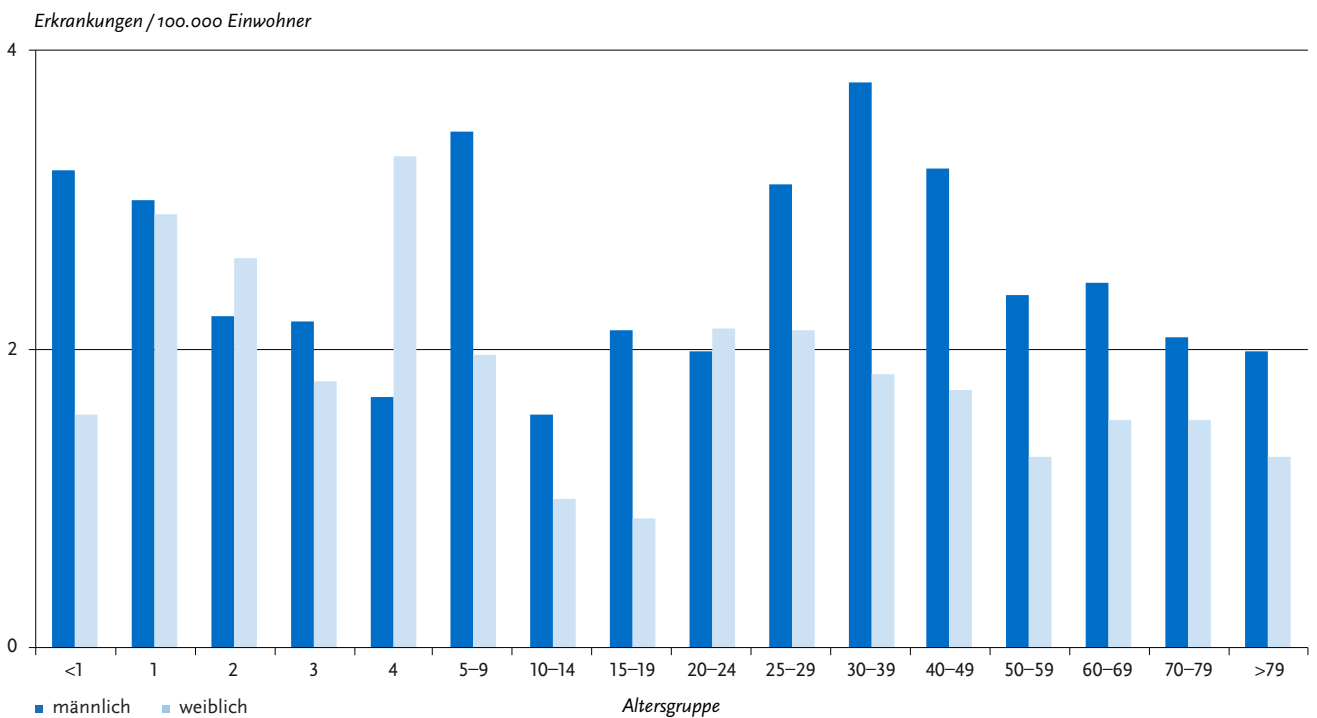


Abb. 6.20.3:

Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.766)



weiter an Bedeutung gewinnen wird. Im Jahr 2022 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 61 % ausschließlich Antigentest; 15 % ausschließlich Mikroskopie; 16 % ausschließlich PCR sowie 7 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Fazit

Im Jahr 2022 ist die Anzahl der übermittelten Giardiasis-Fälle im Vergleich zum Vorjahr gestiegen. Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen außerhalb Deutschlands. Der Anstieg im Jahr 2022 im Vergleich zum Rückgang der Fallzahlen im Vorjahr kann im Zusammenhang mit einer wieder ansteigenden Reiseaktivität nach Beendigung von Reiserestriktionen im Rahmen der COVID-19-Pandemie diskutiert werden. Ob die in Deutschland erworbenen Infektionen überwiegend sekundär reiseassoziiert auftreten oder ob es weitere wichtige Infektionsquellen gibt, ist unbekannt. Ob sich der seit 2011 tendenziell abnehmende Trend der Fallzahlen in den nächsten Jahren fortsetzt, bleibt zu beobachten.

Literaturhinweise

- Woschke A, Faber M, Stark K, et al.: Suitability of current typing procedures to identify epidemiologically linked human *Giardia duodenalis* isolates. PLoS Negl Trop Dis 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009277>
- ECDC (2019): Giardiasis (lamblia) – Annual Epidemiological Report for 2017. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/giardiasis-lamblia-annual-epidemiological-report-2017
- Gallas-Lindemann C, Sotiriadou I, Plutzer J, Karanis P: Prevalence and distribution of *Cryptosporidium* and *Giardia* in wastewater and the surface, drinking and ground waters in the Lower Rhine, Germany. Epidemiol Infect 2013; 141:9–21.
- Espelage W, An der Heiden M, Stark K, Alpers K: Characteristics and risk factors for symptomatic *Giardia lamblia* infections in Germany. BMC Public Health 2010. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-41>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020. Epid Bull 2021; 48:42–43. <https://doi.org/10.25646/9319>

6.21 Haemophilus influenzae, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.000
- ▶ Deutlicher Anstieg der Fallzahlen nach Abfall in den vergangenen beiden Jahren
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen über 69 Jahren und Kindern unter 1 Jahr
- ▶ Nicht typisierbare *Haemophilus influenzae* (NTHi) werden am häufigsten nachgewiesen (78 %)
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung gegen den Kapseltyp b steht zur Verfügung
- ▶ Impfdurchbrüche gegen den impfpräventablen Kapseltyp b sind sehr selten

Kurzbeschreibung

Bakterien der Spezies *Haemophilus influenzae* verursachen häufig Infektionen der Atemwege. Von besonderer Bedeutung sind invasive Erkrankungen wie Blutvergiftungen und Entzündungen der Hirnhaut, der Lunge, des Kehlkopfdeckels, des Knochen- und Muskelgewebes. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen oder direkten Kontakt. *Haemophilus influenzae* können als bekapselte (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftreten. Gegen den Kapseltyp b (Hib) wird in Deutschland seit 1990 eine Standardimpfung im Säuglings- und Kleinkindalter empfohlen. Da sich die Impfung nur gegen Hib richtet, ist für die Einschätzung der Wirksamkeit der Impfung und möglicher Auswirkungen auf die Kapseltypenverteilung eine Typisierung notwendig. Anhand der Typisierung können bekapselte (»typisierbare«) von unbekapselten (»nicht typisierbare«) Stämmen unterschieden werden.

Falldefinition

Im Rahmen des IfSG sind nur die invasiven Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Rückenmarksflüssigkeit (Liquor) diagnostiziert werden. Neben der Falldefiniionskategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefiniionskategorien D und E). Für das Jahr 2022 wurden 1.000 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefiniionskategorie C (79 %) übermittelt, ähnlich wie im Vorjahr (2021: 80 %) (s. Tab. 6.21.1).

Tab. 6.21.1: Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	292	80 %	793	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	29	8 %	89	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	46	13 %	117	12 %
alle	367	100 %	1.000	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	367	100 %	1.000	100 %

Abb. 6.21.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022

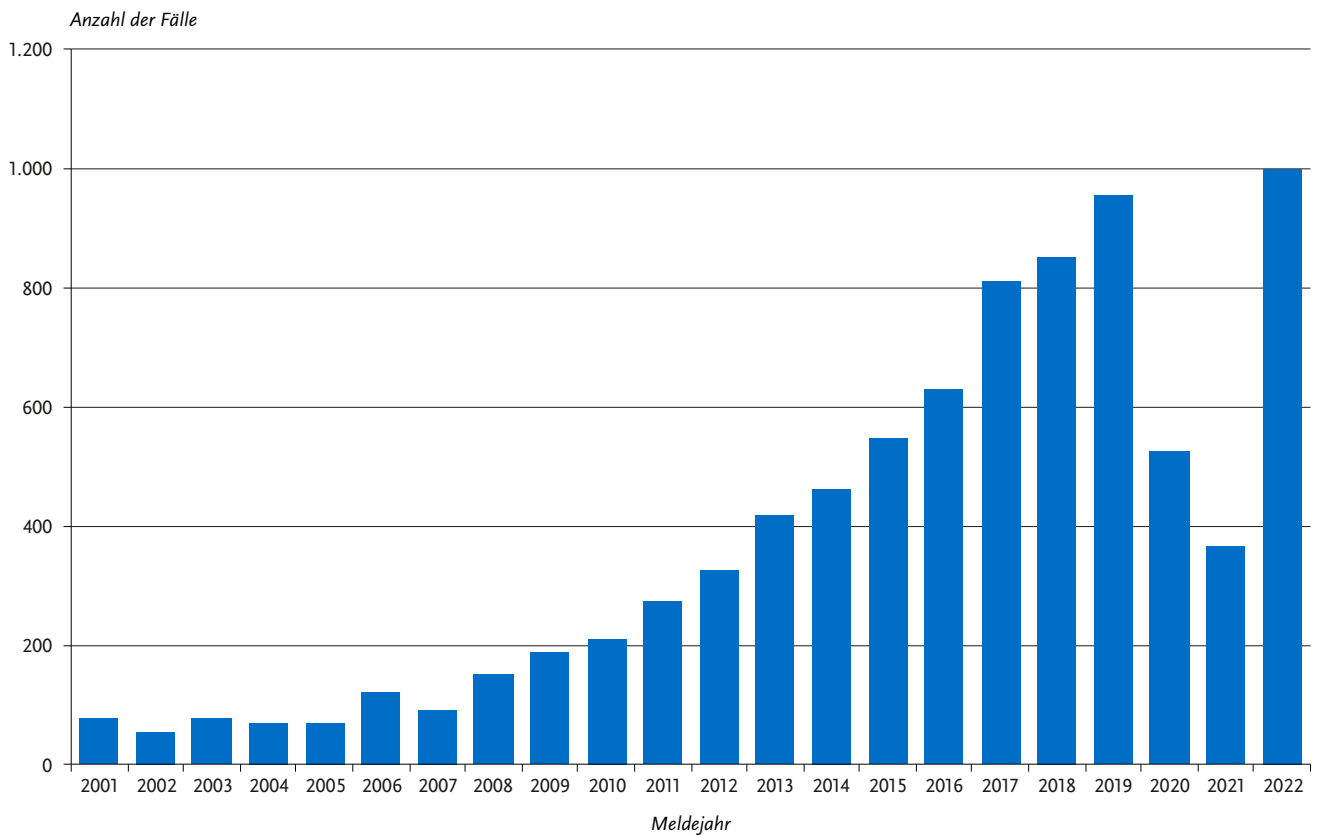
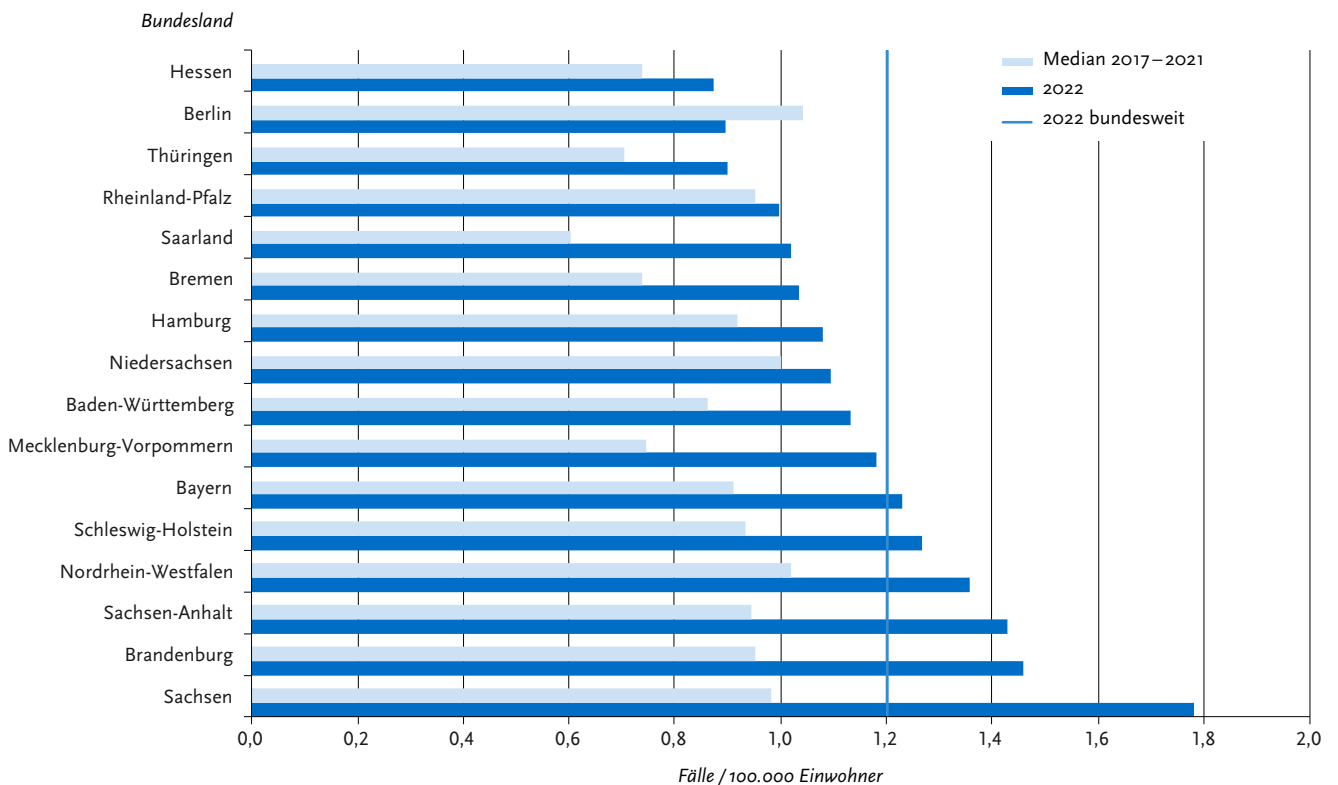


Abb. 6.21.2:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.000) im Vergleich mit den Vorjahren



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurde mit 1.000 übermittelten invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen im Vergleich zu den beiden Vorjahren ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen beobachtet. Damit scheint sich nach der COVID-19-Pandemie der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen fortzusetzen, wobei (s. Abb. 6.21.1) im IV. Quartal 2022 nach etwa gleich hohen Fallzahlen in den ersten 3 Quartalen ein ungewöhnlich starker Anstieg der Fallzahlen zu beobachten war, ähnlich wie bei anderen invasiven bakteriellen Infektionen.

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,9 und 1,8 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 1,2 (Median der 5 Vorjahre: 0,7). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Die Inzidenz lag in allen Bundesländern höher als der Median der Vorjahre. Dieser Anstieg war in Brandenburg, Sachsen und Sachsen-Anhalt am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.21.2). Für 482 Fälle (48 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem ältere Menschen ab 60 Jahren sowie Säuglinge und Kleinkinder unter 5 Jahren (s. Abb. 6.21.3). Etwa 8 % (n=78) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, über zwei Drittel (72 %; n=715) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu: sie stieg von 1,6 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 2,7 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 5,5 bei den über 79-Jährigen. Damit setzte sich der Anstieg der Inzidenz bei den ab 70-Jährigen von 0,3 Fällen/100.000

Einw. im Jahr 2007 auf 4,0 Fälle/100.000 Einw. deutlich fort und entspricht einer Erhöhung um das 13-Fache. Die Inzidenz bei unter 5-Jährigen stieg im gleichen Zeitraum um den Faktor 4 (2007: 0,5; 2022: 2,0). Die Inzidenz war bei der weiblichen und der männlichen Bevölkerung insgesamt gleich (je 1,2 Fälle/100.000 Einw.), wobei insbesondere im Kleinkindalter und bei den Erwachsenen ab 60 Jahren Jungen und Männer zumeist häufiger erkrankten als Mädchen und Frauen (s. Abb. 6.21.3).

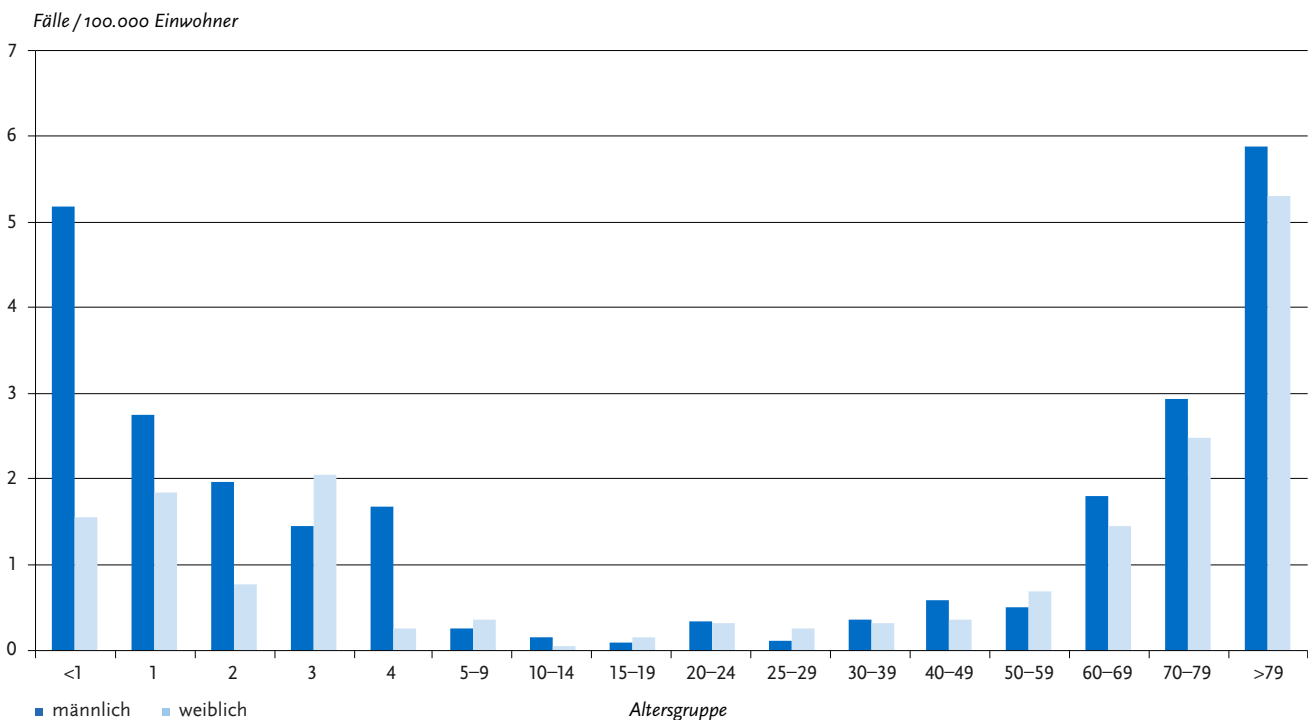
Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung stieg im Vergleich zum Vorjahr weiter an. Für das Jahr 2022 lag bei 81 % (n=811) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor (2021: n=282; 77 %). Darunter war mit 22 Fällen (2,7 %) ein niedrigerer Anteil als im Vorjahr (2021: n=10; 3,5 %), bei denen das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert wurde. Bei 789 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 612-mal (2022: 78 %; 2021: 64,3 %) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 79 Fällen (2022: 10 %; 2021: 19 %) handelte es sich um den Typ f, 41 mal wurde der Typ b (2022: 5,2 %; 2021: 5,9 %), 25 mal der Typ non-b (2022: 3,2 %; 2021: 1,5 %) und jeweils 16 mal der Typ a bzw. Typ e (2022: je 2,0 %; 2021: 3,3 % bzw. 5,9 %) nachgewiesen.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 793 (79 %) Infektionen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren Fieber in 475 Fällen (60 %), Lungenentzündung in 433 Fällen (55 %) und ein septisches Krankheitsbild in 227 Fällen (29 %) (Mehrfachnennungen möglich). Als mögliche meningitische Zeichen traten in 125 Fällen (16 %) Nackensteifigkeit, Erbrechen, veränderte Bewusstseinslage, aufgetriebene Fontanelle oder andere Hirndruckzeichen auf.

Abb. 6.21.3: Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=999)



Angaben zum Tod und Ursache des Todes lagen in 980 Fällen vor. Es wurden 54 Todesfälle (2022: 5,5 %; 2021: 22; 6,1 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Ein Todesfall trat bei einem Kleinkind auf: ein einjähriges Kind mit einem septischen Krankheitsbild, bei dem im Liquor der Typ a nachgewiesen wurde. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 38 bis 101 Jahre alt; das mediane Alter betrug 84 Jahre.

Impfstatus

Die Impfung gegen den Kapseltyp b ist bereits im ersten Lebensjahr allgemein empfohlen: In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff (monovalenter Impfstoff bzw. Kombinationsimpfstoff) gehörten bis Mitte 2020 2 (oder 3) Impfstoffdosen im Alter von 2, (3) und 4 Monaten sowie eine weitere Dosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zur Grundimmunisierung. Seit Mitte 2020 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) für Säuglinge ein reduziertes Impfschema mit 2 + 1 Dosen (2, 4 und 11 Monate), Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) sollen weiterhin nach dem 3 + 1-Schema (2, 3, 4 und 11 Monate) geimpft werden. Für Patientinnen und Patienten mit einer funktionellen oder anatomischen Asplenie ist altersunabhängig eine Hib-Impfstoffdosis empfohlen.

Für die Auswertung des Impfstatus werden mit der Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Art und dem Datum der letzten Impfung Angaben benötigt, die zuverlässig nur einer ärztlichen Dokumentation wie z. B. dem Impfpass der betroffenen Person zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

In 41 Fällen wurde der impfpräventable Typ b angegeben. Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die 12 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 32 Jahren beschränkt. Sechs dieser Fälle waren geimpft, 5 Fälle waren ungeimpft, bei einem Fall wurden keine Angaben zum Impfstatus übermittelt. Von den 6 geimpften Fällen wurde für 2 Kinder jeweils eine vollständige Impfserie (mit 4 Impfstoffdosen) angegeben, diese erkrankten mit Epiglottitis und meningialen Zeichen bzw. einem septischen Krankheitsbild. Ein Säugling und 3 Kleinkinder waren unvollständig geimpft. Keines der an Hib erkrankten Kinder ist verstorben.

Datenqualität

Die Angaben zum Impfstatus bei Kindern, Jugendlichen und jungen Erwachsenen sind weiterhin nicht vollständig. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfpflicht betroffenen Altersgruppen, wird trotz einer weiteren Steigerung im Jahr 2022 ebenfalls weiterhin zu selten durchgeführt bzw. die Ergebnisse werden nicht immer übermittelt. Da die Impfung nur gegen den Typ b schützt, können Impfdurchbrüche nur anhand vollständiger Angaben zum Impfstatus und Kapseltyp erkannt werden. Außerdem wird nur mithilfe von Typisierungsergebnissen sichtbar, ob es zu einer Veränderung im Auftreten von Kapseltypen kommt. Bei Meldungen des Nachweises von *Haemophilus influenzae* aus Laboren sollten Gesundheitsämter immer eine Stammeinsendung an das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* zur kostenfreien Typisierung erbitten.

Fazit

In Deutschland gehören invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen mit einer bundesweiten Inzidenz von 1,2 Fällen/100.000 Einwohnern weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl zwischen 2007 und 2022

kontinuierlich angestiegen ist (mit Ausnahme der Jahre 2020 und 2021). Der Großteil der invasiven Erkrankungen wird durch unbekapselte *Haemophilus influenzae* (NTHi) verursacht, gefolgt von *Haemophilus influenzae* Typ f. Da eine Kapseltypisierung bisher weiterhin noch zu selten erfolgt, lässt sich derzeit nicht sicher feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. Da Personen der von der Impfpflicht betroffenen Altersgruppen nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben den Schluss auf einen wirksamen Schutz durch die für alle Säuglinge und Kleinkinder empfohlene Hib-Impfung zu.

Literaturhinweise

- Brueggemann AB, Jansen van Rensburg MJ, Shaw D, et al.: *Changes in the incidence of invasive disease due to Streptococcus pneumoniae, Haemophilus influenzae, and Neisseria meningitidis during the COVID-19 pandemic in 26 countries and territories in the Invasive Respiratory Infection Surveillance Initiative: a prospective analysis of surveillance data*. The Lancet Digital Health 2021. [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(21\)00077-7](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(21)00077-7)
- ECDC (2020): *Haemophilus influenzae – Annual Epidemiological Report for 2018*. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER_for_2018_haemophilus_influenzae.pdf
- Takla A, Schönfeld V, Claus H, et al.: *Invasive Haemophilus influenzae infections in Germany after the introduction of routine childhood immunization, 2001 – 2016*. Open Forum Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofaa444>
- Rieck T, FeigM, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 49:3–259. DOI 10.25646/10838
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3–66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.22 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 143 (Vorjahr: 1740)
- ▶ Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch
- ▶ Die meisten Infektionen in Deutschland erworben

Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die zur Familie der Bunyaviridae gehören. Die Viren lassen sich 2 Gruppen zuordnen, der Hantaan-Gruppe und der Puumala-Gruppe. Zur Hantaan-Gruppe gehören unter anderem das Hantaan-Virus und das Dobrava-Virus und zur Puumala-Gruppe unter anderem das Puumala-Virus. Die Viren werden von infizierten Nagetieren über Speichel, Urin und Kot ausgeschieden. In Deutschland sind dies v. a. für Puumala-Infektionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole, durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu verschiedenen schweren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden, fieberhaften

Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.22.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 143 Erkrankungen (0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) übermittelt, d. h. etwa ein Zwölftel des Vorjahres. Ein Großteil der Fälle (43 %) trat im III. Quartal auf (s. Abb. 6.22.1).

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

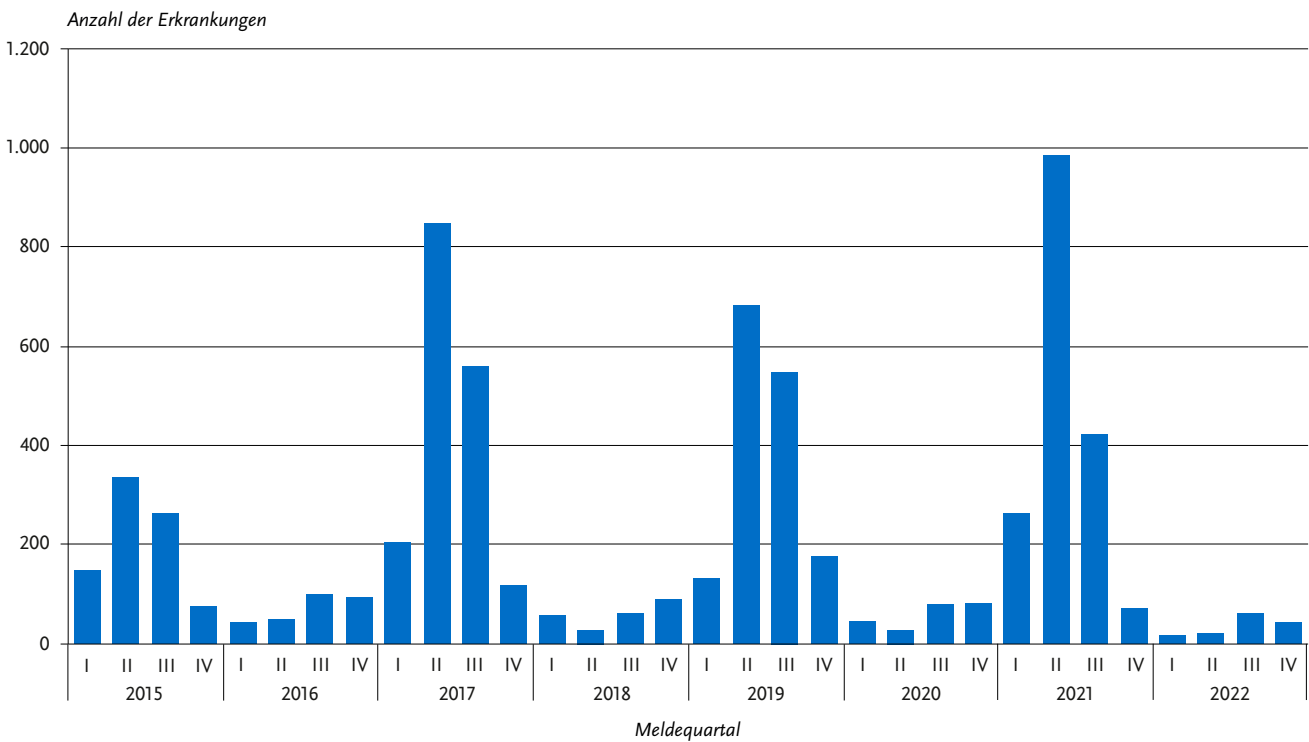
Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reserviertiere bestimmt. Im Jahr 2022 wurden Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert von 0,2 Erkr./100.000 Einw in Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen (jeweils 0,3 Erkr./100.000 Einw.) und in Bayern und Rheinland-Pfalz (jeweils 0,2) beobachtet.

In den anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert; aus Bremen, dem Saarland und Sachsen-Anhalt wurden keine Hantavirus-Erkrankungen übermittelt.

Bei 111 Erkrankungen (78 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 116 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 103 (89 %) auf Deutschland. Weitere europäische Länder sowie Kanada wurden je ein- bis zweimal genannt.

Abb. 6.22.1: Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2022



Tab. 6.22.1: Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	5	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.735	90 %	143	91 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	40	2 %	9	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	150	8 %	6	4 %
alle	1.930	100 %	158	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.740	90 %	143	91 %

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen und der 50- bis 59-Jährigen am höchsten (jeweils 0,3 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung sehr selten (3,5 % der Erkrankungen, Inzidenz: 0,04). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (71 %); eine vergleichsweise hohe Inzidenz (0,4) wurde für die 20- bis 24-jährigen, 30- bis 39-jährigen und 50- bis 59-jährigen Männer verzeichnet (s. Abb. 6.22.2).

Nachgewiesene Erreger

Für 51 Erkrankungen wurde eine zugehörige Virus-Spezies genannt, bei 49 Erkrankungen (96 %) wurde das Puumala-Virus und bei 2 Erkrankungen (4 %) das Dobrava-Virus angegeben. Für 92 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virus-Spezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Puumala-Virus-Infektionen wurden überwiegend (90 %) aus Baden-Württemberg, Bayern, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen übermittelt. Dobrava-Virus-Infektionen wurden aus den Bundesländern Sachsen und Schleswig-Holstein übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 81 Erkrankten (57 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden keine Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Bei den Angaben zur Virusspezies ist zu berücksichtigen, dass serologisch eine starke Kreuzreaktivität zwischen den einzelnen Spezies besteht. Die hier präsentierten Daten können nur einen ungefähren Anhalt für die Verteilung der Virustypen unter den übermittelten Fällen geben.

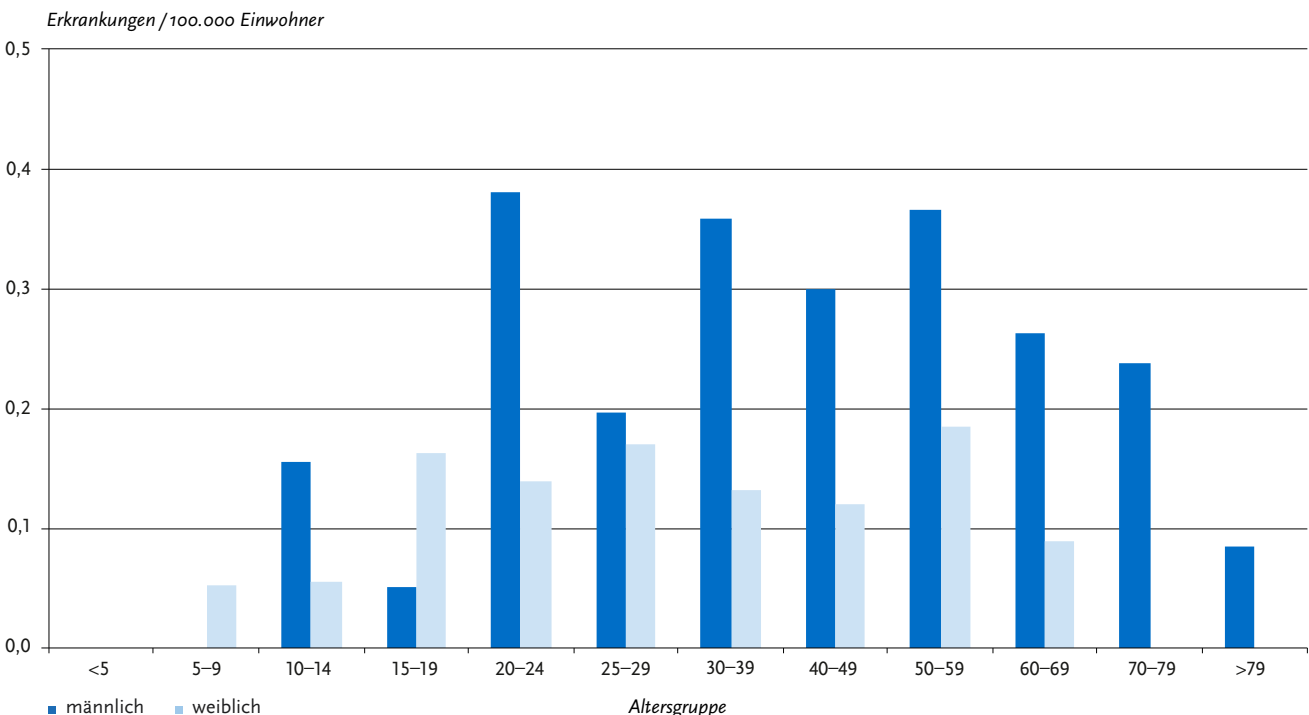
Fazit

Nach einer schwachen Buchenmast im Jahr 2021 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumala-Virus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2022 sehr niedrig. Das beim Menschen selten diagnostizierte Dobrava-Virus trat, wie in den Vorjahren, im Norden und Osten Deutschlands auf.

Literaturhinweise

Hofmann J, Loyer M, Faber M, Krüger DH: *Hantavirus-Erkrankungen: Ein Update.* Dtsch Med Wochenschr 2022. <https://doi.org/10.1055/a-1664-7259>
 Faber M, Krüger DH, Auste B, Stark K, Hofmann J, Weiss S: *Molecular and epidemiological characteristics of human Puumala and Dobrava-Belgrade hantavirus infections, Germany, 2001 to 2017.* Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.32.1800675>
 Roda Gracia J, Schumann B, Seidler A: *Climate Variability and the Occurrence of Human Puumala Hantavirus Infections in Europe: A Systematic Review.* Zoonoses Public Health 2015; 62:465 – 478.
 Latus J, Schwab M, Tacconelli E, et al.: *Clinical course and long-term outcome of hantavirus-associated nephropathia epidemica, Germany.* Emerg Infect Dis 2015. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2101.140861>
 Faber M: *Hantavirus-Erkrankungen in Deutschland: Hohe Fallzahlen im Frühsommer 2019.* Epid Bull 2019; 25:221. <http://doi.org/10.25646/6188>
 RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.22.2: Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=143)



6.23 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 707
- ▶ Anstieg der übermittelten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei den 15 – 24 und > 79-jährigen Männern und den 10 – 19 und > 70-jährigen Frauen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-A-Virus verursacht eine akute Leberentzündung mit den klinischen Zeichen einer Gelbsucht. Das Virus wird mit dem Stuhl ausgeschieden und durch direkten Kontakt, verunreinigte Nahrungsmittel oder verunreinigtes Trinkwasser über-

tragen. In Ländern mit niedrigem Hygienestandard ist die Durchseuchung schon im Kindesalter sehr hoch. Nach einer Infektion verbleibt eine lebenslange Immunität. In Europa kam es in den letzten Jahrzehnten zu einem kontinuierlichen Rückgang der Infektionshäufigkeit, sodass hier immer weniger Jugendliche und Erwachsene eine erworbene Immunität besitzen. Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

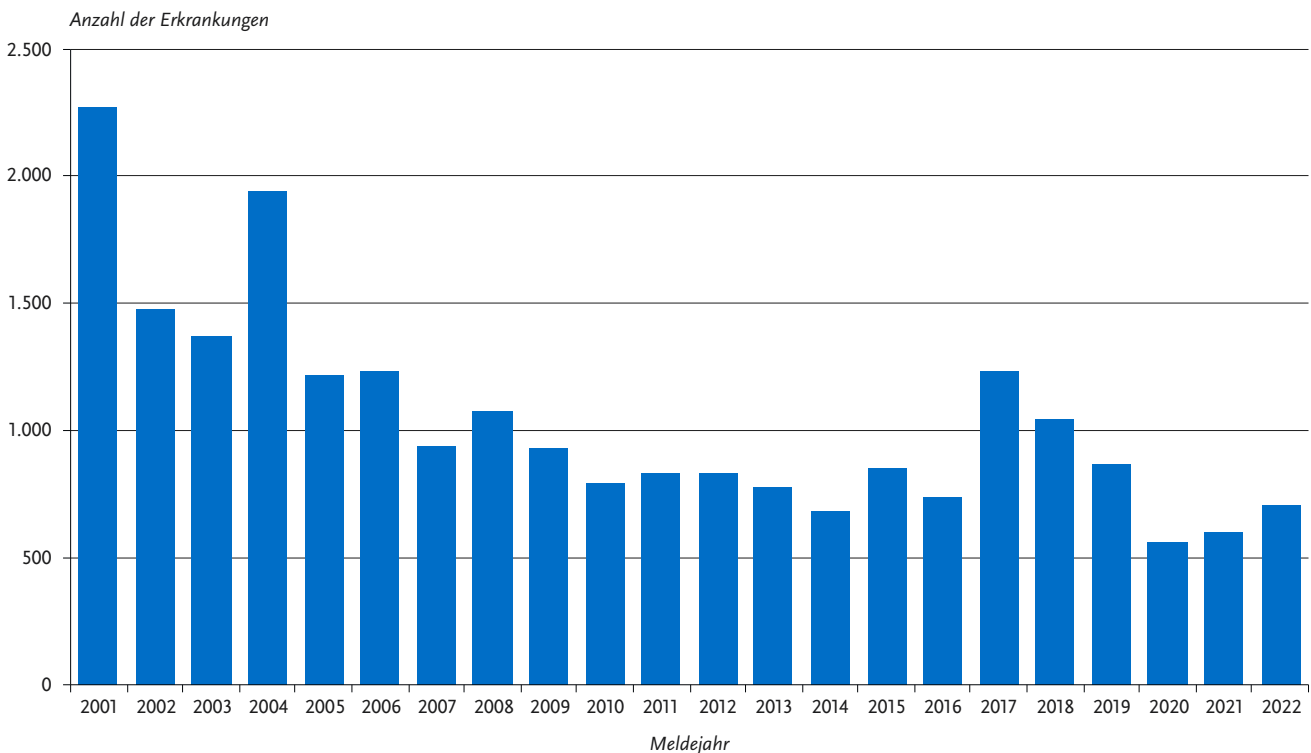
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.23.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 707 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, etwa 19 % (n=111) mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.23.1). Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A betrug 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die meisten übermittelten Erkrankungen wurden in den Sommermonaten gemeldet (s. Abb. 6.23.2).

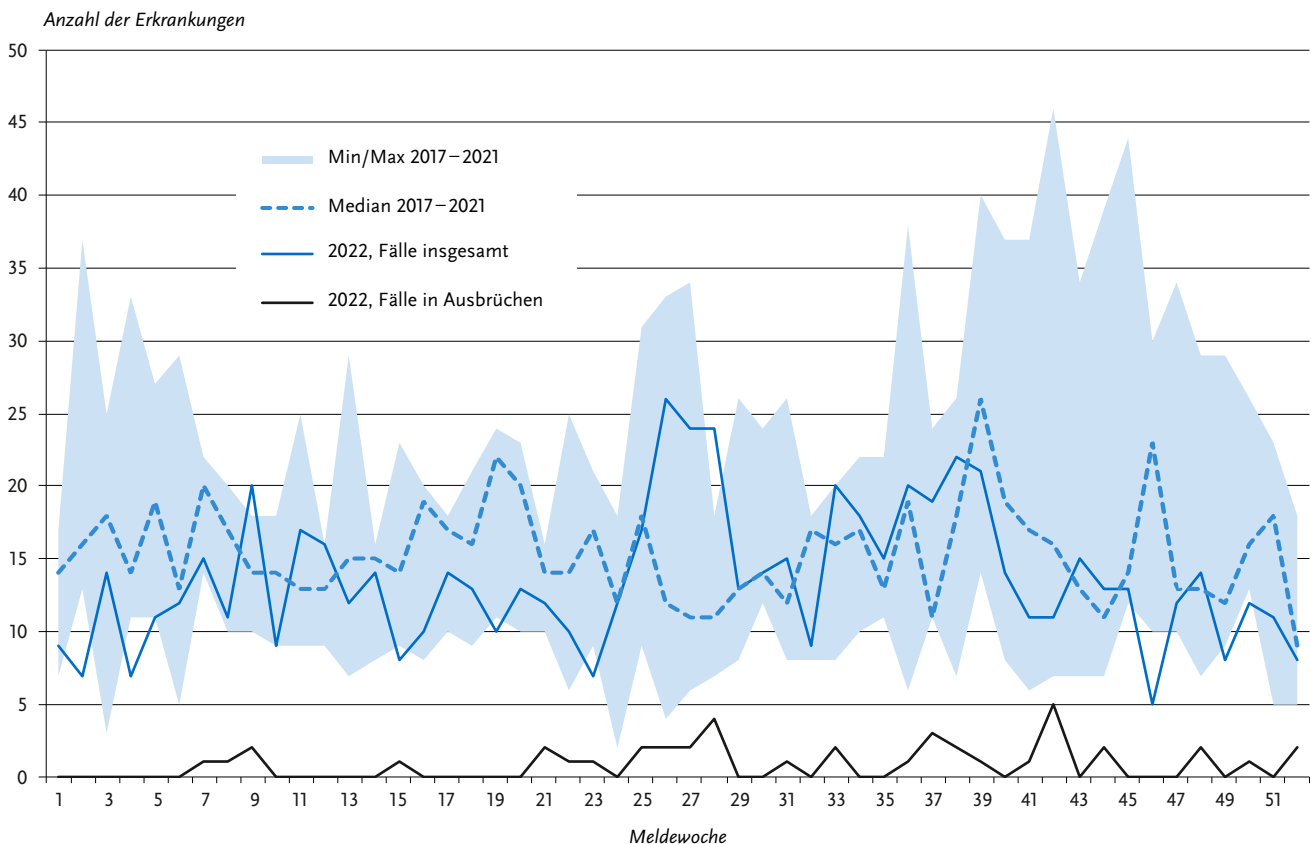
Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	9	1 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	587	51 %	705	50 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	241	21 %	328	23 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	313	27 %	377	27 %
alle	1.150	100 %	1.412	100 %
Referenzdefinition (B+C)	596	52 %	707	50 %

Abb. 6.23.2: Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2022 (n=707) im Vergleich mit den Vorjahren



Geografische Verteilung

In den Bundesländern Brandenburg, Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Berlin, Saarland, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Hamburg und Thüringen lag die Inzidenz über dem bundesweiten Wert. Die höchste Inzidenz wurde im Brandenburg beobachtet (1,3 Erkr./100.000 Einw.). In Bayern, Baden-Württemberg, Sachsen und Bremen nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren zu. In allen anderen Bundesländern nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren ab. Besonders deutlich war der Rückgang in Berlin (– 53 %), und Hamburg (– 36 %) (s. Abb. 6.23.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden für 471 Erkrankungen (67 %) übermittelt. Von den 499 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 351 (70 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.23.2). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Pakistan (16 Nennungen), Italien (12 Nennungen), Ägypten, Polen, Mexiko und Spanien (je 8 Nennungen) und Indien (7 Nennungen). Frankreich, Libanon und die Türkei wurden je 5-mal genannt.

Demografische Verteilung

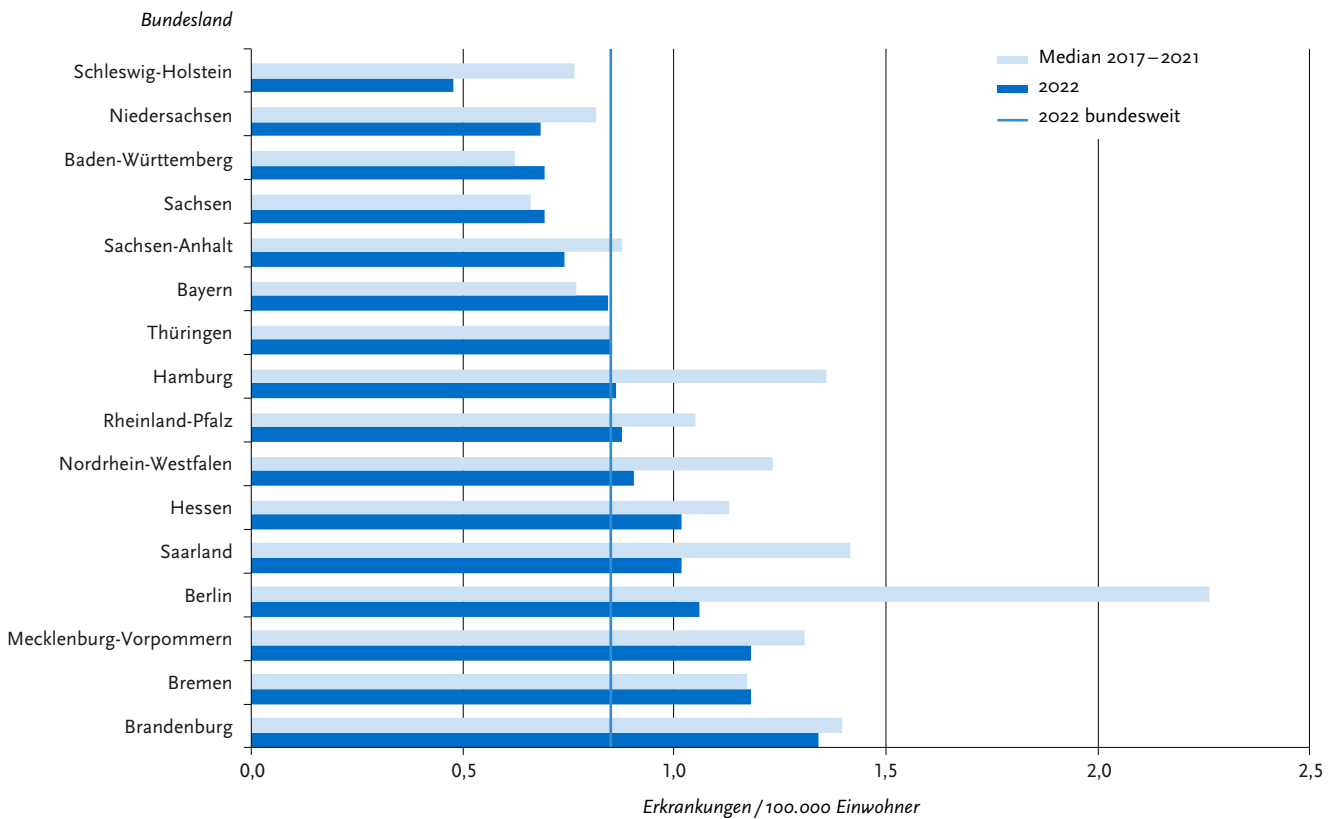
Männer (0,9 Erkr./100.000 Einw.) waren 2022 etwas stärker von Hepatitis-A-Erkrankungen betroffen als Frauen (0,8).

Es wurde eine bimodale Altersverteilung mit den höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Männern in den Altersgruppen der 15- bis 24-Jährigen und der über 79-Jährigen sowie bei Frauen in den Altersgruppen der 10- bis 19-Jährigen sowie der

Tab. 6.23.2: Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, 471 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	351	70 %
Pakistan	16	3 %
Italien	12	2 %
Ägypten	8	2 %
Polen	8	2 %
Mexiko	8	2 %
Spanien	8	2 %
Indien	7	1 %
Frankreich	5	1 %
Libanon	5	1 %
Türkei	5	1 %
Andere	66	13 %
Summe	499	100 %

Abb. 6.23.3: Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=707) im Vergleich mit den Vorjahren



über 70-Jährigen beobachtet (s. Abb. 6.23.4). Es ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken.

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 365 (52 %) Erkrankungen angegeben. Für 404 von 634 Erkrankte mit Angaben (64 %) wurde eine Hospitalisierung übermittelt.

Im Jahr 2022 wurden 3 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 2 Männer und eine Frau im Alter von 83 bis 101 Jahren.

Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und Hepatitis B bzw. Hepatitis A und Typhus zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff gehören eine bzw. 2 oder 3 Dosen zu einer vollständigen Grundimmunisierung. Nach der 1. Impfdosis mit monovalentem Impfstoff sind bei mindestens 95 % der Geimpften entsprechende Antikörper nachweisbar. Schützende Antikörper entstehen bei den meisten Geimpften 12 bis 15 Tage nach der 1. Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz nach einer Exposition sinnvoll sein.

Bei 537 (76 %) der 707 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.23.5). Von diesen wurden

495 (92 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 42 (7,8 %) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 22 (52 %) dieser Erkrankten lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und/oder Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 17 (77 %) Erkrankte unvollständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Erkrankungen mit nicht ausreichendem Impfschutz betrafen Personen, die z. B. im Rahmen von Reisen oder Ausbrüchen vermutlich zu spät (postexpositionell) geimpft worden waren (n=7), lediglich eine Dosis Hepatitis A/Hepatitis B Kombinationsimpfstoff erhielten (n=5) oder die Immunisierung nicht zeitgerecht weitergeführt/beendet hatten (n=5). Fünf Personen, die vermutlich eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten zwischen 4 und 23 Jahren nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischimpfung nach z. B. 10 Jahren notwendig ist. Aufgrund mathematischer Modellierung ist aber davon auszugehen, dass schützende Antikörper für mindestens 25 Jahre nach erfolgter Grundimmunisierung persistieren.

Ausbrüche

Es wurden 16 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen (alle mit jeweils < 5 Erkrankten) übermittelt. Die Gesamtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 37.

Abb. 6.23.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=707)

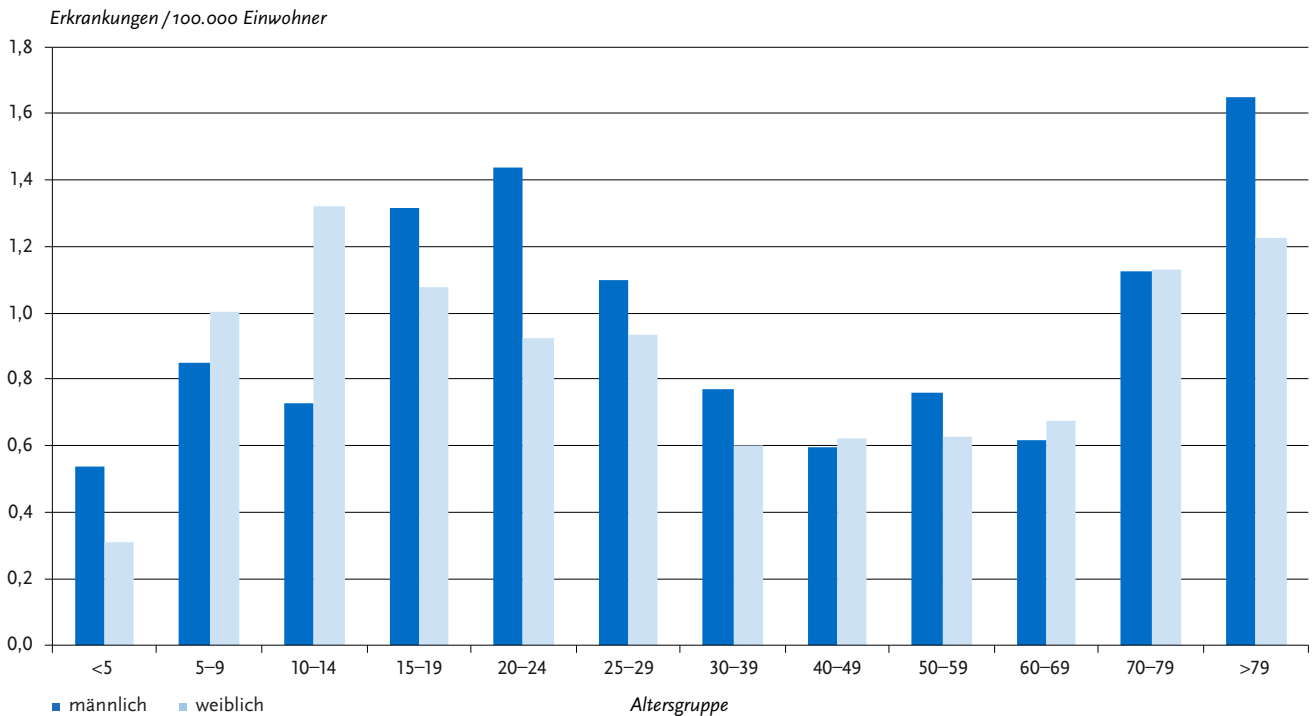
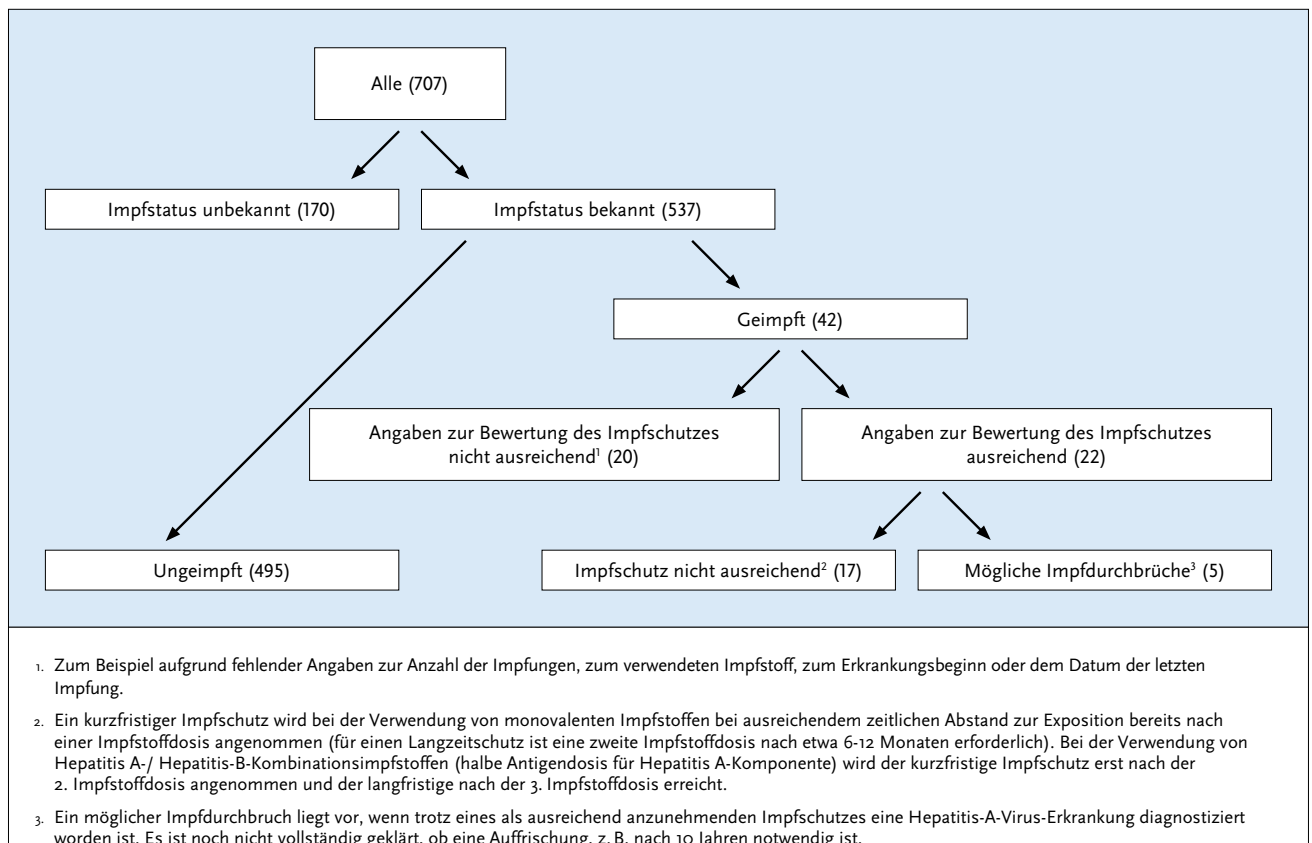


Abb. 6.23.5:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=707)



Datenqualität

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

Fazit

Im Jahr 2022 wurden im Vergleich zu den beiden Vorjahren, in denen die (Fern-)Reiseaktivität während der COVID-19 Pandemie eingeschränkt war, wieder mehr Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt. Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft.

Literaturhinweise

- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Zimmermann R, Faber M, Dudareva S, et al.: *Hepatitis A outbreak among MSM in Berlin due to low vaccination coverage: epidemiology, management, and successful interventions*. Int J Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.11.133>
- Ruscher C, Faber M, Werber D, Stark K, Bitzegeio J, Michaelis K, Sagebiel D, Wenzel JJ, Enkelmann J: *Resurgence of an international hepatitis A outbreak linked to imported frozen strawberries, Germany, 2018 to 2020*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.37.1900670>
- Marosevic D, Belting A, Schönberger K, Carl AW, J.J., Brey R: *Hepatitis A outbreak in the general population due to a MSM-associated HAV genotype linked to a food handler, November 2017 – February 2018, Germany*. Food Environ Virol 2019. <https://doi.org/10.1007/s12560-019-09375-3>
- Gassowski M, Michaelis K, Wenzel JJ, et al.: *Two concurrent outbreaks of hepatitis A highlight the risk of infection for non-immune travellers to Morocco, January to June 2018*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.27.1800329>
- Michaelis K, Poethko-Müller C, Kuhnert R, Stark K, Faber M: *Hepatitis A virus infections, immunisations and demographic determinants in children and adolescents, Germany*. Sci Rep 2018; 8:16696.
- Ndumbi P, Freidl GS, Williams CJ, et al.: *Hepatitis A outbreak disproportionately affecting men who have sex with men (MSM) in the European Union and European Economic Area, June 2016 to May 2017*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.33.1700641>
- Carrillo-Santistevan P, Tavoschi L, Severi E, et al.: *Seroprevalence and susceptibility to hepatitis A in the European Union and European Economic Area: a systematic review*. Lancet Infect Dis 2017. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(17\)30392-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(17)30392-4)
- Jacob L, Kostec K: *Compliance with vaccination against hepatitis A virus in Germany: A retrospective analysis*. Int J Clin Pharmacol Ther 2017; 55:740–745.
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2023; 14:1–194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 42–48. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI-Ratgeber (2023). www.rki.de/ratgeber

6.24 Hepatitis B

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: **16.366**
- ▶ Davon 914 akute, 7.287 chronische und 8.165 Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium
- ▶ Zunahme der Fallzahlen seit dem Jahr 2015 wegen Änderung der Referenzdefinition, IfSG-Änderung im Jahr 2017 und Erweiterung der Referenzdefinition auf chronische Fälle seit dem Jahr 2019
- ▶ Zunahme der Fälle um 90 % (n=7.773) im Vergleich zum Vorjahr wegen verschiedenen Ursachen, inkl. Meldung bereits bekannter chronischer Fälle
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

Kurzbeschreibung

Hepatitis B ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-B-Viren (HBV) ausgelöste Leberentzündung, die vorwiegend sexuell und durch Kontakte mit kontaminiertem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten übertragen wird. Bei Erwachsenen heilt sie meistens aus, kann aber in ca. 5 bis 10 % der Fälle chronisch verlaufen und in eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom übergehen. Es gibt eine wirksame Schutzimpfung.

Falldefinition

Die Falldefinition wurde im Jahr 2015 dahingehend geändert, dass neben klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Fällen (C), auch laboridiagnostisch nachgewiesene Infektionen mit nicht erfülltem (D) oder unbekanntem klinischen Bild (E), die Referenzdefinition erfüllen (Tab. 6.24.1). Zudem erfüllt seitdem nur noch der direkte HBV-Nachweis die Kriterien für einen laboridiagnostischen Nachweis.

Im Juli 2017 trat eine IfSG-Änderung in Kraft, bei der jeder Nachweis von HBV meldepflichtig wurde. Seitdem werden nicht mehr nur Nachweise, die auf eine akute Infektion hinweisen, erfasst, sondern alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen mit HBV. Seit 2019 entsprechen auch chronische Infektionen der Referenzdefinition. Dies erlaubt eine Auswertung der übermittelten Fälle nicht nur nach Meldekategorie, sondern auch nach Infektionsstadium (s. Tab. 6.24.1).

Obwohl im Meldesystem auch chronische Infektionen erfasst werden, sollten nur erstmals an das Gesundheitsamt gemeldete Infektionen erfasst werden, sodass im Folgenden von Inzidenzen gesprochen wird.

Klinische Aspekte

Für das Jahr 2022 wurden insgesamt 16.366 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei dominierten wie in den Vorjahren die laboridiagnostisch nachgewiesenen Infektionen mit nicht erfülltem (8.196 Infektionen; 50 %; Falldefinitions-kategorie D) oder unbekanntem klinischen Bild (6.354 Infektionen; 39 %; Falldefinitions-kategorie E). Der Anteil klinisch-laboridiagnostischer bestätigter Infektionen (C) lag 2022 bei 11 % (1.816 Infektionen). (s. Tab. 6.24.1).

Das Stadium der 16.366 übermittelten Infektionen war bei 6 % (n=914) der Infektionen als akut, bei 45 % (n=7.287) als chronisch und bei 50 % (n=8.165) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.24.1). Akute Infektionen wurden am häufigsten in der Falldefinitions-kategorie C übermittelt (59 %, n=541), chronische

Infektionen in der Falldefiniertionskategorie D (89 %, n=6.478) und Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefiniertionskategorie E (78 %, n=6.349).

Zeitlicher Verlauf

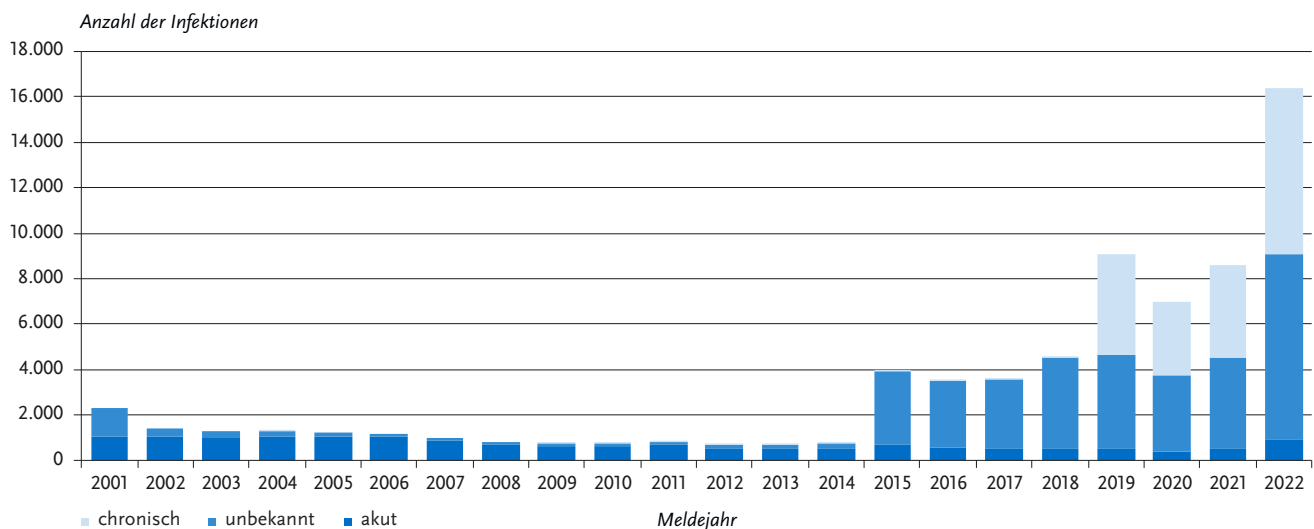
Insgesamt wurde zwischen den Jahren 2001 und 2009 ein Rückgang der übermittelten HBV-Infektionen beobachtet. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen zwischen den Jahren 2009 und 2014. Mit Änderung der Falldefinition 2015 haben die Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.24.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstadium zeigt, dass seit 2008 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant bleibt und der Anstieg auf 3.936 übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen im Jahr 2015 zum größten Teil auf Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium zurückzuführen war (n=3.226), was am ehesten mit der Änderung der Falldefinition zusammenhing (s. Abb. 6.24.1.). Eine weitere Zunahme erfolgte nach der IfSG-Änderung 2017. Seit dem Jahr 2019 erfüllen auch chronische Infektionen die Referenzdefinition, was zu einem weiteren starken Anstieg der berichteten Fallzahlen im Jahr 2019 führte. Während die Anzahl an übermittelten Infektionen für alle drei Infektionsstadien im

Jahr 2020 im Vergleich zu 2019 um 23 % (n=2.080) sank, nahm die Zahl der übermittelten Infektionen seit 2021 im Vergleich zu den Vorjahren zu. Im Jahr 2022 wurde ein deutlicher Anstieg der übermittelten Hepatitis-B-Fälle verzeichnet (Anstieg um 90 % im Vergleich zu 2021). Der Anstieg der Fallzahlen betraf alle 3 Infektionsstadien, jedoch am stärksten Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium (akute Infektionen: Anstieg um 85 %; chronische Infektionen: Anstieg um 80 %; Infektionen mit unbekanntem Stadium: Anstieg um 102 % im Vergleich zum Jahr 2021). Der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen lag in den Jahren 2019 – 2022 konstant bei 6 %. Der Anteil chronischer Infektionen sank im Vergleich zum Vorjahr von 47 % auf 45 % und der Anteil von Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium stieg im Vergleich zum Vorjahr von 47 % auf 50 %.

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen 2022 zwischen 9,8 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Thüringen und 32 in Hamburg. Für 2022 waren die Bundesländer Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern,

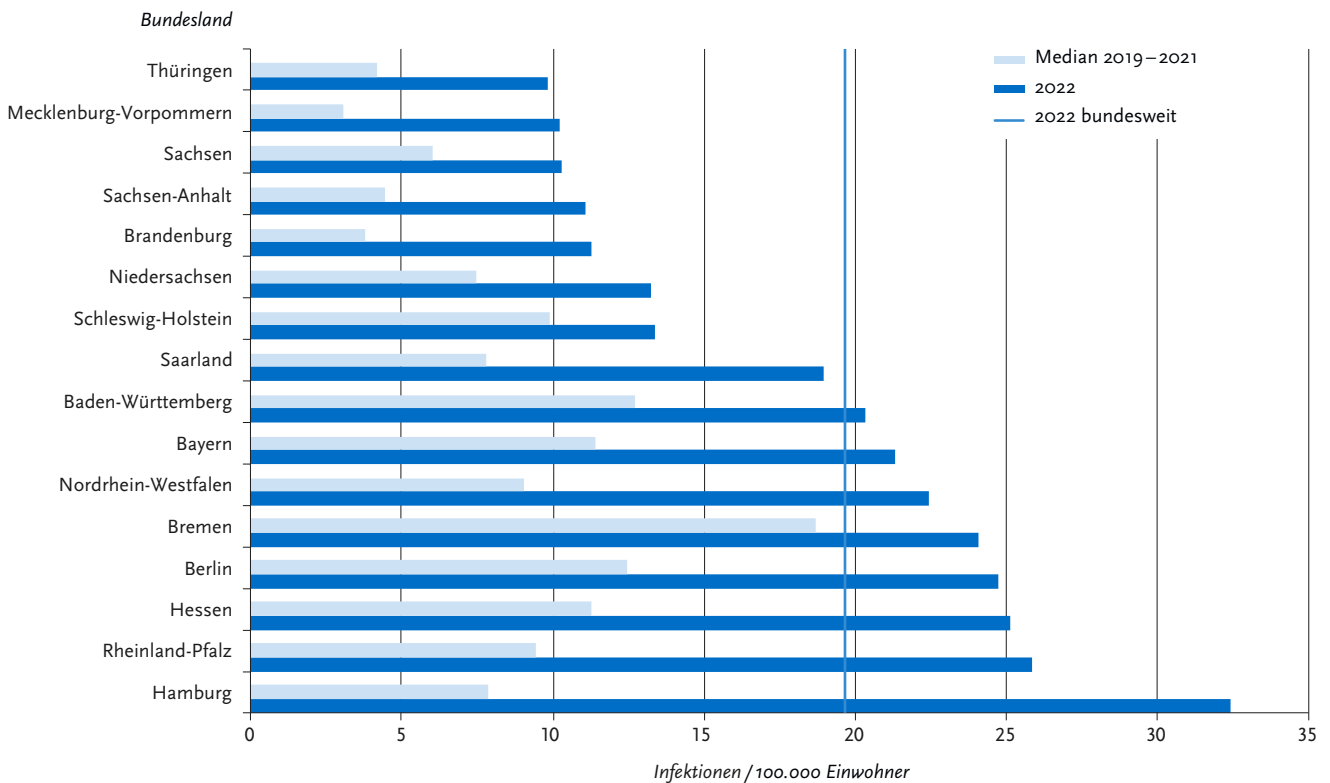
Abb. 6.24.1: Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstadium, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.24.1: Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022 und nach Infektionsstadium für 2022

Kategorie	2021		2022		Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil			
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.195	14 %	1.816	11 %	541	807	468
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4.183	49 %	8.196	50 %	370	6.478	1.348
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.215	37 %	6.354	39 %	3	2	6.349
alle	8.593	100 %	16.366	100 %	914	8.165	7.287
Referenzdefinition (C+D+E)	8.593	100 %	16.366	100 %	914	8.165	7.287

Abb. 6.24.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, 2022 (n=16.366) im Vergleich mit dem Vorjahr



Sachsen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Niedersachsen und Schleswig-Holstein mit unter 15 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.24.2). Bundesländer mit den höchsten Inzidenzen waren neben Hamburg (32) Rheinland-Pfalz (26) und Hessen (25).

Nach Infektionsstadium differenziert betragen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0,4 in Sachsen und 4,6 akuter Inf./100.000 Einw. in Hamburg. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium lagen zwischen 0,1 in Thüringen und 15 Inf./100.000 Einw. in Rheinland-Pfalz. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstadium lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 1,2 in Sachsen und 20 Inf./100.000 Einw. in Hamburg.

Bei 4.045 (25 %) der insgesamt 16.366 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfielen 65 % der Nennungen (n=2.641), gefolgt von der Ukraine (n=154), Türkei (n=121), Afghanistan (n=94), Rumänien (n=86) und Syrien (n=72).

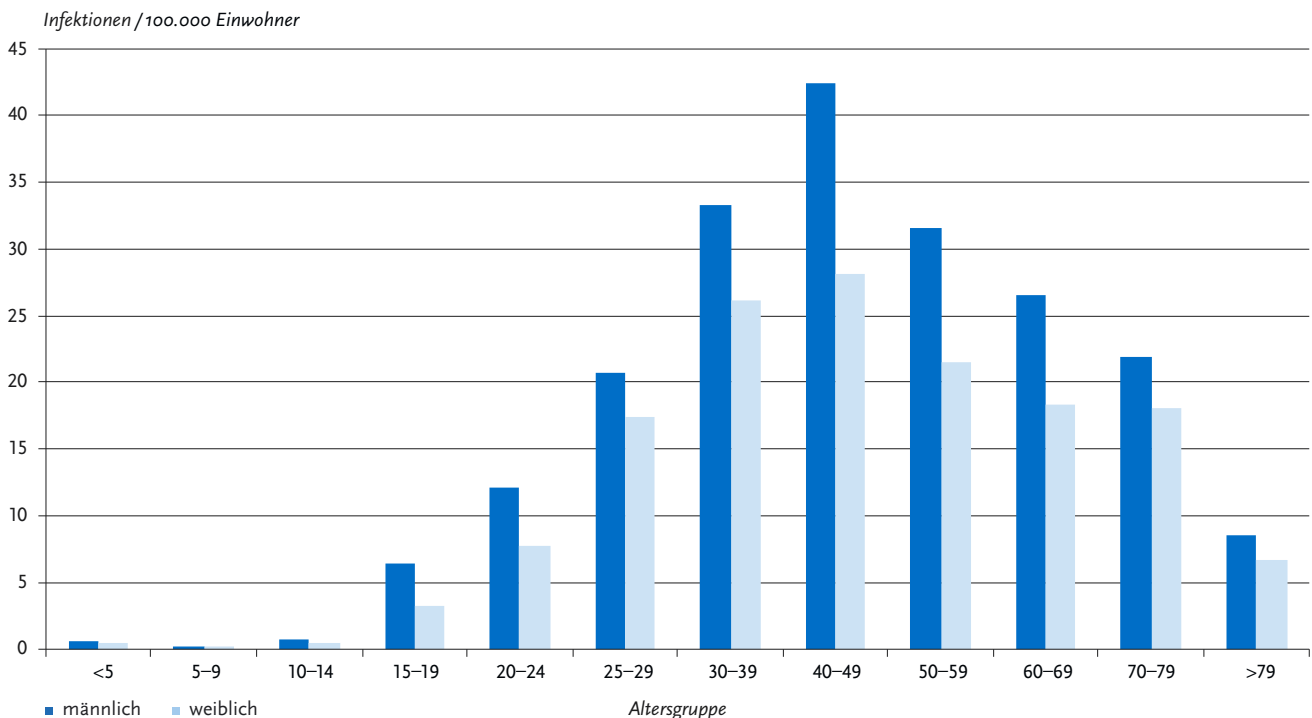
Seit der IfSG-Novellierung 2017 werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 13.311 (81 %) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 11.662 (71 %) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Deutschland wurde bei 27 % (n=3.615) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 44 % (n=5.109) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (10 %; n=1.363), Rumänien (5,2 %; n=696), Afghanistan (4,2 %; n=558) und die Russische Föderation (3,8 %; n=504) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 23 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (16). Bei Männern und Frauen war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am stärksten betroffen (Männer: 42 pro 100.000 Einw., Frauen: 28 pro 100.000 Einw.). Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) war mit 0,5 insgesamt niedrig (Abb. 6.24.3). Elf von 54 Infektionen bei Kindern unter 15 Jahren entfielen jedoch auf Kinder im ersten Lebensjahr (1,4 Inf./100.000 Einw.). Bei 4 dieser Kinder wurde Deutschland und bei einem Kind die Ukraine als Geburtsland angegeben. Bei 8 Fällen wurde als wahrscheinliche Exposition eine perinatale Übertragung übermittelt. Fehlangaben beim Alter sind insbesondere bei den Fällen ohne Angabe einer perinatalen Übertragung möglich.

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wurde nur ein kleiner Teil (6,3 bzw. 4,7 %) aller übermittelten Infektionen als akute Infektionen übermittelt. Hierbei wiesen wie im Vorjahr die 40- bis 49-jährigen Männer die höchste Inzidenz auf (2,4 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Auch bei chronischen Infektionen und Infektionen mit unbekanntem Stadium wiesen 40- bis 49-jährige Männer die höchsten Inzidenzen auf (19 chronische Infektionen pro 100.000 Einw., 21 Infektionen mit unbekanntem Stadium pro 100.000 Einwohner). Bei Frauen lag die höchste Inzidenz für akute Infektionen wie im Vorjahr bei den 30- bis 39-Jährigen (1,3 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Auch bei Infektionen mit unbekanntem Stadium wiesen 30- bis 39-jährige Frauen die höchsten Inzidenzen auf (13 Infektionen mit unbekanntem Stadium pro 100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz für chronische Infektionen wiesen 40- bis 49-jährige Frauen auf (15 chronische Infektionen pro 100.000 Einw.).

Abb. 6.24.3: Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=16.248)



Infektionsrisiken

Nur bei 555 (3,4 %) der 16.366 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Der am häufigste übermittelte wahrscheinliche Übertragungsweg im Jahr 2022 war die Wohngemeinschaft mit einem HBV-Träger (n=254 Fälle, 46 %). Als zweithäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde i.v.-Drogenkonsum bei 128 Infektionen (23 %) angegeben, darunter 2 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Als dritthäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission bei 107 Infektionen (19 %) genannt, darunter 73 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem oder einer mit Hepatitis-B-Virus infizierten Partner oder Partnerin und 34 Infektionen durch gleichgeschlechtliche sexuelle Kontakte. Des Weiteren wurde bei 49 Infektionen (8,8 %) der Erhalt von Blutprodukten, bei 9 Infektionen (1,6 %) Dialyse und bei 8 Infektionen (1,4 %) perinatale Übertragung als wahrscheinlicher Übertragungsweg genannt.

Impfstatus

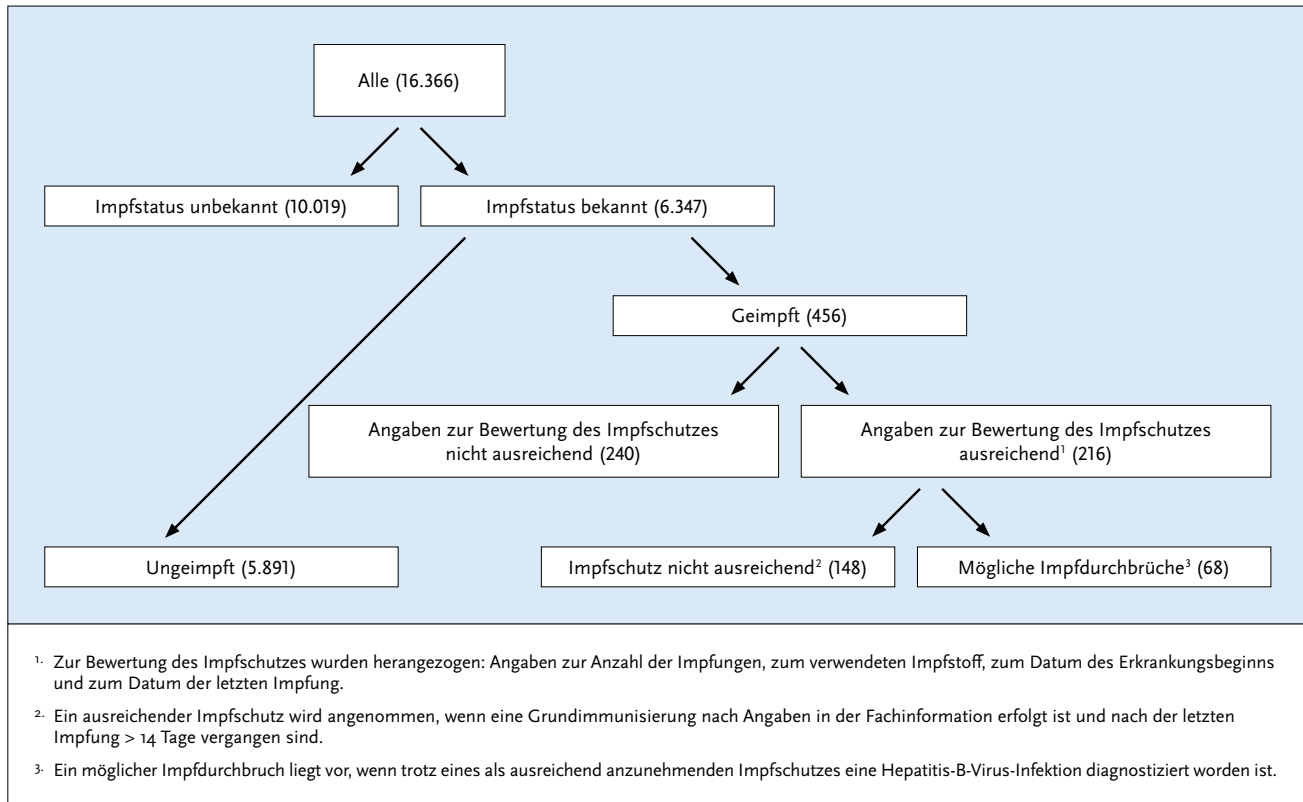
Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem i. v.-Drogengebrauchende, Gefängnisinsassen, Personen mit Sexualverhalten mit hohem Infektionsrisiko und expositionsgefährdetes Personal in medizinischen Einrichtungen). In Deutschland stehen monovalente Hepatitis-B-Impfstoffe, bivalente Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und B und hexavalente Kombinationsimpfstoffe mit Hepatitis-B-Komponente für Kinder zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff und Impfschema besteht eine vollständige Grundimmunisierung aus 3 bzw. 4 Impfdosen.

Nach vollständiger Grundimmunisierung im Kindes- bis jungen Erwachsenenalter lassen sich bei über 95 % der Geimpften schützende Antikörper nachweisen. Nach internationalen Studien kann von einem langjährigen, möglicherweise sogar lebenslangen Schutz gegen eine HBV-Infektion ausgegangen werden.

Bei 6.347 (39 %) der 16.366 übermittelten HBV-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.24.4). Von diesen 6.347 Infektionen wurden 5.891 (93 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 456 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine HBV-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 456 fehlten bei 240 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes: So lagen von 154 Infektionen keine Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen vor; bei 70 Infektionen fehlten Angaben zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn und bei 16 Infektionen fehlten genaue Angaben zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfung.

Für 216 (47 %) der 456 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 138 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren. Bei 137 dieser Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben. Bei einer Infektion fehlte die 4. Impfdosis bei Impfung mit einem hexavalenten Kombinationsimpfstoff. Weitere 10 Personen wurden nicht zeitgerecht geimpft, ihr Erkrankungsbeginn war < 14 Tage nach der letzten Impfung. Insgesamt 68 (1,1 %) Infizierte hatten einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz mit mindestens 3 Impfungen erhalten und infizierten sich zwischen 2 Monaten und 34 Jahren nach der letzten Impfung. Die vorliegenden Informationen könnten bei diesen Fällen für einen Impfdurchbruch

Abb. 6.24.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=6.347)



sprechen, wobei beachtet werden muss, dass die übermittelten Angaben für eine solche Einschätzung nur unzureichend sind: so werden in der Regel keine Angaben zu einem Ausschluss einer bereits bestehenden Hepatitis-B-Virus-Infektion vor Impfung, keine Angaben zur Kontrolle des Impferfolges nach 4 bis 8 Wochen und keine Angaben zum Abstand zwischen den einzelnen Impfungen übermittelt. Des Weiteren werden nur Angaben zum zuletzt verwendeten Impfstoff übermittelt. Vorherige Impfungen mit einem abweichenden Impfstoff werden nicht erhoben.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 6 Häufungen mit insgesamt 12 Infektionen (2 Infektionen pro Ausbruch) übermittelt. Bei 5 Häufungen war der private Haushalt als Infektionsumfeld angegeben. Bei einer Häufung war das Infektionsumfeld unbekannt.

Datenqualität

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle labor diagnostischen Nachweise einer Hepatitis B meldepflichtig, wodurch seitdem alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Zusätzlich konnten Angaben über das Stadium der Infektion erhoben werden. Seit 2019 erfüllen übermittelte Fälle mit chronischem Infektionsstadium die Referenzdefinition. Es ist möglich, dass chronische Fälle vor 2019 nicht im System erfasst wurden, weil sie zu diesem Zeitpunkt die Referenzdefinition nicht erfüllten und nun bei wiederholter Testung erneut gemeldet und übermittelt werden. Nicht erkannte chronische Infektionen könnten sich auch weiterhin in dem hohen Anteil

der übermittelten Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium verbergen. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle können nicht komplett ausgeschlossen werden und könnten ebenfalls einen Einfluss auf die Anzahl neu übermittelter Infektionen haben. Insbesondere kann eine Löschung des Personenbezugs bei wiederholter Testung dazu führen, dass Fälle mehrfach angelegt und übermittelt werden. Personenbezogenen Daten sind dann zu löschen, wenn diese zur Erfüllung der Aufgaben nicht mehr benötigt werden. Für chronische Hepatitis B mit teilweise lebenslangen Infektionen sollten diese Angaben daher ausreichend lang aufbewahrt werden.

Die Verbesserung der Datenqualität spielt hinsichtlich des Infektionsstadiums eine wichtige Rolle. Aufgrund der Änderung der Falldefinition 2015, der IfSG-Novellierung 2017 und dem Einschluss chronischer Infektionen in die Referenzdefinition 2019 sind die übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar. Trendauswertungen aller übermittelten Infektionen ohne Berücksichtigung des Infektionsstadiums sind nicht möglich.

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der IfSG-Novellierung im Juli 2017 bei Hepatitis B Angaben zum Geburtsland und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit wird es zukünftig möglich sein, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei verschiedenen Migrationspopulationen zu erhalten. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland betrug 2022 81 % und zur Staatsangehörigkeit 71 %, dies hat sich im Vergleich zum Vorjahr (Geburtsland 53 % und Staatsangehörigkeit 45 %) deutlich verbessert.

Fazit

Seit 2015 ist eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition auf Fälle ohne, mit unklarer oder unbekannter Symptomatik zu erklären sowie auch durch vermehrtes Testen von Asylsuchenden in den Jahren 2015 bis 2017.

Seit Juli 2017 sind alle Nachweise unabhängig vom Stadium der HBV-Infektion meldepflichtig. Dies könnte eine weitere Erklärung für den Anstieg der Fallzahlen sein, besonders bei den Fällen mit unbekannter Klinik.

Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2022 7.773 mehr HBV-Infektionen übermittelt (Anstieg um 90 %). Der Anstieg betraf alle Infektionsstadien, insbesondere jedoch Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium, wobei der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen im Jahr 2022 wie in den Jahren 2019 – 2021 konstant bei 6 % lag.

Mehrere Faktoren könnten einen Einfluss auf die im Jahr 2022 deutlich gestiegenen Fallzahlen haben. Die seit Oktober 2021 eingeführte einmalige Erstattung von Labordiagnostik für HBV im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung (ehemalig Check-up 35) kann zu einer erhöhten Detektion von Hepatitis-B-Fällen geführt haben. Seit Beginn des russischen Angriffskrieges gegen die Ukraine im Februar 2022 kam es zudem zu einer großen Migrationsbewegung aus der Ukraine nach Deutschland. Hepatitis B ist in der Ukraine stark prävalent. Zusätzlich könnten eine zunehmende Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten aufgrund der weiteren Entwicklung der COVID-19-Pandemie zum Anstieg der Fallzahlen beigetragen haben. Neben diesen Gründen für einen echten Anstieg der Fallzahlen müssen weitere Faktoren in Betracht gezogen werden: Seit dem 01.01.2022 sind Labore verpflichtet, über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) Erregernachweise elektronisch an die Gesundheitsämter zu melden. Damit einhergehende Veränderungen in den Arbeitsabläufen sowie technische Anpassungen könnten die Anzahl der gemeldeten Fälle beeinflusst haben. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle könnten ebenfalls eine Rolle spielen, insbesondere da die vormalig bestehende Löschvorschrift dazu geführt haben könnte, dass in Gesundheitsämtern der Personenbezug gelöscht wurde. Gesundheitsämter berichten zudem sporadisch, dass bei einem Wechsel der im Gesundheitsamt genutzten Software der Personenbezug nicht immer übertragen wird und somit bereits bekannte Hepatitis-B-Fälle erneut übermittelt werden. Der Inzidenzanstieg war in allen Bundesländern zu verzeichnen, wobei der Anstieg in Hamburg, wie im Jahr 2021, besonders hoch war. Hier scheint neben den oben genannten Gründen ein Wechsel eines der zwei größten infektiologischen Behandlungszentren zu einem neuen Laboratorium im Jahr 2021 mit Meldung z. T. alter Fälle, die noch nicht in der Datenbank des neuen Labors sind, ebenfalls zum Anstieg beigetragen zu haben.

Eine Differenzierung nach Infektionsstadium zeigte, dass die höchsten Inzidenzen akuter Infektionen bei Männern im Alter von 40 bis 49 Jahren und bei Frauen im Alter von 30 bis 39 Jahren lagen und wahrscheinlich zum größten Teil auf sexuelle Übertragungswege hindeuten.

Eine differenzierte Übermittlung und Auswertung der HBV-Infektionen nach Infektionsstadium ist für eine bessere Beschreibung und Eingrenzung von Bevölkerungsgruppen mit erhöhtem Risiko für Neuinfektionen (meist akute Infektionen) oder erhöhter Prävalenz (z. B. unerkannte chronischen Infektionen) von entscheidender Bedeutung.

Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben. Um diese zu erreichen, besteht insbesondere bei diesen Gruppen weiterer Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und dem Zugang zur Behandlung. Es wird empfohlen, alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie weitere definierte Risikogruppen konsequent zu impfen, insbesondere bei Sexualverhalten mit hoher Infektionsgefährdung oder injizierendem Drogengebrauch.

Literaturhinweise

- Biallas R, Steffen G, Burdi S, et al.: *Anstieg der übermittelten Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Fälle in Deutschland im Jahr 2022*. *Epid Bull.* 2023. <https://doi.org/10.25646/11669>
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. *Bundesgesundheitsbl.* 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Steffen G, Sperle I, Harder T, et al.: *Hepatitis B vaccination coverage in Germany: systematic review*. *BMC Infect Dis* 2021. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06400-4>
- Boes L, Houareau C, Altmann D, et al.: *Evaluation of the German surveillance system for hepatitis B regarding timeliness, data quality, and simplicity, from 2005 to 2014*. *Public Health* 2020; 180:141 – 148.
- Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review*. *PLoS One* 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166>
- von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, Altmann D, Zimmermann R, Dudareva S: *Implications of a change in case definition and screening of asylum seekers for hepatitis B surveillance in Germany in 2015 and 2016*. *Epidemiol Infect* 2020. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000242>
- Poethko-Müller C, Kuhnert R, Lassen SG, Siedler A: *Durchimpfung von Kindern und Jugendlichen in Deutschland: Aktuelle Daten aus KiGGS Welle 2 und Trends aus der KiGGS-Studie*. *Bundesgesundheitsbl.* 2019; 62:410 – 421.
- Poethko-Müller C, Zimmermann R, Hamouda O, et al.: *Die Seroepidemiologie der Hepatitis A, B und C in Deutschland: Ergebnisse der Studie zur Gesundheit Erwachsener in Deutschland (DEGS1)*. *Bundesgesundheitsbl.* 2013; 56:707 – 715.
- Cai W, Poethko-Müller C, Hamouda O, Radun D: *Hepatitis B virus infections among children and adolescents in Germany: migration background as a risk factor in a low seroprevalence population*. *Pediatr Infect Dis J* 2011; 30:19 – 24.
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. *Epid Bull* 2023; 14:1 – 194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022; 48:3 – 25. [DOI 10.25646/10838](https://doi.org/10.25646/10838)
- Schranz M, Ullrich A, Rexroth U, et al.: *Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020)*. *Epid Bull* 2021; 7:3 – 7. <https://doi.org/10.25646/8011>
- Behne AL, Brandl M, Wohlleben J, et al.: *Virushepatitis B und D im Jahr 2021*. *Epid Bull* 2022; 30:3 – 21. <https://doi.org/10.25646/10328>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.25 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 7.951
- ▶ Anzahl der Fälle im Vergleich zum Vorjahr deutlich gestiegen – verschiedene Ursachen
- ▶ Großteil der Infektionen wahrscheinlich in Deutschland erworben
- ▶ Höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen
- ▶ Wichtigster Übertragungsweg: intravenöser Drogengebrauch

Kurzbeschreibung

Hepatitis C ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-C-Viren (HCV) ausgelöste Leberentzündung, die parenteral übertragen wird. Ohne Therapie nimmt die Infektion in 50 bis 85 % der Fälle einen chronischen Verlauf, der über Jahrzehnte zum narbigen Umbau der Leber bis hin zur Leberzirrhose führt und ein Leberzellkarzinom verursachen kann. Auch extrahepatische Manifestationen können bei einer Hepatitis-C-Infektion auftreten. Aufgrund des häufig unbekanntes Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C, jedoch eine hochwirksame antivirale orale Therapie, die genotypübergreifend eingesetzt wird. Die meisten Infektionen können so geheilt und damit auch Übertragungen verhindert werden. Deutschland hat sich dem WHO-Ziel verschrieben, die virale Hepatitis als Bedrohung der öffentlichen Gesundheit bis zum Jahr 2030 zu eliminieren.

Falldefinition

Da die Mehrzahl der Hepatitis-C-Infektionen unspezifisch verläuft, umfasst die Referenzdefinition alle Fälle einer HCV-Infektion mit Labornachweis, unabhängig vom klinischen Bild. Daher beinhaltet die Gesamtheit der Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten) (s. Tab. 6.25.1).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Im Juli 2017 trat eine Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist. Dadurch werden nicht nur akute Infektionen, sondern auch Re-Infektionen sowie Infektionen im chronischen Stadium im Meldesystem erfasst. Erfolgen im Verlauf einer Infektion mehrere

Erregernachweise, werden diese zu einem Fall zusammengeführt. Obwohl chronische Infektionen erfasst werden, sollten nur erstmals an das Gesundheitsamt gemeldete Infektionen erfasst werden, sodass im Folgenden von Inzidenzen gesprochen wird.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden insgesamt 7.951 Hepatitis-C-Infektionen übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 9,6 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (5,7) deutlich gestiegen.

Nach einem abnehmenden Trend der Fallzahlen von Hepatitis-C-Infektionen seit 2004 kam es (mit vermehrter Diagnostik und Fallfindung aufgrund neuer Therapieoptionen wieder zu einem kurzfristigen Anstieg im Jahr 2014. Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 bewegten sich die jährlich übermittelten Fallzahlen unterhalb von 5.000 und stiegen dann nach Änderung der Meldepflicht in den beiden Jahren 2018 und 2019 deutlich an. Nach niedrigeren Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 wurde 2022 erstmals wieder ein deutlicher Anstieg der übermittelten Hepatitis-C-Fälle verzeichnet. (s. Abb. 6.25.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 4,3 Infektionen 100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern und 14 in Hamburg (s. Abb. 6.25.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 9,6 lagen neben Hamburg auch Nordrhein-Westfalen (12), Schleswig-Holstein (11), Berlin (11) und Baden-Württemberg (10). Die Inzidenz in Bayern entsprach der bundesweiten Inzidenz.

Ein Inzidenzanstieg war in allen Bundesländern zu verzeichnen, am stärksten war dieser in Hamburg, gefolgt von Nordrhein-Westfalen und dem Saarland (s. Abb. 6.25.2).

Bei 1.896 (24 %) der übermittelten HCV-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde am häufigsten genannt (n=1364; 71 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland), gefolgt von der Ukraine (n=317; 16 %). Seit 2017 werden Angaben zum Geburtsland und zur Staatsangehörigkeit an das RKI übermittelt. Für etwa die Hälfte der übermittelten Fälle wurden Angaben zum Geburtsland (n=4.123; 52 %) bzw. zur Staatsangehörigkeit (n=3.859; 49 %) übermittelt. Von den Fällen mit Angabe zum Geburtsland waren 47 % in Deutschland geboren (n=1.939), 18 % in der Ukraine (n=733), 4,9 % in der Russischen Föderation (n=201), gefolgt von Kasachstan (n=151; 3,7 %), Polen (n=142; 3,4 %) sowie Rumänien (n=88) und Georgien (n=86) mit je 2,1 %. Von den Fällen mit Angabe zur

Tab. 6.25.1: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	830	17 %	1.268	16 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.845	39 %	3.364	42 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.085	44 %	3.319	42 %
alle	4.760	100 %	7.951	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	4.760	100 %	7.951	100 %

Abb. 6.25.1: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022 und Infektionsstadium (akut, chronisch, unbekannt) 2014 bis 2022

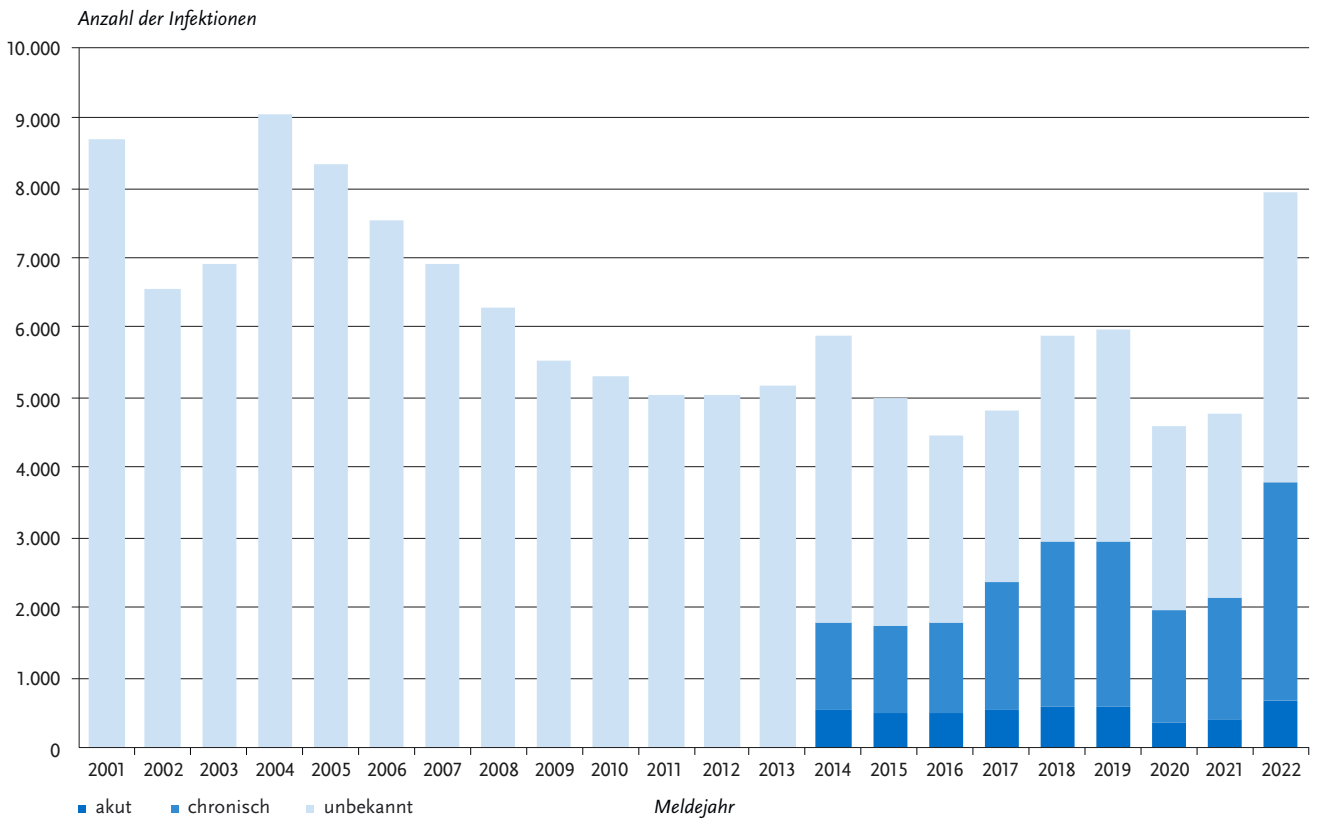
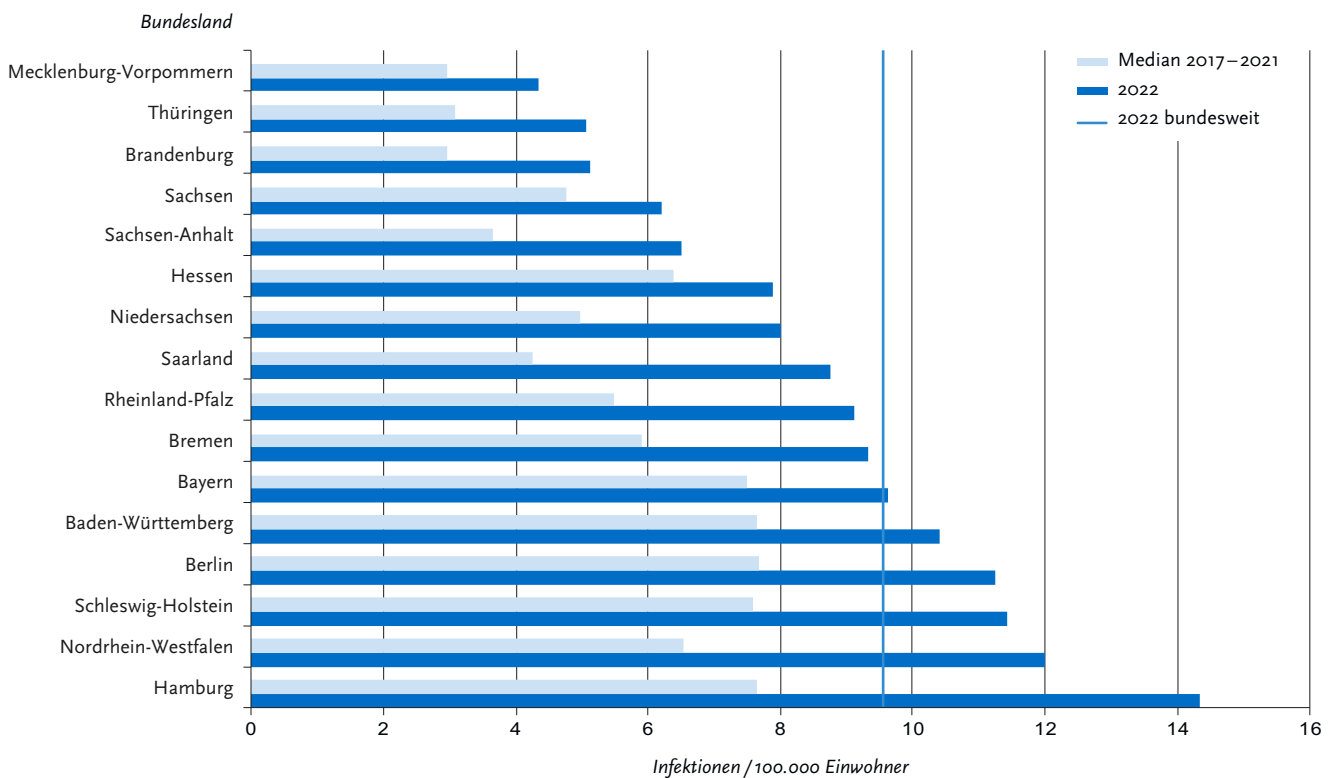


Abb. 6.25.2: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=7.951) im Vergleich mit den Vorjahren



Staatsangehörigkeit war bei 57 % die deutsche Staatsangehörigkeit ($n=2.214$) genannt, gefolgt von der ukrainischen ($n=689$; 18 %), russischen ($n=90$; 2,3 %), polnischen ($n=84$; 2,2 %) und georgischen ($n=71$; 1,8 %) Staatsangehörigkeit.

Demografische Verteilung

Bei 7.913 (99,5 %) der übermittelten HCV-Infektionen wurden Angaben zum Alter und Geschlecht übermittelt. Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 12 Infektionen/100.000 Einw. deutlich höher als in der weiblichen (7,4), jedoch ist der Anteil der weiblichen Fälle an allen Fällen mit Angabe von 32 % im Jahr 2021 auf 39 % im Berichtsjahr angestiegen. Die mit Abstand höchste Inzidenz war mit 29 Infektionen/100.000 Einw. bei Männern der Altersgruppe 40 – 49 (im Vergleich zu 18 im Vorjahr) zu verzeichnen. Der mit 13 Infektionen/100.000 Einw. deutlich geringere Inzidenzgipfel bei den Frauen lag ebenfalls bei den 40-bis 49-Jährigen. Wie in den Vorjahren waren wiederum Frauen in den höheren Altersgruppen über 70 Jahre mit einer Inzidenz von 8,5 Infektionen/100.000 Einw. stärker betroffen als Männer (5,8). Von den Fällen mit Angaben zu Alter und Geschlecht waren 95 % 30 Jahre und älter, im Vergleich zu 92 % im Vorjahr. (s. Abb. 6.25.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) ist mit 0,2 Infektionen/100.000 Einw. (entsprechend 18 übermittelten Infektionen) gering und ist im Vergleich zum Vorjahr ($n=12$) wieder angestiegen.

Klinische Aspekte

Von den übermittelten Fällen im Jahr 2022 wurden bei 48 % Angaben zum vermutlichen Stadium der Infektion bei der Diag-

nose gemacht, bei den anderen Fällen wurde das Stadium nicht erhoben oder war nicht ermittelbar. Von den Infektionen mit Angaben wurde etwa ein Fünftel als akute Infektion eingestuft ($n=680$; 18 %) und 82 % als chronisch ($n=3.132$). Der jährliche Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen bewegte sich seit 2014 zwischen 8,0 % und 11 %, im vorliegenden Berichtsjahr lag er bei 8,6 % (s. Abb. 6.25.1.).

Bei insgesamt 1.271 Fällen (16 %) wurden Angaben zu klinischen Symptomen übermittelt. Erhöhte Serumtransaminasen wurden bei 65 % ($n=992$) dieser Fälle angegeben, in 27 % ($n=413$) Oberbauchbeschwerden und in 7,9 % ($n=120$) ein ikterischer Verlauf.

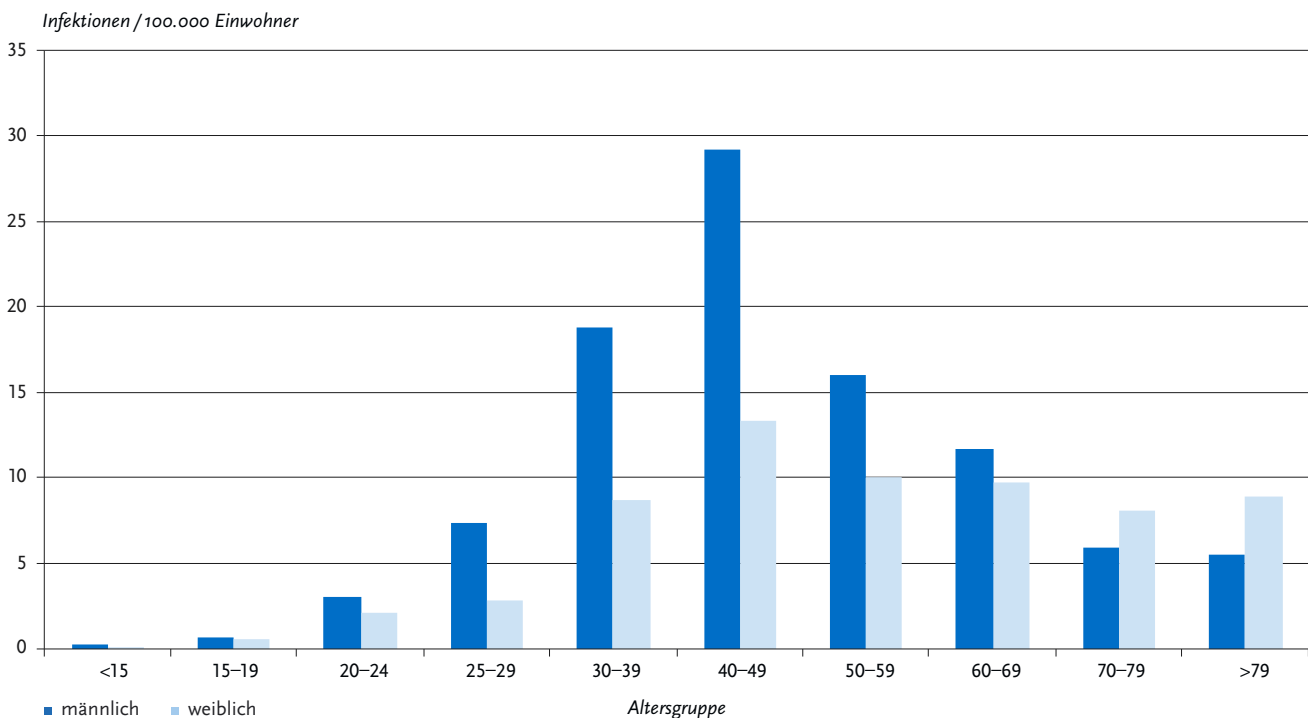
Im Jahr 2022 war für 3 Fälle angegeben, dass sie an der Hepatitis-C-Infektion verstorben seien. Bei 23 Fällen war angegeben, dass sie aufgrund anderer oder unbekannter Ursache verstorben seien.

Infektionsrisiken

Für die Auswertung des wahrscheinlichsten Übertragungswegs wurden Mehrfachangaben auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert. Eine Angabe zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lag bei 1.455 Infektionen (18 %) vor.

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C stand, wurde in knapp 60 % der Fälle mit Angabe zur Transmission angegeben ($n=854$ Infektionen; 59 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg). Von diesen lag bei 42 Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor. Fälle mit Angabe i. v.-Drogenkonsum machten 71 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg unter Männern aus. Nosokomiale

Abb. 6.25.3: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 ($n=7.913$)



Übertragungen wurden bei einem Viertel ($n=360$; 25 %) der HCV-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg angegeben. Diese verteilten sich auf den Erhalt von Blut und Blutprodukten ($n=198$, Erhalt im Ausland oder vor 1992), operativ-diagnostische Eingriffe ($n=93$), medizinische Injektionen im Ausland ($n=62$), Dialyse ($n=4$) und Organtransplantation ($n=3$). Bei 86 Fällen (5,9 %) war als wahrscheinlichster Übertragungsweg »Piercing oder Tattoo«, bei 39 Fällen (2,7 %) »Wohngemeinschaft mit Virusträger«, und bei 21 Fällen (1,4 %) »Berufliche Exposition« angegeben. Sexuelle Übertragung zwischen Männern wurde in 43 Fällen (3,0 % aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 4,4 % derjenigen bei Männern) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben. »Heterosexueller Kontakt mit einem/einer HCV-positiven Partner/in« wurde bei insgesamt 48 Infektionen bei Frauen und Männern (3,3 %) angegeben. Eine perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 4 Infektionen (0,3 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Fällen übermittelt.

Datenqualität

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. HCV-Infektionen verlaufen häufig unbemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten HCV-Infektionen erlauben daher keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, es sei denn, dem Gesundheitsamt liegen zusätzliche Informationen (anamnestische Informationen seitens des Arztes, labordiagnostische Konstellation wie nachgewiesene Serokonversion) vor. Angaben zum Stadium der Infektion werden erst seit dem Jahr 2012 strukturiert erhoben und sind in der Abb. 6.25.1 ab dem Jahr 2014 dargestellt.

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 werden nur noch Fälle mit Laborparametern, die für eine aktive HCV-Infektion sprechen, übermittelt. Dies ermöglicht eine Annäherung an die wahre Inzidenz von Neudiagnosen. Allerdings werden damit mögliche Fälle, die nach einem positiven Antikörper-Screening nicht der weiteren Diagnostik mittels direktem Erregernachweis zugeführt wurden, nicht erfasst. Da sich die Therapieoptionen in den letzten Jahren sehr stark verbessert haben, ist jedoch davon auszugehen, dass in Deutschland die Diagnostik in den meisten Fällen vollständig durchgeführt wird. Auf der anderen Seite kann es durch die Erweiterung der Meldepflicht 2017 auf alle Nachweise von HCV zu einer verstärkten Mehrfachmeldung von Nachweisen ein und derselben Person bei wiederholter Testung kommen. In den Gesundheitsämtern werden Meldungen, die sich auf den gleichen Fall beziehen, in der Regel erkannt und zusammengeführt. Dennoch kann nicht ausgeschlossen werden, dass es zu Doppelerfassungen kommt. Auch kann die Löschung des Personenbezugs bei wiederholter Testung dazu führen, dass Fälle mehrfach angelegt und übermittelt werden. Die zuvor geltende gesonderte Löschvorschrift nach 3 Jahren für personenbezogene Daten bei der Hepatitis C ist mit der IfSG-Änderung 2017 entfallen, seitdem gilt wie für alle Erreger die Regel, dass die personenbezogenen Daten vom Gesundheitsamt dann zu löschen sind, wenn diese zur Erfüllung der Aufgaben nicht mehr benötigt werden. Aufgrund der Änderung der Falldefini-

tion 2015 und Meldepflicht 2017 sind die übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar, so dass Trendauswertungen nur mit Einschränkungen möglich sind.

Fazit

Die Inzidenz und die Anzahl übermittelter HCV-Infektionen im Jahr 2022 sind im Vergleich zu den beiden Vorjahren deutlich angestiegen, wobei der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten stabil geblieben ist.

Es zeigt sich im Jahr 2022 eine leichte Verschiebung der Alters- und Geschlechtsverteilung der übermittelten Fälle, mit einem höheren Anteil an Frauen und über 30-Jährigen im Vergleich zum Vorjahr. Dies könnte auf eine verstärkte Fallfindung durch das neu eingeführte Hepatitis-B- und -C-Screening im Rahmen des medizinischen Check-ups hindeuten. Seit Oktober 2021 können sich in Deutschland alle Versicherten im Alter über 35 Jahren kostenlos einmalig auf HCV testen lassen. Weitere Gründe für den Anstieg der Hepatitis-C-Fallzahlen liegen vermutlich zum einen in der vermehrten Diagnosestellung bei Menschen, die seit Beginn des russischen Angriffskrieges im Februar 2022 aus der Ukraine nach Deutschland geflüchtet sind. Zudem kam es möglicherweise aufgrund der COVID-19-Pandemie aus diversen Gründen zu einem Absinken der Fallzahlen (s. Kap. 4). Dieser Effekt war im Jahr 2022 nicht mehr so ausgeprägt, was wiederum zu einem Anstieg der Fallzahlen auf das Niveau der Vorpandemiejahre geführt hat. So wurden im Jahr 2022 die Testangebote vermutlich wieder verstärkt in Anspruch genommen, auch das Risikoverhalten kann sich wieder geändert haben.

Neben Gründen für einen echten Anstieg der Fallzahlen müssen weitere Faktoren in Betracht gezogen werden: Gesundheitsämter berichten sporadisch, dass bei einem Wechsel der im Gesundheitsamt genutzten Software der Personenbezug nicht immer übertragen wird und somit bereits »bekannte« chronische Hepatitis-C-Fälle erneut übermittelt werden. Auch kann die bis 2017 bestehende Löschvorschrift dazu geführt haben, dass in Gesundheitsämtern der Personenbezug frühzeitig gelöscht wurde. Schließlich hat die Umstellung auf die Labormeldung nach dem Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) im Januar 2022 ggf. zu anderen Arbeitsweisen auf lokaler Ebene oder weiteren technischen Herausforderungen geführt.

Der Inzidenzanstieg war in allen Bundesländern zu verzeichnen, wobei in Hamburg dieser überdurchschnittlich hoch war. Hier scheint neben den oben genannten Gründen ein Laborwechsel eines großen infektiologischen Zentrums im Jahr 2021 mit Meldung z. T. alter Fälle, die noch nicht in der Datenbank des neuen Labors sind, verantwortlich zu sein. Da aus Datenschutzgründen bereits eine Löschung der personenbezogenen Daten von älteren Fällen erfolgt war, konnten die durch das neue Labor gemeldeten Fälle auf Gesundheitsamtsebene nur eingeschränkt mit alten Fällen abgeglichen werden.

Die Tatsache, dass Männer häufiger als Frauen Drogen konsumieren und dies der am häufigsten berichtete Übertragungsweg ist, erklärt unter anderem die erheblich höhere Hepatitis-C-Inzidenz bei Männern, die sich auch in diesem Jahr zeigte. In den höheren Altersgruppen gleichen sich die Inzidenzen bei Frauen und Männern an, was mit einem höheren Anteil nosokomial übertragener Infektionen bei Frauen v. a. im Rahmen von Bluttransfusionen vor Einführung der diagnostischen Testung von Blutprodukten zusammenhängen kann.

Um sich dem Ziel der Elimination anzunähern, sollten insbesondere Gruppen, in denen aktuell Infektionen übertragen werden, wie Drogengebrauchende, Inhaftierte, Menschen, die sexuelle Risiken eingehen und Menschen aus Hochprävalenzländern, verstärkt ein Testangebot und die Möglichkeit einer Behandlung und Prävention erhalten.

Literaturhinweise

- Biallas R, Steffen G, Burdi S, et al.: *Anstieg der übermittelten Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Fälle in Deutschland im Jahr 2022*. *Epid Bull.* 2023. <https://doi.org/10.25646/11666>
- Tergast TL, Blach S, Tacke F, et al.: *Updated epidemiology of hepatitis C virus infections and implications for hepatitis C virus elimination in Germany*. *J Viral Hepat* 2022. <https://doi.org/10.1111/jvh.13680>
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. *Bundesgesundheitsbl* 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Krings A, Schmidt D, Meixenberger K, et al.: *Decreasing prevalence and stagnating incidence of Hepatitis C-coinfection among a cohort of HIV-1-positive patients, with a majority of men who have sex with men, in Germany, 1996 – 2019*. *J Viral Hepat* 2022. <https://doi.org/10.1111/jvh.13670>
- ECDC: *Hepatitis C prevalence database*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/hepatitis-c/tools/hepatitis-c-prevalence-database>
- Zimmermann R, Külper-Schiek W, Steffen G, et al.: *Wie lässt sich die Eliminierung von Hepatitis B, C und D in Deutschland messen? Ergebnisse eines interdisziplinären Arbeitstreffens*. *Bundesgesundheitsbl* 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-020-03260-2>
- Hüppe D, Niederau C, Serfert Y, Hartmann H, Wedemeyer H: *Versorgungsprobleme von Patienten mit chronischer Hepatitis C während der COVID-19 Pandemie und der Lockdown-Verordnungen*. *Z Gastroenterol* 2020. <https://doi.org/10.1055/a-1291-8518>
- Berufsverband niedergelassener Gastroenterologen: *Empfehlungen des bng zur Therapie der chronischen Hepatitis C – Update November 2020*. <https://www.bng-gastro.de>
- Steffen G, Weber C, Cawley C, et al.: *Prävalenz von sexuell und durch Blut übertragbaren Infektionen und Tuberkulose bei Menschen in Wohnungslosigkeit in Berlin – Erste Ergebnisse der Pilotstudie POINT*. *Epid Bull* 2022; 13:25 – 32. <https://doi.org/10.25646/9856>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.26 Hepatitis D

Kurzbeschreibung

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

Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der Falldefinition im Jahr 2015 die Referenzdefinition um die Fälle der Falldefinitionskategorien D und E erweitert (siehe Tab. 6.26.1). Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von Hepatitis-D-Virus meldepflichtig ist, sodass alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Somit werden auch chronische Infektionen übermittelt, werden aber in der Statistik nicht in akut und chronisch unterschieden.

Situation in Deutschland

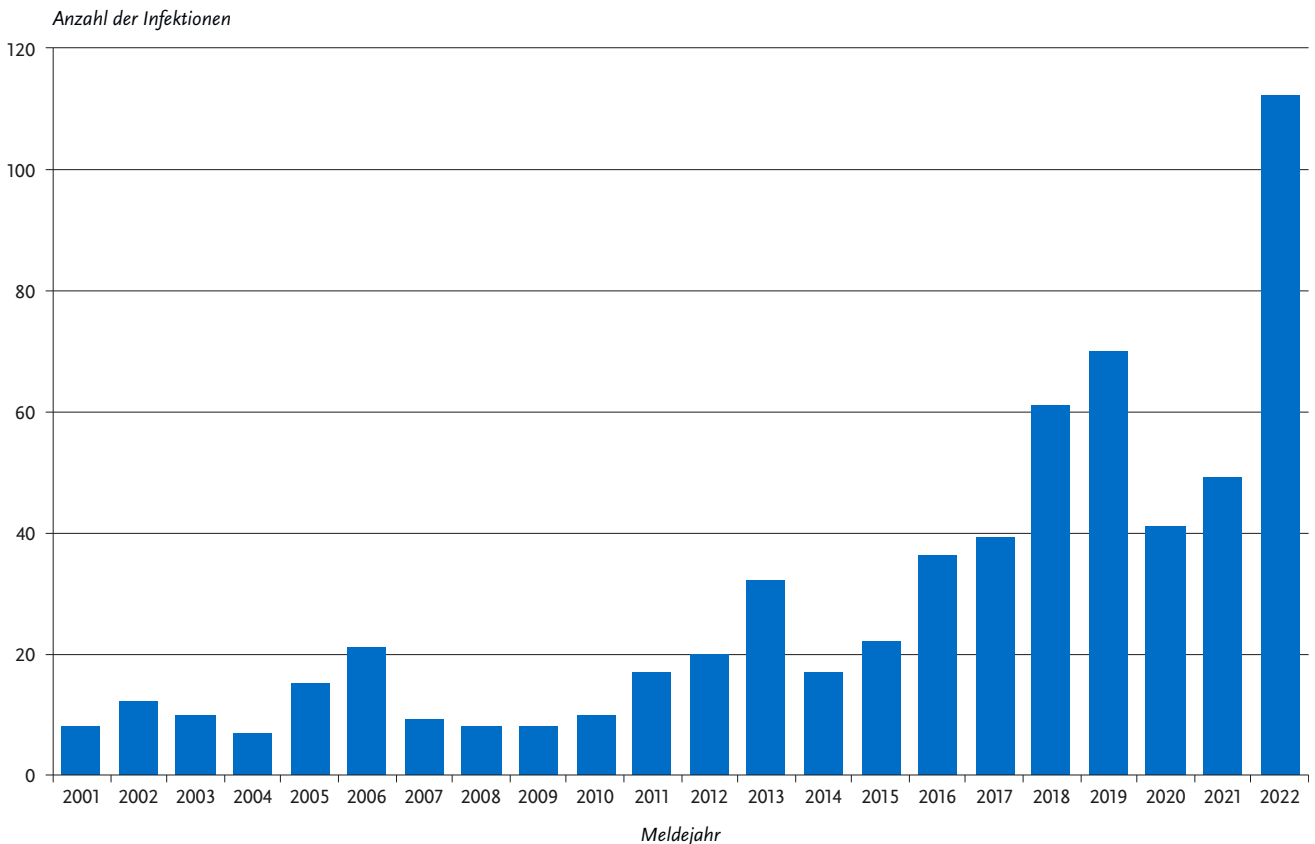
Im Jahr 2022 wurden 112 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.26.1). Die 112 Infektionen wurden aus 14 Bundesländern (je ein bis 29 Infektionen) übermittelt. Bei 32 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Als wahrscheinliches Infektionsland wurde 15-mal Deutschland genannt. Von den 112 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 62 (55 %) Männer und 49 (44 %) Frauen, bei einem Fall war das Geschlecht unbekannt. Ca. ein Drittel der Fälle (35) traten in der Altersgruppe der 40 – 49-jährigen Erwachsenen auf, in dieser Altersgruppe war mit 0,4 Infektionen/100.000 Einwohner auch die Inzidenz am höchsten.

Nach Falldefinitionsänderung im Jahr 2015 und Änderung der Meldepflicht im Jahr ist ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.26.1). Es ist nicht auszuschließen, dass es sich auch um nachgemeldete Fälle handelt, die seit längerer Zeit eine chronische Hepatitis-D-Infektion aufweisen. Dies betrifft insbesondere Fälle in den Falldefinitionskategorien D und E. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken. Im Vergleich zum Jahr 2019 wurden im Jahr 2020 und 2021 weniger Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, wahrscheinlich in Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie (s. Kap. 4). Im Jahr 2022

Tab. 6.26.1: Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	14	29 %	24	21 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	27 %	50	45 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	22	45 %	38	34 %
alle	49	100 %	112	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	49	100 %	112	100 %

Abb. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



ist dagegen wieder ein Anstieg zu beobachten. Möglicherweise steht dieser in Zusammenhang mit dem Anstieg von übermittelten Hepatitis-B-Fällen, der unterschiedliche Ursachen haben kann (s. Kap. 6.24).

Literaturhinweise

- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Urban S, Neumann-Haefelin C, Lampertico P: *Hepatitis D virus in 2021: virology, immunology and new treatment approaches for a difficult-to-treat disease*. Gut 2021. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2020-323888>
- Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review*. PLoS One 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166>
- RKI (2018): *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Infektionsschutzgesetz und Meldewesen*. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html

6.27 Hepatitis E



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 3.506
- ▶ Stabilisierung der jährlichen Fallzahlen in den letzten Jahren, bis 2019 deutliche Zunahme
- ▶ Die meisten Infektionen (91 %) wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern über 60 Jahren

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis E wird durch das Hepatitis-E-Virus verursacht und tritt als akut verlaufende Leberentzündung weltweit auf. Chronische Infektionen werden bei stark immunsupprimierten Personen beobachtet. In Europa und vielen anderen Staaten, in denen das Schwein zur Fleischproduktion genutzt wird, stellt die zoonotische Übertragung des Genotyps 3 und 4 durch Schweinefleisch und Schweinefleischprodukte auf den Menschen den wahrscheinlich wichtigsten Infektionsweg dar. In den Ländern Südost- und Zentralasiens, im Nahen Osten, in Nord- und Westafrika sowie in Mittelamerika (z. B. Mexiko) spielen die Genotypen 1 und 2 und mit menschlichen Fäkalien verunreinigtes Trinkwasser eine bedeutende Rolle. Weitere Genotypen des Virus können bei einer ganzen Reihe unterschiedlicher Tierspezies nachgewiesen werden. Inwiefern diese für die Epidemiologie der Hepatitis E in Deutschland eine Rolle spielen ist nicht abschließend geklärt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.27.1).

Zeitlicher Verlauf

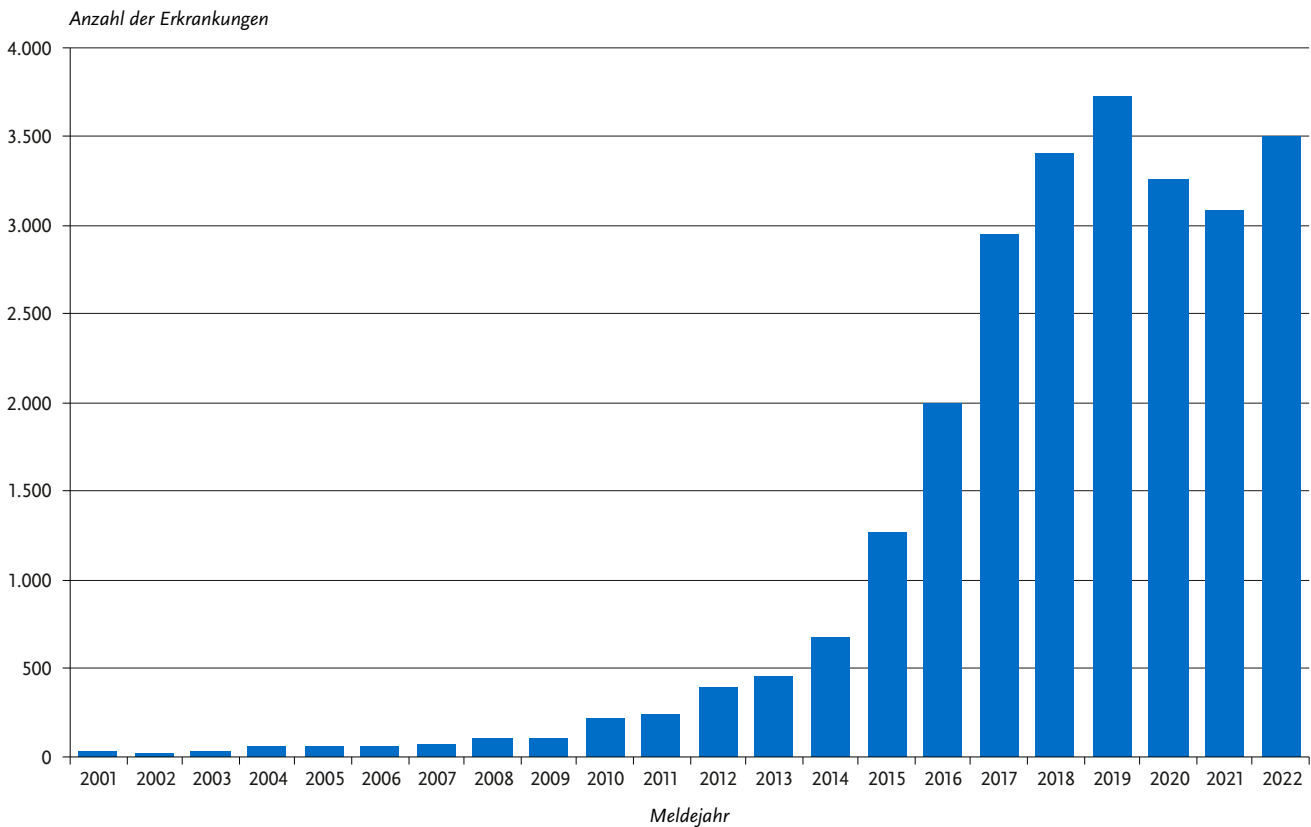
Im Jahr 2022 wurden dem RKI insgesamt 3.506 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (3.079 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 13,9 %. Nach dem starken Anstieg zwischen 2001 und 2019 scheinen sich die jährlichen Fallzahlen in den letzten Jahren zu stabilisieren (s. Abb. 6.27.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 2022 4,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit Maximum zwischen Frühjahr und Herbst ist erkennbar.

Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (11,8 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (8,9), Thüringen (8,5), Brandenburg (7,2), Sachsen (6,8), dem Saarland (5,7) und Rheinland-Pfalz (4,8) erfasst.

Bei 1.876 Erkrankten (54 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.27.2). Von den 1.929 Nennungen entfielen 91 % auf Deutschland. Dieser Anteil liegt noch immer etwas höher als vor der COVID-19-Pandemie (2019: 85 %).

Abb. 6.27.1: Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.27.1: Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.079	41 %	3.505	41 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.012	26 %	2.360	27 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.502	33 %	2.764	32 %
alle	7.593	100 %	8.630	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.079	41 %	3.506	41 %

Tab. 6.27.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, 1.876 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

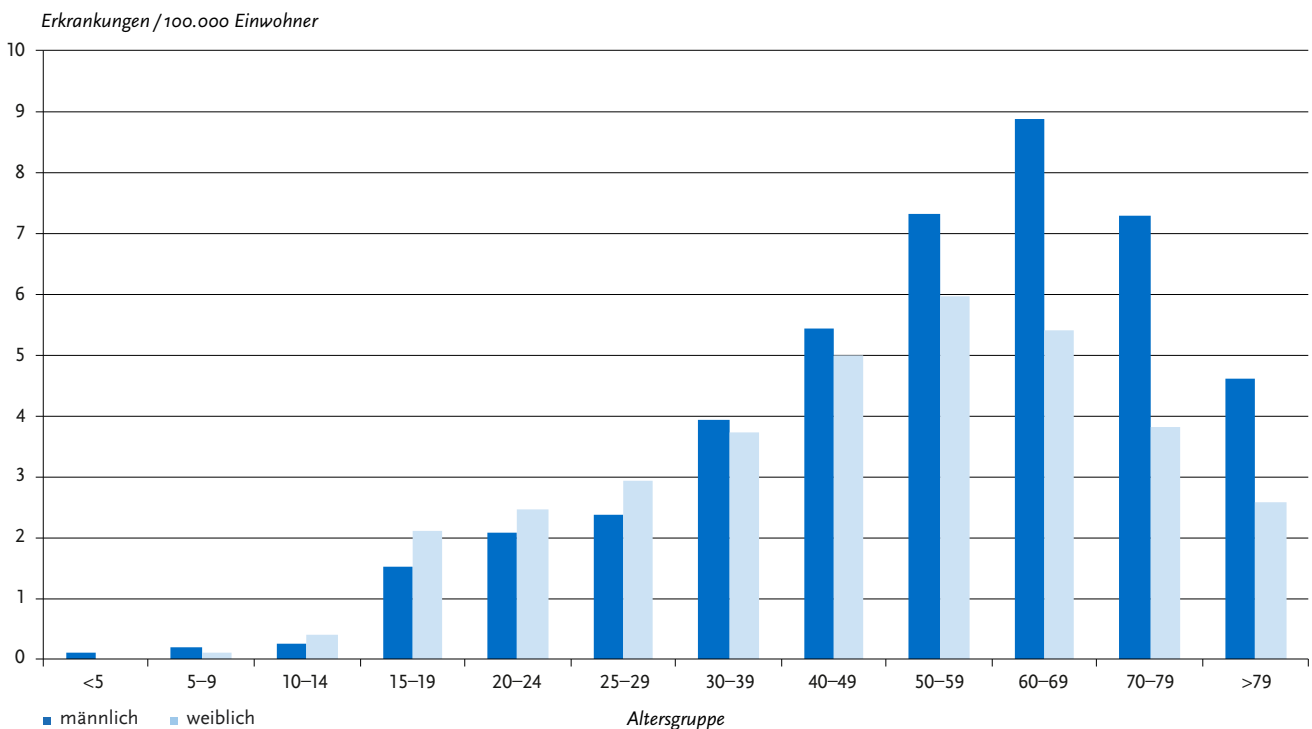
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.747	91 %
Italien	28	1 %
Spanien	27	1 %
Ägypten	17	1 %
Frankreich	12	1 %
Griechenland	11	1 %
Kroatien	7	0 %
Portugal	6	0 %
Türkei	6	0 %
Vereinigte Staaten	4	0 %
Dänemark	4	0 %
Niederlande	4	0 %
Andere	56	3 %
Summe	1.929	100 %

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.562 der übermittelten Erkrankungen (73 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 1.948 Erkrankungen waren Männer (56 %) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (8,9 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.27.2).

Abb. 6.27.2:

Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2022 (n=3.505)



Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 894 (26 %, geringfügig mehr als im Vorjahr) der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 13 Todesfälle (Vorjahr: 7) übermittelt. Betroffen waren 9 Männer und 4 Frauen im Alter von 59 bis 86 Jahren.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 4 Häufungen mit insgesamt 8 Erkrankungen übermittelt.

Datenqualität

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

Fazit

Die Hepatitis E wurde in Deutschland bis 2019 zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzteschaft und häufigere Diagnostik zurückzuführen ist. Während der letzten Jahre haben sich die jährlichen Fallzahlen stabilisiert.

Literaturhinweise

- Faber M, Wenzel JJ, Erl M, Stark K, Schemmerer M: No evidence for Orthohepevirus C in archived human samples in Germany, 2000 – 2020. *Viruses*. 2022. <https://doi.org/10.3390/v14040742>
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland. *Bundesgesundheitsbl* 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Johne R, Althof N, Nöckler K, Falkenhagen A: Das Hepatitis-E-Virus – ein zoonotisches Virus: Verbreitung, Übertragungswege und Bedeutung für die Lebensmittelsicherheit. *Bundesgesundheitsbl* 2022. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03476-w>

Faber M, Askar M, Stark K: *Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.19.00469>

Faber M, Willrich N, Schemmerer M, et al.: *Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population*. J Viral Hepat 2018; 18:1654–1657.

RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.28 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2022: 3.239
- ▶ Zunahme der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 69 % der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Inzidenzen in den Altersgruppen 25 bis 49 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- ▶ Bei 86 % der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon die Hälfte bei Männern, die Sex mit Männern haben, und die andere Hälfte bei Heterosexuellen

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) ist unbehandelt durch einen fortschreitenden Verlust der Immunabwehr gekennzeichnet. HIV führt zu einer chronischen Infektion, die lebenslang bestehen bleibt. Nach einer symptomarmen Latenzzeit, die bei Unbehandelten im Mittel 10 bis 12 Jahre dauert, treten gehäuft sogenannte opportunistische Infektionen und verschiedene Krebsarten auf, die das Vollbild des Acquired Immunodeficiency Syndrome (erworbenes Immundefektsyndrom, AIDS) kennzeichnen. Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregertem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i.v.-Drogengebern, Transfusion von kontaminierten Blutkonserven oder Gerinnungspräparaten) sowie prä-, peri- oder postnatal (durch Stillen) von der infizierten Mutter auf ihr Kind.

Das Fortschreiten der Erkrankung kann durch eine antiretrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame antiretrovirale Therapie (messbare Viruslast < 50 Kopien/ml) so drastisch reduziert, dass bei sexuellen Kontakten, Nadelstichverletzungen und unter der Geburt eine Nichtübertragbarkeit erreicht werden kann.

Seit September 2019 kann in Deutschland für Menschen mit erhöhtem HIV-Infektionsrisiko eine HIV-Präexpositionsprophylaxe (HIV-PrEP) auf Kosten der gesetzlichen Krankenversicherung verschrieben werden. Unter korrekter Einnahme einer PrEP reduziert sich die Infektionswahrscheinlichkeit drastisch. Bislang wird die HIV-PrEP fast ausschließlich von Männern, die Sex mit Männern haben, als Präventionsmethode verwendet.

Die HIV-Meldezahlen in Deutschland wurden im Jahr 2022 in erheblichem Umfang durch die Aufnahme von Geflüchteten aus der Ukraine beeinflusst. Die überwiegende Mehrzahl dieser Meldungen betrifft Personen, deren Infektion in der Ukraine erfolgte und dort bereits diagnostiziert worden war. Die Meldung dieser Fälle als *Erstdiagnosen in Deutschland* erfolgte im Rahmen der Weiterbehandlung in Deutschland. Um eine

bessere Vergleichbarkeit mit vorangegangenen HIV-Jahresberichten zu ermöglichen, werden in diesem Bericht einige Kennzahlen teilweise mit und teilweise ohne die Meldungen von Personen mit Herkunft aus der Ukraine angegeben.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG muss der direkte (z. B. Virusanzucht, NAT) oder indirekte (z. B. HIV-AK) Nachweis von HIV an das RKI gemeldet werden. Alle Fälle beziehen sich auf labor diagnostisch gesicherte Nachweise der HIV-Infektion. Bis 2004 waren nur Fälle mit bestätigt positivem HIV-Antikörpertest in die Statistik aufgenommen worden, bei denen angegeben war, dass es sich nach Kenntnis des Labors oder der oder des diagnostizierenden Ärztin oder Arztes, um eine in Deutschland erfolgte Erstdiagnose handelte. Seit 2005 wurden zusätzlich – auch retrospektiv – solche Fälle aufgenommen, bei denen diese Angabe fehlte, dafür aber ein negativer HIV-AK-Test im Jahr 2001 oder später angegeben wurde und bei einem Abgleich mit den gemeldeten Fällen keine frühere Meldung identifizierbar war (seit 2001 besteht die Möglichkeit, anhand der fallbezogenen Verschlüsselung und weiterer Parameter Mehrfachmeldungen zu erkennen; s. Datenqualität). Seit Veröffentlichung einer neuen HIV-Diagnostikleitlinie im Juli 2015 gelten Fälle auch dann als bestätigt, wenn anstelle eines Antikörper-basierten Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens 1.000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen worden ist.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden dem RKI 3.239 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als in Deutschland erfolgte Neudiagnosen identifiziert werden konnten (s. Abb. 6.28.1). Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,9 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Ohne die Meldungen der aus der Ukraine stammenden Personen lag die Zahl der Neudiagnosen bei 2.530, was einer bundesweiten Inzidenz von 3,0 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018, stieg im Jahr 2019 erneut leicht an, um in den COVID-19-Pandemiejahren 2020 und 2021 auf den niedrigsten Stand seit 2004 zurückzugehen. Schließt man die Personen mit Herkunftsland Ukraine aus, stieg gegenüber dem Vorjahr 2021 (2.258) die Zahl der Neudiagnosen um 272 (12 %) an, gegenüber dem Vor-Pandemiejahr 2019 (3.126) fiel die Anzahl um 596 (19 %).

Geografische Verteilung

Insgesamt stiegen die Diagnosezahlen 2022 gegenüber dem Vorjahr deutlich an. Dieser Anstieg betraf primär nicht in Deutschland erworbene HIV-Infektionen (1.308; 2021: 431) sowie Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte (826, 2021: 616). Die Zahl der in Deutschland erworbenen Infektionen (1.105, 2021: 1.211) ist dagegen weiter gesunken.

Bundesweit lag die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen ohne Personen mit Herkunft Ukraine im Jahr 2022 bei 3,0 Fällen pro 100.000 Einwohner, ein leichter Anstieg gegenüber 2021 (2,7 Fälle pro 100.000 Einwohner). Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den Stadtstaaten Hamburg, Berlin und Bremen (8,8, 7,4 und 6,8 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.28.2).

Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre lag die Inzidenz in Hamburg, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und dem Saarland höher, in allen anderen Bundesländern war sie niedriger.

Abb. 6.28.1:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2022

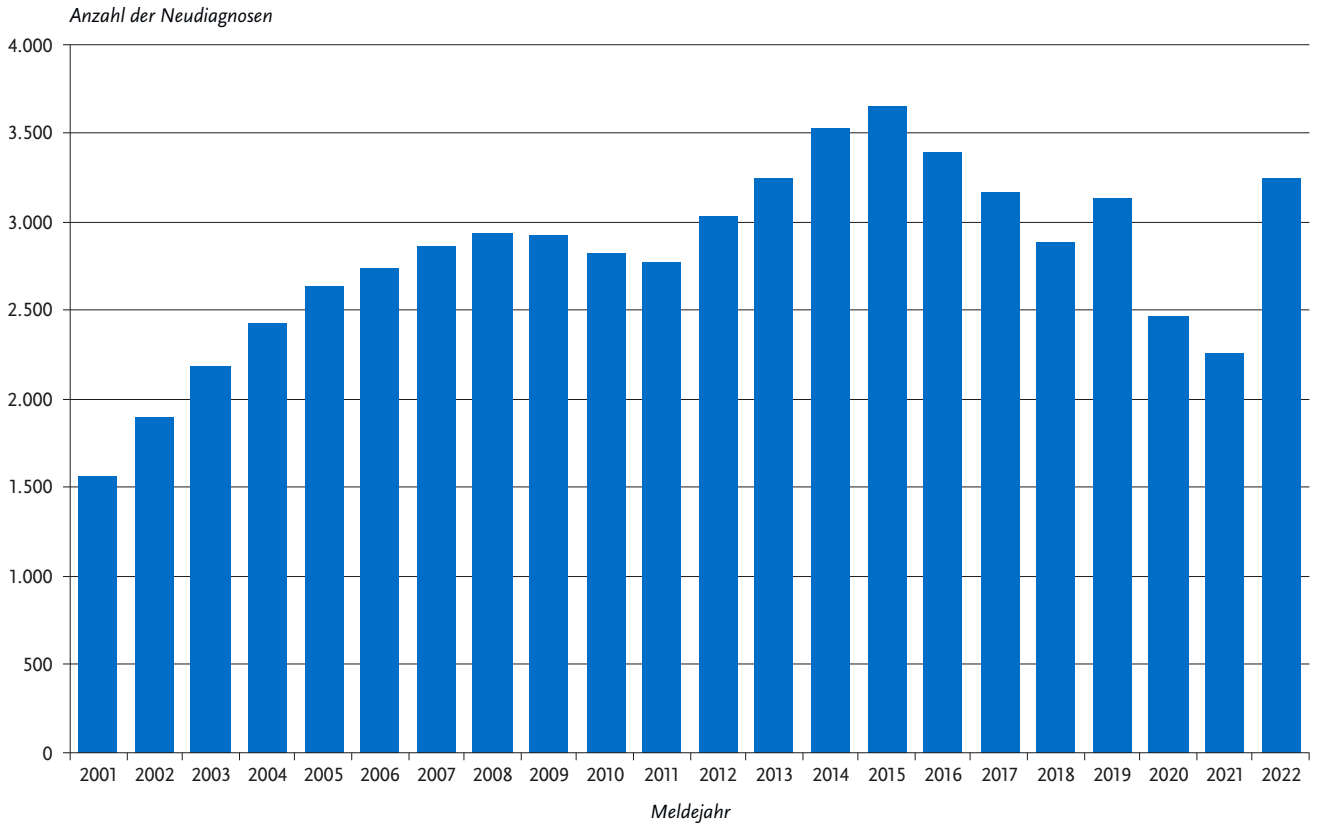


Abb. 6.28.2:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen ohne Personen mit Herkunft Ukraine pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=2.513) im Vergleich mit den Vorjahren

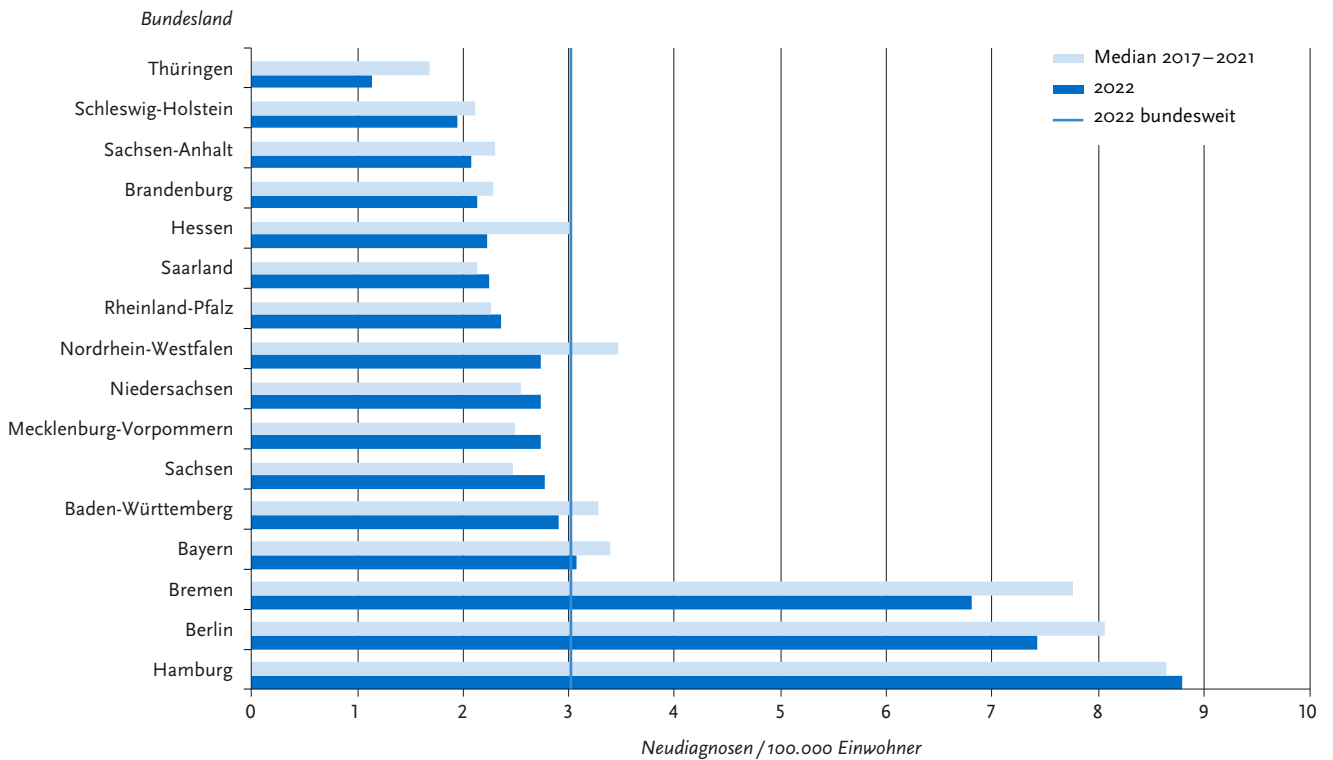
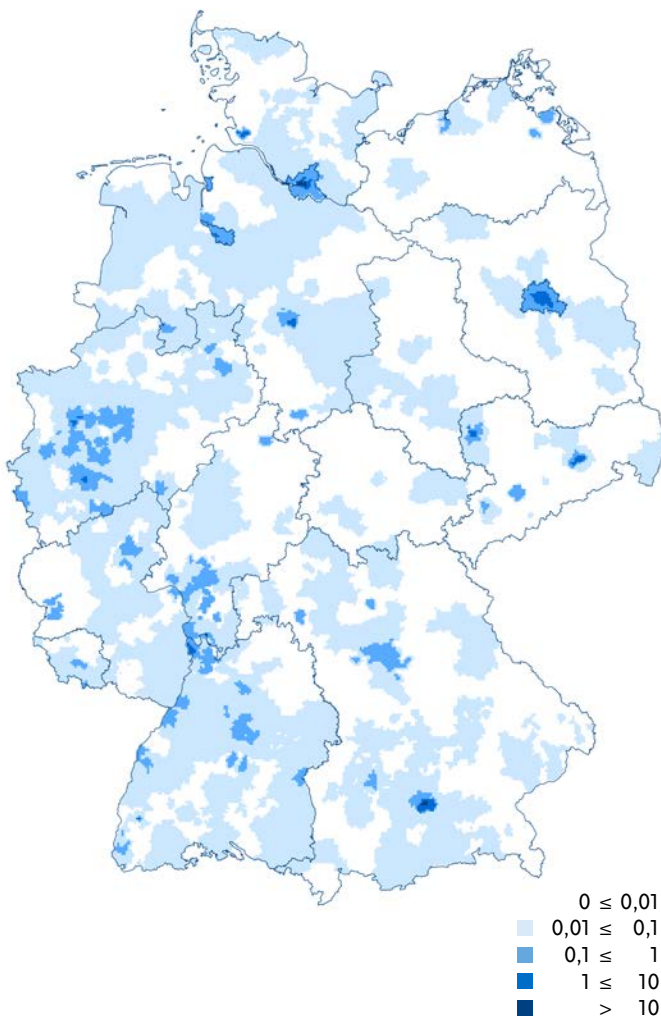


Abb. 6.28.3:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich (geglättet) ohne Personen mit Herkunft Ukraine, Deutschland, 2022 (n=2.530)



Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag wie in den Vorjahren bei der männlichen Bevölkerung mit 5,4 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Frauen (2,4). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (31 %) stieg gegenüber dem Vorjahr (20 %) erheblich an, was auf den großen Anteil von Frauen unter den aus der Ukraine Geflüchteten zurückzuführen ist. Ohne die Geflüchteten aus der Ukraine lag der Anteil der Frauen bei 21 %.

Insgesamt wies bei Männern und Frauen die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (12 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, 6,7 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen). In der Altersgruppe mit der nächsthöheren Inzidenz (40 bis 49 Jahre) lag die Inzidenz bei Männern bei 11, bei Frauen bei 5,9. Die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen war am dritthäufigsten betroffen (Inzidenz 12 bei Männern, 3,9 bei Frauen), gefolgt von der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (5,4 bei Männern, 2,5 bei Frauen) (s. Abb. 6.28.4). Werden Geflüchtete aus der Ukraine aus der Inzidenzberechnung ausgeschlossen, reduziert sich insbesondere die Inzidenz bei Frauen auf fast die Hälfte (1,3 vs. 2,4).

Die Inzidenz bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), ist im Jahr 2022 im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen ungefähr gleichgeblieben. Die Inzidenz von HIV-Neu-

diagnosen bei Heterosexuellen und bei intravenös Drogen konsumierenden Personen ist im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen drastisch auf mehr als das Doppelte angestiegen. Ohne Berücksichtigung der aus der Ukraine Geflüchteten fällt der Anstieg deutlich geringer aus. Bei intravenös Drogen konsumierenden Personen wird wieder das Niveau vor Pandemiebeginn erreicht, bei Heterosexuellen bleibt die Inzidenz deutlich niedriger als noch vor der Pandemie.

Nachgewiesene Erreger

Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 5 Infektionen mit HIV-2 (0,2 %) neu diagnostiziert sowie 4 Doppelinfektionen mit HIV-1 und HIV-2.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Betrachtet man Neudiagnosen ohne Personen mit Herkunft Ukraine, so lagen bei 2.263 Neudiagnosen (89 %) Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 1.673 davon wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit bekanntem Herkunftsland, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, fiel von 74 % auf 63 %. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands stieg entsprechend an, ebenso der Anteil der Neudiagnosen mit unbekanntem Infektionsland.

Für 1.216 von 1.252 (97 %) der im Jahr 2022 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 62 % aus Osteuropa oder Zentralasien (überwiegend aus der Ukraine), 16 % aus Subsahara-Afrika, 10 % aus West- oder Zentraleuropa, 6 % aus Lateinamerika oder der Karibik, 4 % aus der Region Asien/Pazifik, und 3 % aus dem Nahen Osten oder Nordafrika. Von den 243 im Jahr 2022 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nichtdeutscher Herkunft stammten 42 % aus West- oder Zentraleuropa, 13 % aus Osteuropa oder Zentralasien, 8 % aus Subsahara-Afrika, 13 % aus Asien/Pazifik, 12 % aus Lateinamerika oder der Karibik und 11 % aus Nordafrika oder dem Nahen Osten.

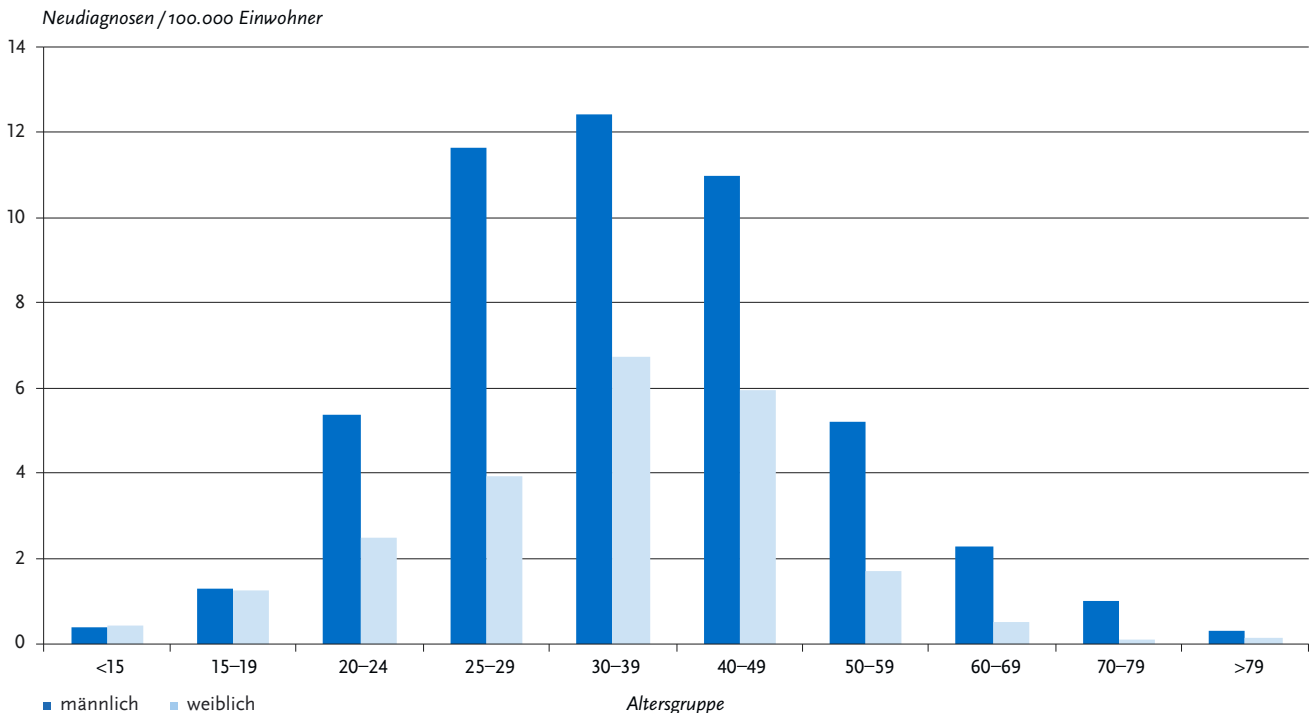
Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für die folgenden Angaben wurden die aus der Ukraine Geflüchteten nicht berücksichtigt.

Für 1.734 der 2.530 HIV-Neudiagnosen (69 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Neudiagnosen mit Angaben hatten sich 59 % (1.020) wahrscheinlich über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 31 % (543) über heterosexuelle Kontakte und 9 % (154) bei i. v.-Drogenkonsum. Bei 1 % (21) der Neudiagnosen handelte es sich um Kinder, die sicher oder mit hoher Wahrscheinlichkeit über ihre Mütter infiziert worden waren. Drei dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren, zwei der Mütter waren aus der Ukraine geflüchtete Frauen.

Für 876 (79 %) der 1.105 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg vor. Von diesen wurden 647 (74 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 136 (16 %) wurden heterosexuelle Kontakte und bei 89 (10 %) i. v.-Drogenkonsum

Abb. 6.28.4:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=3.215)



als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (760) weiter zurückgegangen, die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden ist leicht angestiegen (Vorjahr 124), ebenso wie die Zahl der Infektionen durch i. v.-Drogengebrauch (Vorjahr 70).

Unter den 1.105 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 243 Personen, die nicht aus Deutschland stammen. Davon hatten sich wahrscheinlich 149 (61 %) über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 49 (20 %) über heterosexuelle Kontakte und 18 (7 %) bei i. v.-Drogenkonsum mit HIV infiziert. Bei 10 % der Neudiagnosen fehlten Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg. Diese Verteilung ähnelt sehr der Verteilung der von Deutschen in Deutschland erworbenen Infektionen.

Bei den im Ausland von Nichtdeutschen erworbenen und im Jahr 2022 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=546; oU) fehlten bei 125 (23 %) der Neudiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 227 (42 %) wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 150 (27 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 34 (6 %) bei i. v.-Drogenkonsum, und 10 (2 %) waren von einer infizierten Mutter auf ihr Kind übertragen worden.

Datenqualität

Im Jahr 2017 wurde für die Erfassung der HIV-Meldungen ein Algorithmus implementiert, mit dem Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisch erkannt und einander zugeordnet werden. Die Berechnungen schließen auch länger zurückliegende Meldungen ein. Dadurch kann die Zahl der HIV-Neudiagnosen für vorhergehende Jahre

von der in früheren Berichten abweichen. Neben den dargestellten gesicherten HIV-Neudiagnosen werden dem RKI weitere HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Neudiagnosen handelt. Diese Meldungen finden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den Meldungen, die weder explizit als Neudiagnose noch als Mehrfachmeldung gekennzeichnet sind, muss noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 3.239 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar. Es kann auch nicht ausgeschlossen werden, dass sich unter den 2.530 HIV-Neudiagnosen, bei denen als Herkunftsland nicht die Ukraine angegeben wurde, noch weitere aus der Ukraine geflüchtete Personen befinden, bei denen die Herkunftsangabe fehlte.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2022 in erster Linie durch die Meldung von aus der Ukraine nach Deutschland geflüchteten Personen deutlich an. Aber auch die Zahl der aus anderen Ländern stammenden und im Ausland infizierten Personen, bei denen eine Erstdiagnose in Deutschland gemeldet wurde, nahm wieder auf das Vor-Pandemieniveau (2018 – 2019) zu. Zudem hat im Jahr 2022 nach den ersten 2 Jahren der COVID-19-Pandemie mit teilweise reisebeschränkenden Maßnahmen die gesamte internationale Mobilität wieder zugenommen. Beides trägt zu einer deutlichen Zunahme im Ausland erworbener HIV-Infektionen bei, die nach Deutschland kommen und jetzt hier medizinisch versorgt werden.

Ohne Berücksichtigung der aus der Ukraine Geflüchteten und anderer im Ausland infizierter Personen wurde im Vergleich zum Vorjahr 2021 eine Zunahme von HIV-Neudiagnosen

bei intravenös Drogen konsumierenden Personen und eine geringfügig höhere Zahl von auf heterosexuellem Wege infizierten Personen gemeldet, während die Zahl der Meldungen bei MSM, die schon in den beiden Pandemie Jahren 2020 und 2021 deutlich unter dem Niveau vor Pandemiebeginn lag, weiter zurückging. Die Zahl der in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bleibt niedriger als vor Pandemiebeginn, geht bei MSM sogar noch weiter zurück. Das ist wahrscheinlich auf frühzeitige effektive Behandlung von Infizierten und die zunehmende Verwendung der HIV-Präexpositionsprophylaxe (HIV-PrEP) vor allem bei MSM zurückzuführen. Insgesamt hat sich die Zahl der in Deutschland erworbenen Infektionen im Jahr 2022 verglichen mit den Jahren 2015/2016 nahezu halbiert.

Die Zahl der in Deutschland bei Personen deutscher Herkunft diagnostizierten HIV-Infektionen geht seit 2014 nahezu kontinuierlich zurück (Ausnahme 2019). Diese Entwicklung beruht primär auf einem Rückgang der Neudiagnosen bei MSM. Ein Rückgang der auf heterosexuelle Kontakte zurückgeführten Neudiagnosen wird seit 2016 beobachtet. Kein rückläufiger Trend ist bei den durch injizierenden Substanzkonsum erworbenen HIV-Neudiagnosen zu erkennen.

Die Zahl der bei Personen deutscher Herkunft diagnostizierten, wahrscheinlich im Ausland erworbenen Infektionen hat sich vermutlich primär durch die verminderte Reisetätigkeit in den Pandemie Jahren reduziert, steigt jetzt aber wieder an. Das Vor-Pandemieniveau ist dabei noch nicht wieder erreicht.

Die Zahl der wahrscheinlich in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nicht-deutscher Herkunft ist seit 2019 rückläufig. Der Rückgang wird primär bei MSM beobachtet, bei anderen Übertragungsrisiken ändert sich wenig.

Die Zahl der im Ausland von Menschen nicht-deutscher Herkunft erworbenen, in Deutschland diagnostizierten HIV-Infektionen zeigt erhebliche Schwankungen und wird in erster Linie durch Migrationsbewegungen determiniert. Im Jahr 2022 übersteigt die Zahl dieser HIV-Diagnosen erstmals auf Grund des Zuzugs von Geflüchteten aus der Ukraine die Zahl der HIV-Diagnosen bei Menschen deutscher Herkunft, die ihre Infektion in Deutschland erworben haben.

Literaturhinweise

- Pantke A, Hoebel J, an der Heiden M, et al.: *The impact of regional socioeconomic deprivation on the timing of HIV diagnosis: a cross-sectional study in Germany*. BMC Infect Dis 2022. <https://doi.org/10.1186/s12879-022-07168-x>
- Marcus U, Schmidt D, Schink SB, Koppe U: *Analysis of HIV pre-exposure prophylaxis (PrEP) needs and PrEP use in Germany among men who have sex with men*. J Public Health 2022. <https://doi.org/10.1007/s10389-022-01699-y>
- Marcus U, Beck N: *Infektionen mit dem humanen Immundefizienzvirus bei Kindern in Deutschland, 1999 – 2016*. Monatsschr Kinderheilkd 2020. <https://doi.org/10.1007/s00112-020-00865-4>
- Schmidt D: *Evaluation der Einführung der HIV-Präexpositionsprophylaxe als Leistung der Gesetzlichen Krankenversicherung (EvE-PrEP) – Kurzbericht des BMG-geförderten Forschungsvorhabens (2020)*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/H/HIVAIDS/EvE-PrEP_Kurzbericht.pdf?blob=publicationFile
- Marcus U: *HIV infections and HIV testing during pregnancy, Germany, 1993 to 2016*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900078>
- Mardh O, Quinten C, Kuchukhidze G, et al.: *HIV among women in the WHO European Region – epidemiological trends and predictors of late diagnosis, 2009 – 2018*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900696>

- Deutsch-Österreichische Leitlinien zur HIV-Präexpositionsprophylaxe (2018). <https://daignet.de/site-content/hiv-leitlinien/leitlinien-1/deutsch-oesterreichische-leitlinien-zur-hiv-praeexpositionsprophylaxe>
- Rabenau HF, Bannert N, Berger A, et al.: *Nachweis einer Infektion mit Humanem Immundefizienzvirus (HIV): Serologisches Screening mit nachfolgender Bestätigungsdiagnostik durch Antikörper-basierte Testsysteme und/oder durch HIV-Nukleinsäure-Nachweis*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:877 – 886.
- an der Heiden M, Marcus U, Kollan C, Schmidt D, Gunsenheimer-Bartmeyer B, Bremer V: *Schätzung der Zahl der HIV-Neuinfektionen und der Gesamtzahl von Menschen mit HIV in Deutschland, Stand Ende 2020*. Epid Bull 2021; 47:3 – 17. <https://doi.org/10.25646/9301>
- Marcus U, Kollan C, Gunsenheimer-Bartmeyer B, Bremer V: *HIV-Jahresbericht 2019/2020*. Epid Bull 2021; 31:3 – 15. <https://doi.org/10.25646/8734>
- Koppe U, Hanke K, Fiebig U, et al.: *HIV-Studien und HIV-Projekte am Robert Koch-Institut*. Epid Bull 2019; 49:527 – 539. <https://doi.org/10.25646/6423.2>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.29 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 72
- ▶ Deutlicher Anstieg der Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Ausbruchserkennung durch Nicht-Bestimmung oder Nicht-Übermittlung von Erreger-Serogruppen erschwert

Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.16) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.54) oder anderen Erregern vor. Das Vollbild des HUS ist durch eine akute Nierenfunktionsstörung, Blutarmut durch den Zerfall roter Blutkörperchen und einen Mangel an Blutplättchen charakterisiert. Bei schätzungsweise 5 bis 10 % der kindlichen HUS-Erkrankungen handelt es sich um ein komplementvermitteltes HUS, das in erster Linie auf genetischen Störungen der Komplementregulation beruht und vom enteropathischen HUS abzugrenzen ist.

Falldefinition

Die Referenzdefinition für enteropathisches HUS umfasst alle klinisch begründeten Kategorien der Falldefinition (klinisch diagnostizierte, klinisch-epidemiologisch bestätigte und klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen) ausgeschlossen werden die Erkrankungen, bei denen lediglich das unspezifische klinische Bild erfüllt ist. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

Zeitlicher Verlauf

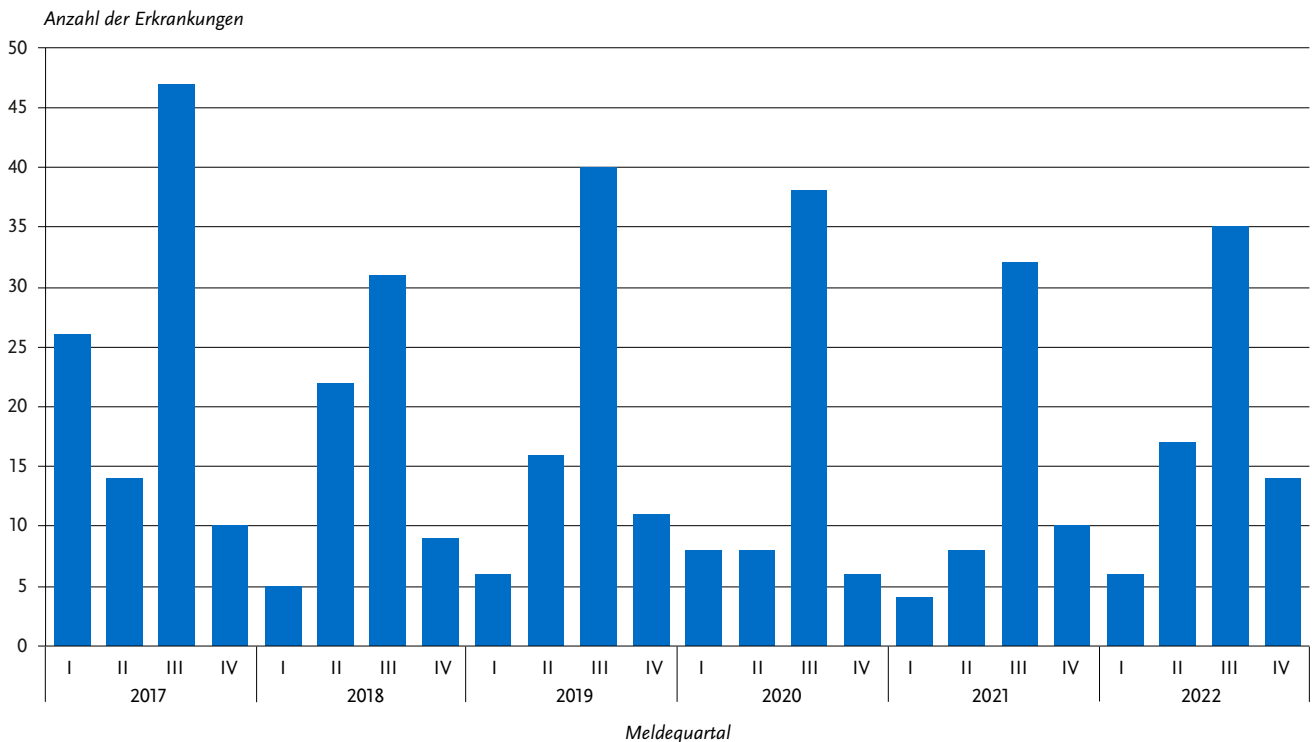
Im Jahr 2022 wurden 72 HUS-Erkrankungen übermittelt. Dies liegt um 33 % über der Fallzahl des Vorjahres (n=54) und geringfügig über dem Median der Jahre 2017 bis 2021 (n=67). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen (n=35; 49 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.29.1).

Tab. 6.29.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	13	24 %	11	15 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	42	76 %	61	84 %
alle	55	100 %	73	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	54	98 %	72	99 %

*) 1 Fall in der Fallkategorie A erfüllte 2022 nur das unspezifische klinische Bild und damit nicht die Referenzdefinition

Abb. 6.29.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2017 bis 2022



Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,09 (2021: 0,06) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen wurden in Schleswig-Holstein (7 Fälle; 0,24 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (6 Fälle; 0,15) und Sachsen-Anhalt (3 Fälle; 0,14) verzeichnet. Einzig aus Bremen und Mecklenburg-Vorpommern wurden keine Fälle übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 49 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 41-mal genannt (84 % der Nennungen; 2021: 74 %). Viermal wurde Ägypten genannt, je einmal Bulgarien, Mexiko, Polen und Schweden.

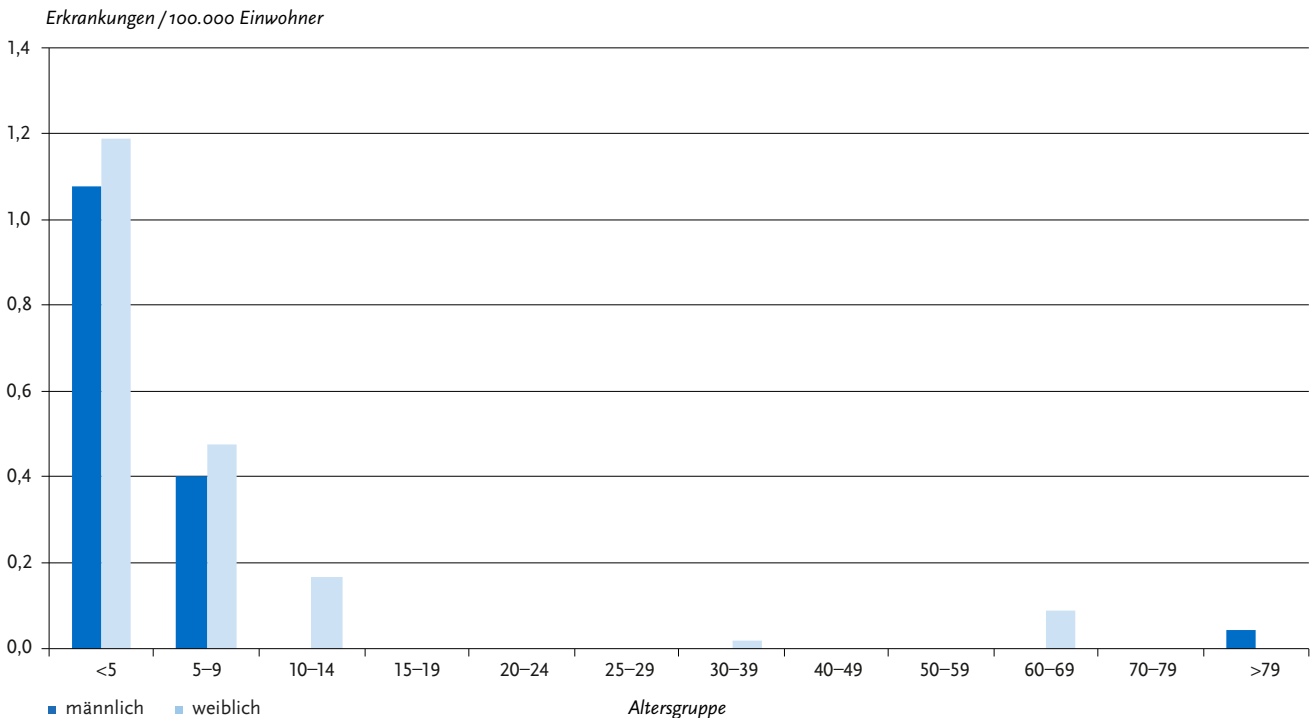
Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 1,1 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 45 (63 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 20 HUS-Erkrankungen (28 %) bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 7 HUS-Erkrankungen (10 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Das Geschlechterverhältnis war bei Kindern unter 10 Jahren nahezu ausgeglichen, während 9 der 10 Erkrankten im Alter ≥ 10 Jahre weiblich waren (s. Abb. 6.29.2).

Nachgewiesene Erreger

Bei 61 Erkrankungen (85 %; 2021: 80 %) lag ein labordiagnostischer Nachweis einer EHEC-Infektion vor. Bei 32 Erkrankungen

Abb. 6.29.2:
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=72)



(44 %; 2021: 35 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Die am häufigsten genannten Serogruppen waren O26 mit 11 Fällen (2021: 2 Fälle), O157 mit 10 Fällen (2021: 13), gefolgt von O111 (6 Fälle; 2021: 1) und O145 (2 Fälle; 2021: 1). Je einmal wurden die Serogruppen O24, O183 und »Ont« (O-Antigen nicht typisierbar) angegeben.

Klinische Aspekte

Es wurden 2 HUS-bedingte Todesfälle übermittelt. Es handelte sich um eine 63-jährige Frau und einen 82-jährigen Mann. Bei beiden Fällen wurden *stx2*-positive EHEC mittels PCR nachgewiesen. Bei einem der beiden Fälle wurden zusätzlich der Nachweis von *stx1* und die Serogruppe O183 angegeben.

Ausbrüche

Durch EHEC bedingte Ausbrüche werden hier berichtet, wenn mindestens eine erkrankte Person HUS entwickelt hat, andernfalls im Kapitel EHEC-Gastroenteritis (Kap. 6.16). Im Jahr 2022 wurden 4 Ausbrüche mit insgesamt 12 HUS-Fällen und 19 Fällen von EHEC-Gastroenteritis übermittelt. Im Jahr 2021 waren es 2 Ausbrüche mit 2 HUS-Fällen und 3 Fällen von EHEC-Gastroenteritis.

Der größte Ausbruch im Jahr 2022 umfasste 7 HUS- und 18 EHEC-Fälle. Betroffen waren mehrere KiTas in Bayern, die vom selben Caterer mit Essen beliefert wurden. Erreger war ein EHEC der Serogruppe O111, *stx1*-positiv und *stx2*-positiv. Das Ausbruchsfahrzeug konnte nicht ermittelt werden. Die übrigen 3 Ausbrüche umfassten jeweils 2 Personen in privaten Haushalten.

Datenqualität

Die Häufigkeit des Nachweises von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruch-

nahme und Qualität labor diagnostischer Untersuchungen abhängig. Die kulturelle Isolierung von EHEC ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt die Diagnostik überwiegend durch Nachweis der Shigatoxin-Gene *stx1* und *stx2* mittels PCR. Dabei wird kein Isolat zur Bestimmung der Serogruppe gewonnen, was jedoch für die epidemiologische Beurteilung wünschenswert wäre.

Seit Mai 2008 führt das Robert Koch-Institut, unterstützt durch die Gesellschaft für Pädiatrische Nephrologie, zusätzlich eine aktive Surveillance von pädiatrischen HUS-Erkrankungen unter den pädiatrisch-nephrologischen Zentren (PNZ) in Deutschland durch. Dies trägt möglicherweise zu einer vollständigeren Erfassung von pädiatrischen HUS-Erkrankungen bei. Es finden sich jedoch nicht für alle von den PNZ berichteten HUS-Fällen entsprechende Übermittlungen im Meldesystem.

Fazit

Im Jahr 2022 wurden mit 72 HUS-Erkrankungen deutlich mehr Fälle als im Jahr 2021 (54 Fälle) übermittelt. Die erhöhte Fallzahl ist teilweise durch den Ausbruch von EHEC O111 mit 7 HUS-Fällen in Bayern bedingt, vermutlich aber auch durch den Wegfall von Restriktionen im Rahmen der COVID-19-Pandemie. Die Zahl der Fälle mit Angabe eines ausländischen Infektionslandes war rückläufig (von 12 Fällen im Jahr 2021 auf 8 Fälle), allerdings wurde bei 23 Fällen (32 %) kein Infektionsland angegeben, sodass der tatsächliche Anteil im Ausland erworbener Infektionen nicht sicher ermittelbar ist.

Der Anteil der Fälle mit Angabe eines labor diagnostischen Nachweises einer EHEC-Infektion ist von 80 % im Jahr 2021 leicht auf 85 % gestiegen. Der Anteil der Fälle mit Angabe der Serogruppe ist nach einem Rückgang auf 35 % im Vorjahr auf 44 % gestiegen. In Einzelfällen wurden Serogruppen nur im

Freitext angegeben, was im Rahmen dieser Auswertung nicht berücksichtigt werden konnte. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

S2k-Leitlinie *Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter*.

<https://register.awmf.org/de/leitlinien/detail/166-002>

Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: Überarbeitung der *RKI Empfehlungen für die Wiederzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion*. *Epid Bull* 2019; 47:506–509.

<https://doi.org/10.25646/6414>

RKI-Ratgeber EHEC (2019). www.rki.de/ratgeber

6.30 Influenza

Saisonale Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 270.670
- ▶ Während in den vorpandemischen Saisons die Grippe- welle meist erst nach dem Jahreswechsel begann, zeigte sich im Jahr 2022 eine verspätete Influenza-Aktivität zwischen Meldewoche 17 – 20 sowie eine sehr früh einsetzende Winterwelle ab Meldewoche 43, mit Höhepunkt in Meldewoche 50, gefolgt von einem raschen Rückgang der Fallzahlen.
- ▶ Dominantes Virus: Influenza A, mit dominierendem Subtyp A(H3N2)
- ▶ Höchste Inzidenz bei 5- bis 9-Jährigen
- ▶ Impfpräventabel (Impf-Empfehlung für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 3.086 Ausbrüche mit 18.027 Fällen

Kurzbeschreibung

Die Influenza ist eine durch das Influenzavirus hervorgerufene, vorwiegend durch respiratorische Sekrete in Tröpfchenform übertragene Erkrankung, die sich typischerweise durch einen plötzlichen Beginn mit Fieber, Husten und Muskel- oder Kopfschmerzen auszeichnet. Weitere Symptome können allgemeine Schwäche, Schweißausbrüche, Schnupfen, aber auch Übelkeit, Erbrechen und Durchfall sein. Zu beachten ist jedoch, dass bei

Weitem nicht alle mit dem Influenzavirus Infizierten mit typischer Symptomatik erkranken. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre), und solche mit chronischen Grunderkrankungen. Die Influenza tritt saisonal in sogenannten Grippewellen auf, die in Deutschland meist im Januar oder Februar beginnen und innerhalb von 8 bis 12 Wochen ablaufen, sie können in einzelnen Jahren aber auch deutlich länger dauern. Die Stärke der Grippewellen schwankt von Jahr zu Jahr erheblich.

Falldefinition

Im Jahr 2022 wurden von den Gesundheitsämtern 270.670 Influenza-Fälle übermittelt, welche der Referenzdefinition entsprachen (s. Tab. 6.30.1). Für Auswertungen bzw. Vergleiche ist zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Fall- und Referenzdefinition für Influenza gilt. Zum einen wurde die Referenzdefinition auf die Falldefinitions-kategorien D und E (und damit auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle) erweitert (zuvor ausschließlich B und C), zum anderen wurden die klinischen Kriterien akuter Krankheitsbeginn, Fieber, Muskel-, Glieder-, Rücken- oder Kopfschmerzen und Husten zu einem Kriterium »grippetypische Symptome« zusammengefasst. Die nachfolgende Auswertung für das Jahr 2022 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

Zeitlicher Verlauf

Für die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs der Influenza wird die Influenzasaison von einer Influenzawelle unterschieden. Die Influenzasaison 2021/22 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2021 und endete mit der 39. MW 2022. Die Saison 2022/23 begann mit der MW40. In das gesamte Jahr 2022 fallen, was im Vergleich zu den vorpandemischen Jahren sehr außergewöhnlich ist, zwei Influenzawellen. Ein erster Anstieg der Fallzahlen war zwischen MW 17 und 20 zu verzeichnen, nachdem ein Großteil der COVID-19-Maßnahmen aufgehoben worden waren. Obwohl in dieser Zeit die Definition für eine Grippe- welle erfüllt war, handelte es sich dabei jedoch nicht um eine Grippewelle im klassischen Sinne, da die Influenza-Aktivität insgesamt, und im Vergleich zu den Jahren 2015 – 2019, nur geringfügig erhöht war (s. Abb. 6.30.1).

Es folgte eine sehr früh einsetzende Influenzawelle ab MW 43, die ihren Höhepunkt in MW 50 hatte, gefolgt von einem raschen Rückgang der Fallzahlen (s. Abb. 6.30.1).

Im Jahr 2021 lag das Minimum der pro Woche übermittelten Fälle bei 2 (MW 24), das Maximum bei 99 (MW 50); im Vergleich dazu lag im Jahr 2022 das Minimum der pro Woche übermittelten Fälle bei 171 (MW 31), das Maximum bei 60.006

Tab. 6.30.1: Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	1 %	10.448	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	789	70 %	175.168	65 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	100	9 %	12.327	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	231	21 %	72.727	27 %
alle	1.126	100 %	270.670	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	1.126	100 %	270.670	100 %

(MW 50). Im Jahresverlauf 2022 wurden in den MW 01 bis 14 zwischen 183 und 879 Fälle übermittelt, im Anschluss bis MW 20 über 1.000 Fälle pro Woche, und über den gesamten Sommer nie weniger als 171 Fälle pro Woche, mit deutlicher Zunahme der Fallzahlen ab MW 40 bis zum Maximum in MW 50.

Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Fälle für das Jahr 2022 betrug 325 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und Einwohnerinnen. Im Vorjahr (2021) gab es hin-

gegen keine Grippewelle und insgesamt eine sehr niedrige Grippe-Aktivität (1,4 Infektionen pro 100.000 Einwohner und Einwohnerinnen). Die ARE-Aktivität im Jahr 2022 wurde durch Influenza A(H3N2) dominiert.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Infektionen 2022 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Schulalter

Abb. 6.30.1: Übermittelte Influenza-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2022

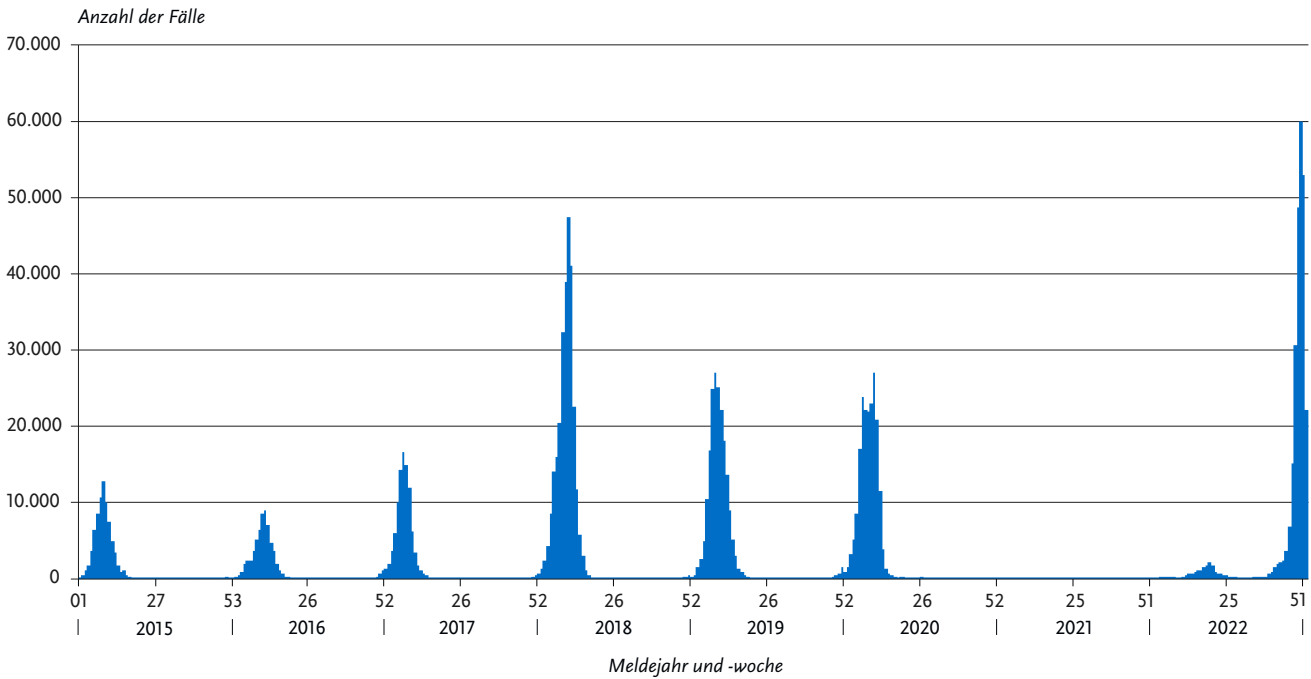
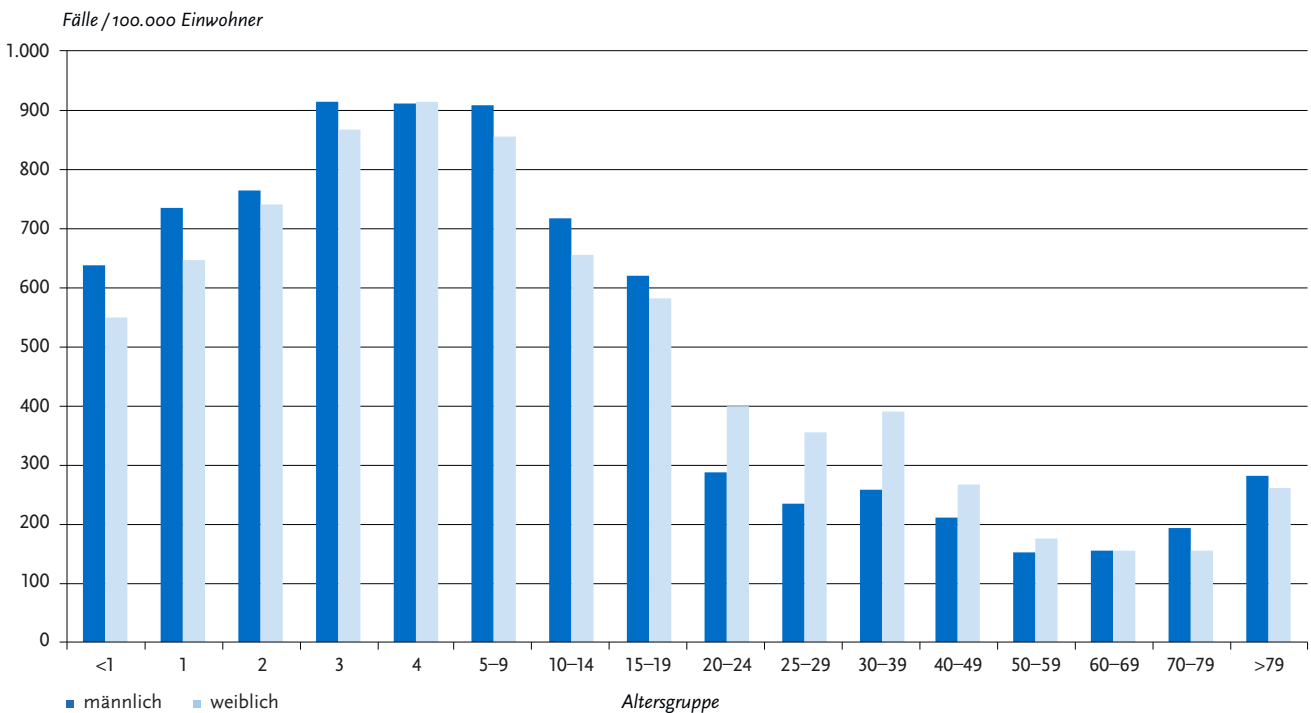


Abb. 6.30.2: Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=270.670)



(885,6 Erkrankungen pro 100.000 Kinder im Alter von 5 – 9 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel sowohl bei Jungen (906,8/100.000) als auch bei Mädchen (853,4/100.000) bei den 5- bis 9-Jährigen (s. Abb. 6.30.2); sowohl bei Jungen im Alter von 6 Jahren (957,8/100.000) als auch bei Mädchen im Alter von 6 Jahren (941,2/100.000) lagen die Werte am höchsten. Dies ist ein Unterschied zu den Jahren 2012 – 2021, in denen der Gipfel immer in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen lag.

Während einer saisonalen Grippewelle sind Kinder durch die fehlende bzw. geringere Grundimmunität sowie hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen, häufig von Influenza-Infektionen betroffen.

Über die Gesamtbevölkerung hinweg war die Inzidenz in allen Altersgruppen auf Frauen und Männer gleich verteilt (erhöhte Inzidenz bei Männern im Vergleich zu Frauen in den sechs Altersgruppen 0–4, 5–9, 10–14, 15–19, 70–79 und >79; erhöhte Inzidenz bei Frauen im Vergleich zu Männern in den sechs Altersgruppen 20–24, 25–29, 30–39, 40–49, 50–59, 60–69, vgl. Abb. 6.30.2). Der Altersmedian aller übermittelten Influenza-Fälle des Jahres 2022 lag bei 26 Jahren und somit unter dem des Vorjahres (33 Jahre).

Nachgewiesene Erreger

Die beim Menschen relevanten Virustypen werden mit den Buchstaben A und B bezeichnet. Hierbei wird der Typ A in Subtypen unterteilt, die nach den Oberflächenproteinen Hämagglutinin (H) und Neuraminidase (N) benannt werden, wie zum Beispiel A(H3N2). Influenza-B-Viren werden dagegen in 2 sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- und Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Die STIKO empfiehlt die Verwendung von quadrivalenten Influenza-Impfstoffen, in denen jeweils die von der WHO empfohlenen aktuellen Varianten von A(H3N2)-, A(H1N1)- und B-Viren der Yamagata- und der Victoria-Linie enthalten sind.

Von den 270.670 übermittelten Fällen des Meldejahres 2022 wurde der Erreger bei 265.061 Fällen näher charakterisiert. Darunter fielen 20.843 in den Zeitraum der 1. bis 39. Meldewoche 2022, und 244.218 in den Zeitraum MW 40 bis 52. Unter allen Fällen des Jahres 2022 wurde für 250.047 Fälle (94,3 %) eine Infektion mit Influenza A und für 1.877 Fälle (0,7 %) eine Infektion mit Influenza B angegeben. Ein geringer Anteil der Fälle (n=13.100; 4,9 %) wurde als »Influenza A/B, nicht näher differenziert« übermittelt. Bei 6.340 (2,4 %) der übermittelten Influenza-A-Infektionen des Jahres 2022 war der Subtyp bekannt: bei 728 der Fälle wurde der Subtyp Influenza A(H1N1)pdm09, und bei 5.612 Fällen Influenza A(H3N2) angegeben. Im Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) wurde für das Jahr 2022 Influenza A (H3N2) als dominierender Subtyp nachgewiesen; der Altersmedian bei Fällen, bei denen dieser Subtyp nachgewiesen wurde, lag zwischen MW1 – 39 bei 11 Jahren und zwischen MW40 – 52 bei 12 Jahren.

Klinische Aspekte

Im Jahr 2022 war der Anteil von Hospitalisierten an allen Fällen mit einer Angabe zum Hospitalisierungsstatus (163.796) mit 21 % niedriger als im Vorjahr (43 %). Besonders betroffen waren

jedoch wie in den Vorjahren Kinder unter 5 Jahren (29 %), Erwachsene zwischen 60 und 69 Jahren (34 %) und Erwachsene ab 69 Jahren (62 %).

Grundsätzlich überschätzen diese Angaben jedoch die tatsächlichen Anteile der Krankenhauseinweisungen unter allen Influenza-Fällen, da es sich bei den übermittelten Fällen einerseits um laborbestätigte oder klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen handelt, die eher »typisch« bzw. schwer verlaufen. Andererseits gehen ältere Menschen häufig nicht wegen einer akuten Atemwegserkrankung zum Hausarzt und werden dann erst bei schwerem Krankheitsverlauf mit Krankenhauseinweisung auf Influenza getestet. Zudem scheinen hospitalisierte Personen in den letzten Jahren labordiagnostisch verstärkt auf Influenzaviren untersucht zu werden (s. a. Abschnitt Datenqualität). Für das Jahr 2022, wie bereits im Vorjahr 2021, kann ein Einfluss durch die im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie angewandte sensitive Teststrategie – insbesondere im stationären Bereich – nicht ausgeschlossen werden, durch die zusätzlich auch regelmäßig auf andere Atemwegserreger (z. B. Influenza) getestet, und somit mehr stationäre Fälle erkannt wurden.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2022 wurden insgesamt 861 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, und damit wesentlich mehr als im Jahr 2021 (13 Fälle), und auch mehr als für das Jahr 2020 (556), in das im ersten Quartal die letzte Grippewelle vor der COVID-19-Pandemie fiel. Von den Todesfällen entfielen 49 (6 %) auf einen Zeitpunkt zwischen der 1. bis 39. MW 2022; 812 Fälle (94 %) entfielen auf den Zeitraum der MW 40 bis 52.

Unter den 861 Todesfällen des Jahres 2022 wurde für 569 Fälle angegeben, dass die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe; der Großteil dieser Fälle (546) entfiel auf die Welle ab MW 43. In dieser Gruppe lag der Altersmedian der Verstorbenen über das gesamte Jahr 2022 bei 84 Jahren, und damit gleich zum Median des Vorjahres.

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöhtes Infektionsrisiko haben, wird die jährliche Influenzaimpfung im Herbst/Frühwinter durch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfohlen. Für die saisonale Influenza betrifft dies alle Personen ab 60 Jahre, Personen jeden Alters mit chronischen Vorerkrankungen, Schwangere ab dem 2. Trimenon sowie Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Seit dem Jahr 2018 empfiehlt die STIKO einen quadrivalenten Impfstoff (Vierfach-Impfstoff) als Standardimpfung für alle Personen ab 60 Jahren bzw. mit entsprechender Indikation. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen.

Für die Saison 2021/2022, in der der erste Anstieg der übermittelten Influenza-Fälle lag (MW 17 – 20), waren folgende Komponenten des Impfstoffes gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen worden:

- ▶ A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für Ei-basierte Impfstoffe und A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe;
- ▶ A/Cambodia/eo826360/2020 (H3N2)-ähnliches Virus;
- ▶ B/Washington/02/2019-ähnliches Virus der B/Victoria- Linie;
- ▶ B/Phuket/3073/2013- ähnliches Virus der B/Yamagata- Linie.

Für die Saison 2022/23, in die die außergewöhnliche frühe Grippewelle ab MW 43 fiel, wurden folgende Aktualisierungen der Impfstoffempfehlungen vorgenommen:

- ▶ Austausch von A/Cambodia/eo826360/2020 (H3N2)-ähnliches Virus durch A/Darwin/9/2021- und A/Darwin/6/2021-ähnliches Virus für Ei- und zellbasierte Impfstoffe
- ▶ Austausch von B/Washington/02/2019-ähnliches Virus der B/Victoria- Linie durch B/Austria/1359417/2021-ähnliches Virus für Ei- und zellbasierte Impfstoffe

Von den insgesamt 270.670 für das Jahr 2022 übermittelten Influenza-Fällen fielen 21.742 in die 1. bis 39. MW und 248.928 in den Zeitraum der 40. bis 52. MW; da der Großteil der Fälle zwischen der 40. und 52. MW übermittelt wurde und hier auch eine frühe und starke Influenza-Welle zu verzeichnen war, wird über die Informationen zum Impfstatus nur für diesen Zeitraum berichtet. Von den Fällen in der 40.-52. MW waren 117.192 Fälle labordiagnostisch bestätigt und hatten einen bekannten Erkrankungsbeginn in diesem Zeitraum. Hiervon lag bei 74.101

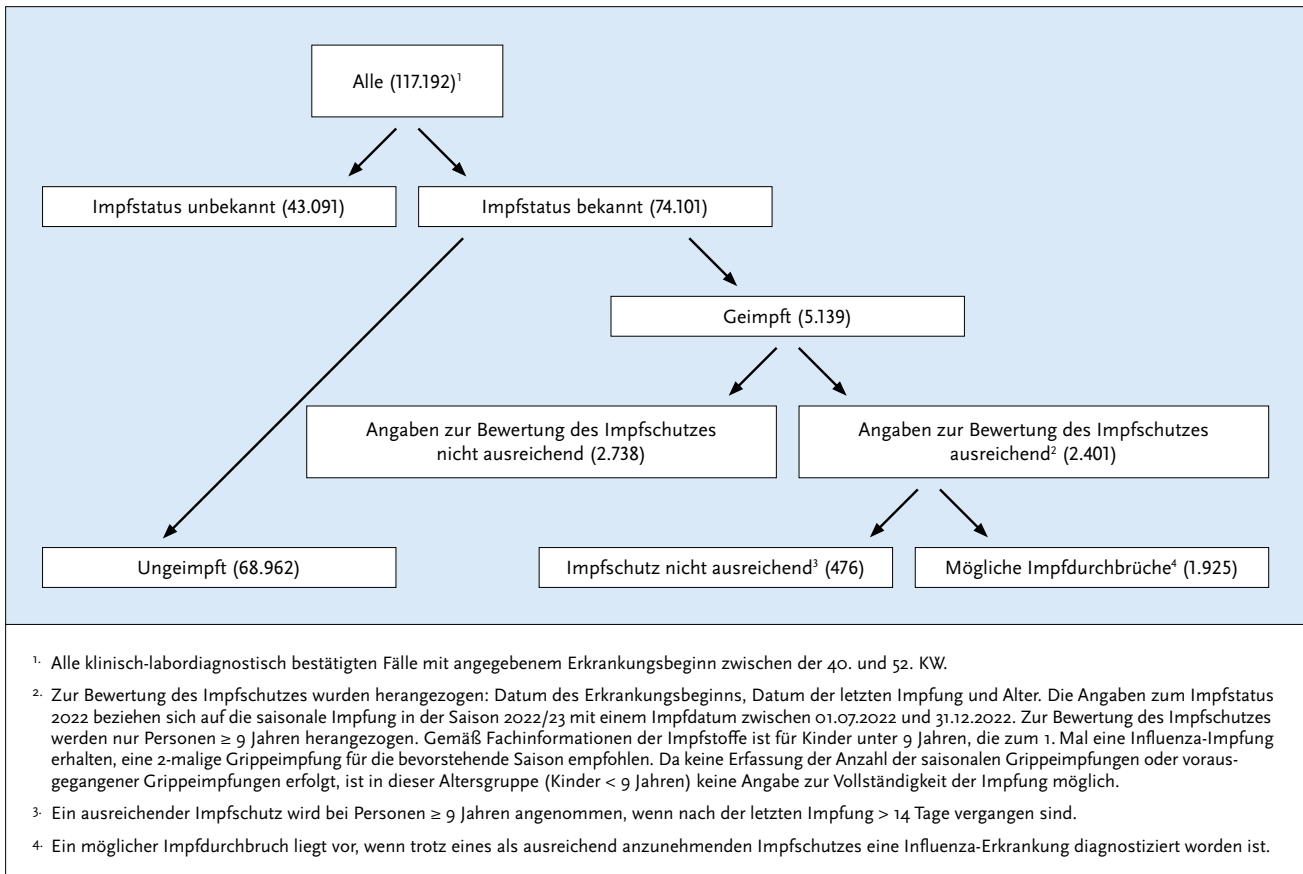
Fällen (63,2 %) eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 68.962 (93,1 %) als nicht geimpft und 5.139 (6,9 %) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.30.3).

Die STIKO rät aufgrund des höheren Risikos für einen schweren Krankheitsverlauf allen Menschen ab 60 Jahren zu einer jährlichen Influenza-Impfung. Unabhängig vom Impfstatus ist infektionshygienisches Verhalten wie die Vermeidung des engen Kontakts zu Erkrankten und das Abstand halten zu anderen bzw. zu Hause bleiben bei eigener Atemwegssymptomatik insbesondere während der Grippewelle empfehlenswert.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 3.086 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 18.027 Fällen übermittelt (Vergleich 2021: 18 Ausbrüche mit 46 Fällen). 499 der 3.086 gemeldeten Ausbrüche (64 %) sind auf Ausbrüche mit mehr als 5 Personen zurückzuführen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (571) wurden in MW 49 übermittelt. Von den übermittelten Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet wurden, war für 17.075 Fälle das Alter bekannt; die Spanne reichte von 0 bis 105 Jahre. Der Altersmedian lag bei 52,5 Jahren und damit deutlich über dem Altersmedian aller Fälle (zwischen 28 – 29 Jahren). Die Mehrzahl aller Ausbruchsfälle (n=10.800, 63 %) waren zwischen 0 und 14 Jahre alt und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bilden am ehesten die häufige Meldung und Übermittlung von Ausbrüchen in Kindergärten und Schulen ab. Ursächlich ist die große Anzahl

Abb. 6.30.3: Labordiagnostisch bestätigte Influenza-Fälle nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=117.192)



von Infektionen von Kindern, die erstmals mit Influenzaviren in Kontakt kommen und ohne vorbestehende Immunität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert. Insgesamt waren 1.372 (8 %) der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt. 683 dieser Fälle wurden hospitalisiert, 461 wurden nicht hospitalisiert und bei 228 Fällen liegen keine Informationen zur Hospitalisierung vor. Die Anzahl der Ausbrüche sowie die Anzahl der gemeldeten Fälle waren in etwa vergleichbar mit Daten aus dem Jahr 2020.

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza-Infektionen an den labordiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza im Meldesystem vor. Die dargestellten Daten werden aber auch davon beeinflusst, wie viele Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit entweder in der AGI oder bei Initiativen der Bundesländer an labordiagnostisch unterstützten Surveillance-Aktivitäten sowie z. B. an Studien zu Influenza von Universitäten oder pharmazeutischen Unternehmen beteiligen. Für geografische Vergleiche auf Bundesland- oder Landkreisebene eignet sich die Inzidenz der gemäß IfSG übermittelten Fälle aus diesem Grund nur bedingt.

Auch der Vergleich der Inzidenzen über mehrere Jahre würde bei Influenza zu Fehlinterpretationen führen, da die oben geschilderten Initiativen teilweise nur für eine Saison durchgeführt oder neue diagnostische Netzwerke etabliert werden, die die Zahl der Fälle dann ab einer bestimmten Saison steigen lassen.

Beim Vergleich der Meldedaten mit den Vorjahren ist zudem zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Referenzdefinition für Influenza gilt. Die Referenzdefinition wurde auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle unabhängig vom klinischen Bild erweitert, sodass sich Unterschiede in den Fallzahlen zum Teil dadurch erklären lassen.

Für die Bewertung der Krankheitslast und eine geografische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinel-surveillance der AGI erhoben werden, besser geeignet. Das Meldesystem gibt hingegen den zeitlichen Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen und die Betroffenheit der einzelnen Altersgruppen durch Influenza gut wieder. Für die Saison 2021/22 konnte ein für Influenza untypisch verspäteter Anstieg zwischen MW 17 – 20 2022 beobachtet werden sowie in der Saison 2022/23 der Beginn einer außergewöhnlich frühen und starken Grippewelle ab MW 43 2022.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2021/22 zeigen eine sehr niedrige späte Welle (MW 17 – 20), und kurz nach dem Beginn der Saison 2022/23 eine außergewöhnlich frühe Welle mit hoher Influenza-Aktivität (MW 43 – 50), die vergleichbar mit der Grippewelle 2017/18 ist. Der Anstieg kann zum einen auf den Wegfall der Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt werden, die auch eine Übertragung anderer respiratorisch übertragbarer Erreger verhinderten, und zum anderen auf eine fehlende bzw. geringere Grundimmunität sowie hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit bei Kindern, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen. Der Erkrankungsgipfel lag im beobachteten Zeitraum bei Schulkindern im Alter

von 5 bis 9 Jahren, wobei Jungen sowie Mädchen im Alter von 6 Jahren die am stärksten betroffene Gruppe bildeten. Der Erkrankungsgipfel in einer etwas älteren Alterskohorte als in den Vorjahren kann mit der ausgefallenen Grippewelle im Jahr 2021 erklärt werden. Durch den Ausfall der Grippewelle gab es in 2022 auch ältere, immunnnaive Kinder, die in der Herbstwelle 2022 dann ihre in 2021 »aufgeschobene« erste Influenza A-Infektion erlebten. Über die Gesamtbevölkerung hinweg war die Inzidenz in allen Altersgruppen auf Männer und Frauen gleich verteilt. 6,6 % aller Fälle können Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden, wobei in der Altersgruppe der 0- bis 14-Jährigen mit 63 % der Hauptteil der Ausbruchsfälle zu verzeichnen ist. Die Beobachtung der, im Vergleich zu den Vorjahren erhöhten, Influenza-Aktivität über die Sommermonate 2022 ist mit Einschränkungen zu interpretieren: Die WHO weist darauf hin, dass durch die COVID-19-Pandemie in vielen Ländern die Influenza-surveillance-systeme beeinflusst waren, aufgrund Empfehlung der Überwachung der Ko-Zirkulation von Influenzaviren und SARS-CoV-2, und im ambulanten Bereich Influenza die Differentialdiagnostik zu berücksichtigen.

In der Saison 2021/22 wurden neben Influenza-A-Viren auch Influenza-B-Viren nachgewiesen. Influenza A, und hier H₃N₂, war der dominierende Virustyp. Im Vergleich zur Vorjahressaison war der Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenza-Erkrankungen gleichgeblieben, und lag bei 21 %. Der Anteil an hospitalisierten Fällen war in den Altersgruppen 0 bis 4 Jahre (29 %) und bei Erwachsenen zwischen 60 bis 69 Jahren (34 %) und bei Erwachsenen älter als 69 Jahre (62 %) am höchsten.

Insgesamt wurden 861 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition im Jahr 2022 übermittelt; der Altersmedian lag bei 84 Jahren. Von denen im Jahr 2022 zwischen der 40.-52. MW labordiagnostisch bestätigten Meldedfällen lagen bei 63,2 % Impfangaben vor; 93,1 % der gemeldeten Fälle waren ungeimpft, 6,9 % geimpft.

Literaturhinweise

- ARE Wochenberichte der AG Influenza.
<https://influenza.rki.de/Wochenberichte.aspx>
- Influenza Diagramme Deutschland.
<https://influenza.rki.de/Diagrams.aspx?agiRegion=0>
- Uyeki TM, Hui DS, Zambon M, Wentworth DE, Monto AS: Influenza. Lancet 2022. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)00982-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)00982-5)
- WHO (2022): Influenza Update N° 419.
<https://www.who.int/publications/m/item/influenza-update-n-419>
- WHO (2022): Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the northern hemisphere 2022–2023 influenza season and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness.
https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2022-2023/202202_qanda_recommendation.pdf
- WHO (2021): Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2021–2022 northern hemisphere influenza season.
<https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2021-2022-northern-hemisphere-influenza-season>
- STIKO: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022. Epid Bull 2022; 4:3–66.
<https://doi.org/10.25646/9285>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

Zoonotische Influenza

Kurzbeschreibung

Für zoonotische Erkrankungen kommen nur Influenza-A-Viren in Frage. In Tieren zirkulieren Spezies-spezifische Influenza-A-Viren weltweit in Populationen von Vögeln, Schweinen und Pferden, wobei (Wasser-)Vögel das Hauptreservoir bilden. Weltweit sind bisher humane symptomatische Infektionen meist durch Virusübertragungen von Vögeln und Schweinen und sehr selten durch Virusübertragungen von Katzen auf den Menschen bekannt geworden. Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekanntem Influenzaviren an den Menschen adaptieren und fortgesetzt von Mensch zu Mensch übertragbar werden. Damit haben Influenza-A-Viren, die zoonotische Erkrankungen auslösen, immer ein pandemisches Potenzial. Aus diesem Grund wird nachfolgend auf die internationale Situation bei zoonotischen Übertragungen mit aviären und porcinen Influenzaviren eingegangen.

Neben den ausführlicher beschriebenen humanen Erkrankungen durch aviäre Influenzaviren der Subtypen A(H5N1), A(H7N9), A(H5N6) und A(H9N2) sind in China auch einzelne humane Erkrankungen mit den aviären Influenzaviren A(H10N8), A(H7N4) und A(H10N3) identifiziert worden. In China wurden im Jahr 2022 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H3N8) weltweit erstmals berichtet. Zoonotische Übertragungen von porcinen Influenzaviren auf den Menschen sind in verschiedenen Ländern identifiziert worden. Im Jahr 2022 wurde in Deutschland eine humane Infektion mit einem porcinen Influenzavirus als Influenza-A(H1N1)v-Fall identifiziert.

Aviäre Influenza A(H5N1)

Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel) hoch pathogenen aviären Influenza (HPAI) A(H5N1) bei Wildvögeln und Hausgeflügel in mehr als 60 Ländern auf 3 Kontinenten ausgebreitet. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel. Es ist allerdings wahrscheinlich, dass vereinzelt Übertragungen von Mensch zu Mensch stattgefunden haben.

Das aviäre Influenzavirus A(H5N1) zirkulierte 2022 nunmehr ganzjährig in Wildvogelpopulationen in Europa, was früher so nicht beobachtet wurde. Auch außerhalb Europas verbreitete sich 2022 dieses Virus stark. Es ist in der Vergangenheit immer wieder vorgekommen, dass sich vereinzelt Säugetiere mit A(H5N1) infiziert haben. Im Oktober 2022 wurden – im Rahmen des bislang größten A(H5N1)-Ausbruchs bei Vögeln in Europa – Infektionen bei Nerzen auf einer Nerzfarm in Spanien detektiert. Die Nerze haben sich möglicherweise gegenseitig infiziert. Generell ist es möglich, dass sich Influenzaviren über Säugetiere besser an den Menschen anpassen.

Im Jahr 2022 wurden aus China, Ecuador, den USA und Vietnam jeweils ein humaner Fall und aus Spanien 2 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H5N1) an die WHO berichtet und davon verstarb der humaner Fall in China. Alle humanen Fälle hatten vor Auftreten der Symptome Kontakt zu Geflügel. Die WHO bestätigte, dass seit 2003 bei 873 Personen aus 22 Ländern aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen wurde und davon 52 % (458 Fälle) verstarben (Datenstand: 03.03.2023).

Aviäre Influenza A(H7N9)

Im April 2013 wurde in China bei Geflügel sowie in Umgebungsproben von Geflügelmärkten ein neues aviäres (für Geflügel

niedrig pathogenes) Influenza-A(H7N9)-Virus identifiziert, nachdem dieses Virus zunächst erstmals bei 3 schwer erkrankten Menschen in China nachgewiesen worden war. Im Februar 2017 wurde erstmals von Nachweisen eines neuen Influenza-A(H7N9)-Virus in China berichtet, das für Geflügel hochpathogen ist. In der Saison 2016/17 wurden 25 humane Fälle mit dem HPAI A(H7N9)-Virus in China identifiziert. Unterschiede in der Krankheitsschwere der humanen Fälle zwischen niedrig und hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Viren wurden bisher nicht gezeigt. Das Risiko einer Übertragung zwischen Menschen wird als gering bewertet. Ab September 2017 wurde in China das Geflügel mit einem bivalenten Totimpfstoff gegen H5/H7 geimpft. Die Zahl der Fälle beim Geflügel, aber auch der humanen Fälle sank daraufhin drastisch.

Im Jahr 2022 wurden keine humanen Fälle mit aviärer Influenza A(H7N9) gemeldet. Seit 2013 wurden der WHO insgesamt 1.568 humane Fälle gemeldet, darunter 616 (39 %) Todesfälle (Datenstand: 10.03.2023).

Aviäre Influenza A(H5N6)

Vom 14. Dezember 2021 bis zum 05. Januar 2023 wurden von China 26 humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) Influenza A(H5N6) gemeldet (Datenstand: 05.01.2023). Seit 2014 wurden insgesamt 84 humane Fälle identifiziert, darunter 33 (39 %) Todesfälle (Datenstand: 10.03.2023).

Aviäre Influenza A(H9N2)

In den Jahren 2009 bis 2013 sind in China mehrere neuartige Influenza-A-Subtypen mit ursprünglich aus Influenza A(H9N2)-Viren stammenden Genen entstanden. Aviäre Influenzaviren des Subtyps A(H9N2) selbst haben ebenfalls in den letzten Jahren vereinzelt zu humanen Erkrankungen geführt, in den allermeisten Fällen bei Kindern in Asien. Die meisten Erkrankungsverläufe waren mild und selbst-limitierend.

Im Jahr 2022 wurden von China 15 humane Fälle und von Kambodscha ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H9N2) gemeldet (Datenstand: 05.01.2023). Seit Dezember 2015 wurden insgesamt 82 humane Fälle aus China und 2 humane Fälle aus Kambodscha an die WHO berichtet (Datenstand: 10.03.2023).

Aviäre Influenza A(H3N8)

Im April 2022 wurde weltweit erstmals ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H3N8) in China berichtet. Im Mai 2022 wurde ein weiterer humaner Fall mit Infektion durch diesen Subtyp in einer anderen Provinz Chinas berichtet. Beide Fälle betrafen Kinder, welche vor Auftreten der Symptome Kontakt zu lebendem Geflügel hatten.

Aviäre Influenza A(H10N3)

Im Jahr 2022 wurde von China ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H10N3) gemeldet. Insgesamt wurden weltweit 2 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H10N3) aus China an die WHO berichtet (Datenstand: 10.03.2023).

Porcine Influenza

Die in Schweinen nachgewiesenen Influenza-A-Viren (porcine Viren) gehören zu den gleichen Subtypen, die auch bei Menschen zirkulieren. Um deutlich zu machen, dass ein Mensch mit einem porcinen Virus infiziert wurde, werden Schweine Influenzaviren aus menschlichen Proben mit dem Kürzel »v«

für Variante gekennzeichnet: A(H1N1)v, A(H1N2)v, A(H3N2)v. Die Krankheitsschwere ist oft mit einer saisonalen Grippe-erkrankung vergleichbar.

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

Im Jahr 2022 wurde jeweils ein A(H1N1)v-Fall in Brasilien, China, Dänemark und Deutschland berichtet. Sechs Influenza-A(H1N2)v-Fälle in den USA und jeweils ein A(H1N2)v-Fall in den Niederlanden und in Taiwan wurden berichtet. Fünf Influenza-A(H3N2)v-Fälle in den USA wurden berichtet (Datenstand: 05.01.2023).

Situation in Deutschland

Dem Gesundheitsamt wird gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 Buchst. s IfSG der Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie der Tod in Bezug auf zoonotische Influenza sowie gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 25 IfSG der direkte Nachweis von Influenzaviren namentlich gemeldet. Beim Eingang einer Verdachtsmeldung von zoonotischer Influenza am Gesundheitsamt sollte unverzüglich eine Übermittlung gemäß § 12 IfSG erfolgen. Das RKI hat für humane (Verdachts-) Fälle von Influenza A(H5N1) und Influenza-A(H7N9) jeweils eine Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung veröffentlicht. Bei einigen wenigen humanen Verdachtsfällen von Influenza A(H7N9), die gemeldet und gemäß § 12 Abs. 1 IfSG an das RKI übermittelt wurden, konnte das Nationale Referenzzentrum für Influenza den Verdacht auf eine zoonotische Influenza nach Analyse der Patientenproben ausschließen.

In Deutschland wurden wie in den Vorjahren keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt. Ein Influenza-A(H1N1)v-Fall wurde vom Nationalen Referenzzentrum für Influenza bestätigt, als zoonotische Influenza an das RKI übermittelt und im Mai 2022 gemäß internationaler Gesundheitsvorschrift (IGV) der WHO gemeldet. Die Infektion wurde bei einem Erwachsenen aus Nordrhein-Westfalen festgestellt. Der Fall hatte keinen direkten Kontakt zu Schweinen, lebte jedoch in einer Region mit vielen Schweinefarmen und hatte Kontakte zu Schweinehaltern. Der Fall musste nicht im Krankenhaus behandelt werden und ist von der Erkrankung genesen.

Literaturhinweise

- FLI (2023): Risikoeinschätzung zur Hochpathogenen Aviären Influenza H5 (HPAI H5) Klade 2.3.4.4B, Stand 13.03.2023. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00052010/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAI_H5_2023-03-13_bf.pdf
- FLI (2023): FAQ Hochpathogene Aviäre Influenza (HPAI, Geflügelpest, »Vogelgrippe«), Stand: 02.02.2023. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00051522/FLI-Information-FAQ-Gefluegelpest-2023-02-02_bf.pdf
- EFSA, ECDC, EURL, et al. (2023): Scientific report: Avian influenza overview December 2022 – March 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/avian-influenza-overview-december-2022-march-2023>
- WHO (2023): Monthly risk assessment summary: influenza at the human-animal interface. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary>
- WHO (2023): Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003 – 2023. [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2023-3-march-2023](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2023-3-march-2023)

WHO Western Pacific Region (2023): Avian Influenza Weekly Update Number 886. https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai_20230310.pdf?sfvrsn=22eao816_25

Zeng X, Tian G, Shi J, Deng G, Li C, Chen H.: Vaccination of poultry successfully eliminated human infection with H7N9 virus in China. Sci China Life Sci 2018. <https://doi.org/10.1007/s11427-018-9420-1>

RKI (2023): Zoonotische Influenza.

<https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html>

6.31 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.738
- ▶ Zunahme der Erkrankungszahlen um 115 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kleinkindern
- ▶ Der Anteil der Erkrankungen mit *B. parapertussis* hat deutlich zugenommen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 58 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 240 Ausbrüche im Jahr 2022 zumeist in Kindergärten und Horteinrichtungen sowie Privathaushalten

Kurzbeschreibung

Keuchhusten ist eine hochansteckende respiratorische Infektionskrankheit, die durch das gramnegative Bakterium *Bordetella pertussis*, seltener durch *B. parapertussis*, verursacht wird. Nach unspezifischen, erkältungsähnlichen Symptomen von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallartige Husten, der häufig mit Atemnot und Erbrechen einhergeht und erst nach mehreren Wochen bis Monaten abklingt. Bei Jugendlichen und Erwachsenen wie auch bei vielen geimpften Kindern ist das klinische Bild häufig weniger stark ausgeprägt. Bei Säuglingen können klinisch Apnoen (Atemstillstände) im Vordergrund stehen. Komplikationen wie Lungenentzündungen, Atelektasen, Mittelohrentzündungen, seltener zerebrale Krampfanfälle oder Enzephalopathien treten vor allem bei Säuglingen auf. Gegen *B. pertussis* stehen verschiedene Totimpfstoffe zur Verfügung. Eine bundesweite Meldepflicht für Ärztinnen und Ärzte und Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Falldefinition

Von 4.216 im Jahr 2022 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten nur 1.738 (41 %) die Referenzdefinition, da bei den restlichen Fällen Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren (Vorjahr: 38 %). Der Anteil der Fälle, die die Referenzdefinition erfüllt haben, ist mit 55 % (552 von 1.010 Erkrankungen) in den 5 östlichen Bundesländern deutlich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin mit 37 % (1.186 von 3.206 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 1.738 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.31.1).

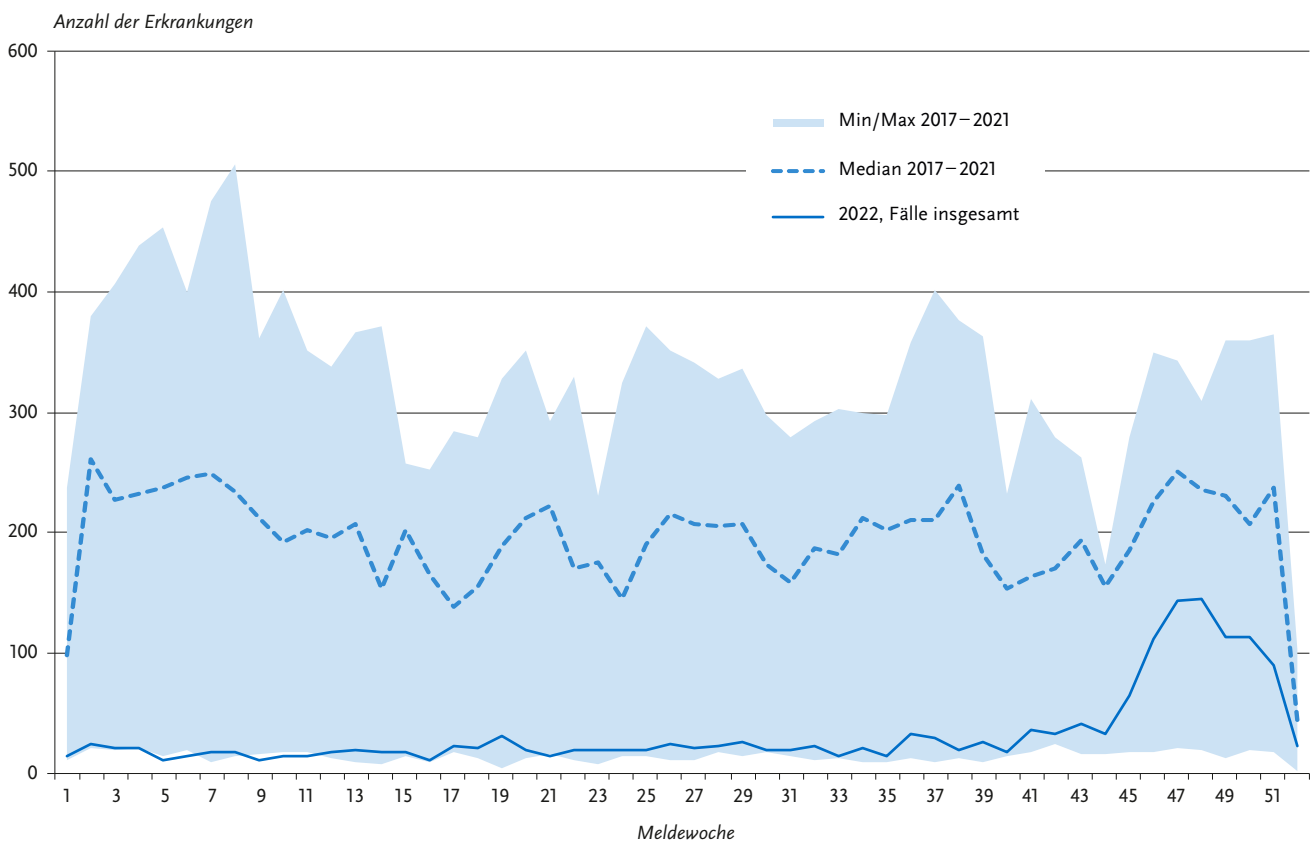
Zeitlicher Verlauf

Erstmals konnte im IV. Quartal 2022 ein Anstieg der während der COVID-19-Pandemie sehr niedrigen Fallzahlen beobachtet werden. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermit-

Tab. 6.31.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	0 %	50	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	804	37 %	1.688	40 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	861	40 %	1.701	40 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	481	22 %	777	18 %
alle	2.152	100 %	4.216	100 %
Referenzdefinition (B+C)	810	38 %	1.738	41 %

Abb. 6.31.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2022 (n=1.738) im Vergleich mit den Vorjahren



telten Erkrankungen um 115 % deutlich zu (2021: 810), erreichte jedoch nicht die jährlichen Fallzahlen, wie sie vor der COVID-19-Pandemie beobachtet wurden. Eine eindeutige Saisonalität, die bei Keuchhusten-Erkrankungen auch in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie nicht beobachtet werden konnte, lässt sich damit nicht erkennen (s. Abb. 6.31.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 1,0 Erkr./100.000 Einw.).

Dabei lag die Inzidenz in Bayern, Brandenburg, Niedersachsen, im Saarland, Sachsen-Anhalt und Thüringen über diesem Wert. In allen anderen Bundesländern lag sie darunter (s. Abb. 6.31.2). Die Inzidenz liegt 2022 damit weiterhin in allen Bundesländern unter dem jeweiligen Median der jährlichen Inzidenz der 5 Vorjahre.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 935 Erkrankungen (54 %) vor (938 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (98 % der Nennungen).

Abb. 6.31.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.738)

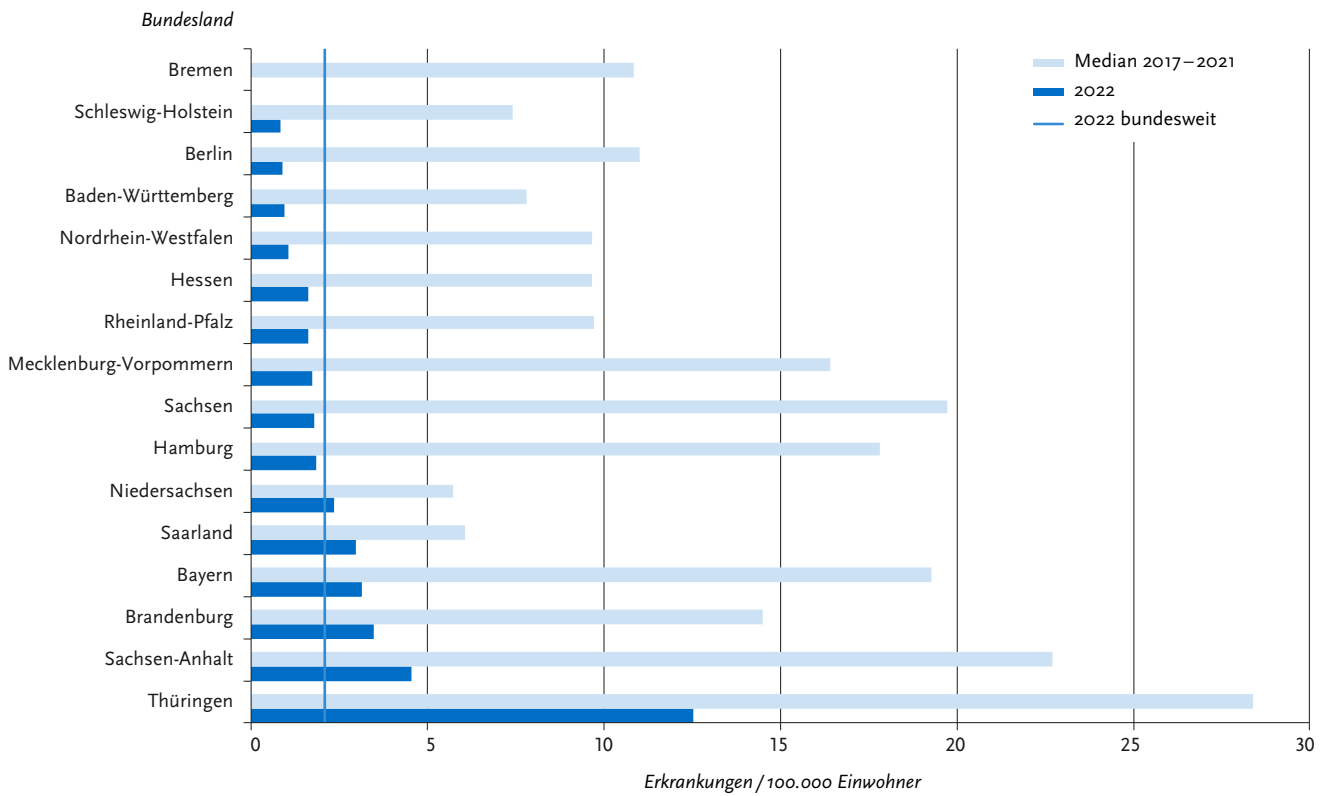
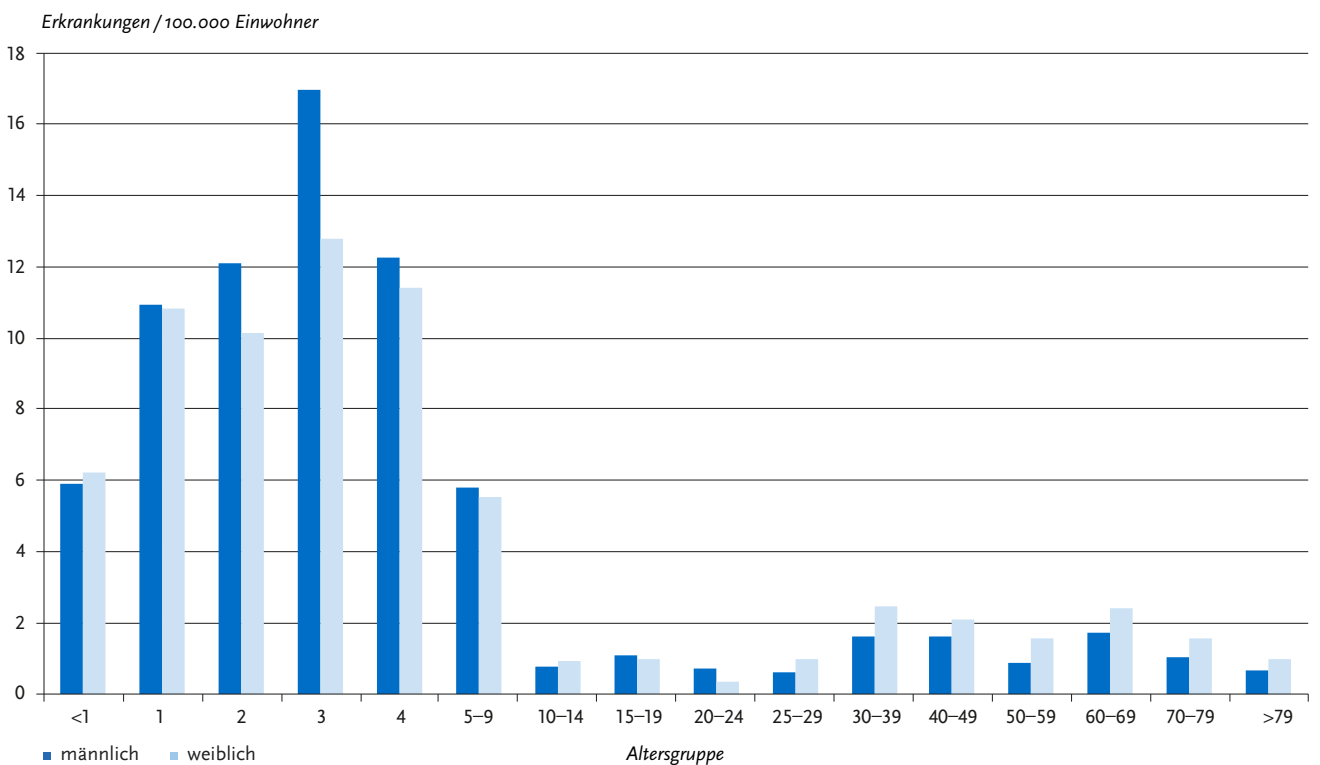


Abb. 6.31.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.735)



Demografische Verteilung

Kinder unter 5 Jahren waren wie in den Vorjahren am stärksten von Keuchhusten-Erkrankungen betroffen. Die höchsten Inzidenzen traten hierbei mit 14,9 Erkr./100.000 Einw. bei 3-jährigen Kindern auf, gefolgt von 4-, 2- und 1-jährigen Kindern (11,8 bzw. 11,2 bzw. 11,0 Erkr./100.000 Einw.) (Abb. 6.31.3). Säuglinge unter einem Jahr zeigten eine mit Kindern von 5 bis 9 Jahren vergleichbare Inzidenz (6,1 bzw. 5,7 Erkr./100.000 Einw.). Ältere Kinder, Jugendliche und junge Erwachsene (10 bis 29 Jahre) sowie Personen ab 80 Jahre zeigten die geringsten Inzidenzen aller Altersgruppen (0,6 bis 1,0 Erkr./100.000 Einw.). In den Altersgruppen zwischen 30 und 79 Jahren lag die Inzidenz zwischen 1,2 und 2,1 Erkr./100.000 Einw.; hier wurden die höchsten Inzidenzen bei Frauen im Alter von 30 bis 39 Jahren verzeichnet.

Insgesamt lag die Inzidenz bei Mädchen und Frauen mit 2,2 Erkr./100.000 Einw. etwas höher als bei Jungen und Männern (1,9 Erkr./100.000 Einw.), v. a. im Kleinkindalter, bei jungen Erwachsenen waren männliche Personen jedoch etwas stärker betroffen (s. Abb. 6.31.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 1.644 (95 %) der 1.738 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 93 %). Davon waren 66 % *B. pertussis* (Vorjahr: 95 %) und 33 % *B. parapertussis* (Vorjahr: 5 %). Damit hat der Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr deutlich zugenommen.

Klinische Aspekte

Für 1.535 Erkrankte (88 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 99 (6 %) im Zusammenhang mit ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Personen ab dem Alter von 80 Jahren mit 35 % (16 von 46) und Säuglingen mit 30 % (13 von 44) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er bei 12 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 11 %, ansonsten lag dieser Anteil zwischen 0 % und 8 %. Apnoen wurden bei 4 (8 %) der 48 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Es wurde ein Todesfall aufgrund von Keuchhusten übermittelt.

Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit Mitte 2020 eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 3 Impfstoffdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle Kinder im Alter von 2, 4 und 11 Monaten (sogenanntes 2 + 1-Impfschema). Bis Mitte 2020 empfahl die STIKO eine Grundimmunisierung bestehend aus 4 Impfstoffdosen für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten; dieses 3 + 1-Impfschema gilt weiterhin für Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene). Zudem empfiehlt die STIKO Auffrischimpfungen im Vorschul-, im

Jugendalter sowie einmalig für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap). Darüber hinaus empfiehlt die STIKO seit 2020 Schwangeren eine Impfung gegen Pertussis in jeder Schwangerschaft. Die Bewertung, ob anhand der vorliegenden Angaben zum Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf den Empfehlungen der STIKO sowie auf den Fachinformationen der verfügbaren Impfstoffe, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tab. 6.31.2 zeigt die Mindestanzahl erforderlicher Impfstoffdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes für verschiedene Altersgruppen, wobei der Impfschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gewertet wurde. Aktuelle Daten deuten darauf hin, dass der Schutz nach der letzten Impfung bei einem Teil der Geimpften bereits vor der nächsten empfohlenen Auffrischimpfung nachlässt. Für diese Auswertung wird ein als ausreichend anzunehmender Impfschutz nach den Kriterien in Tabelle 6.31.2 definiert.

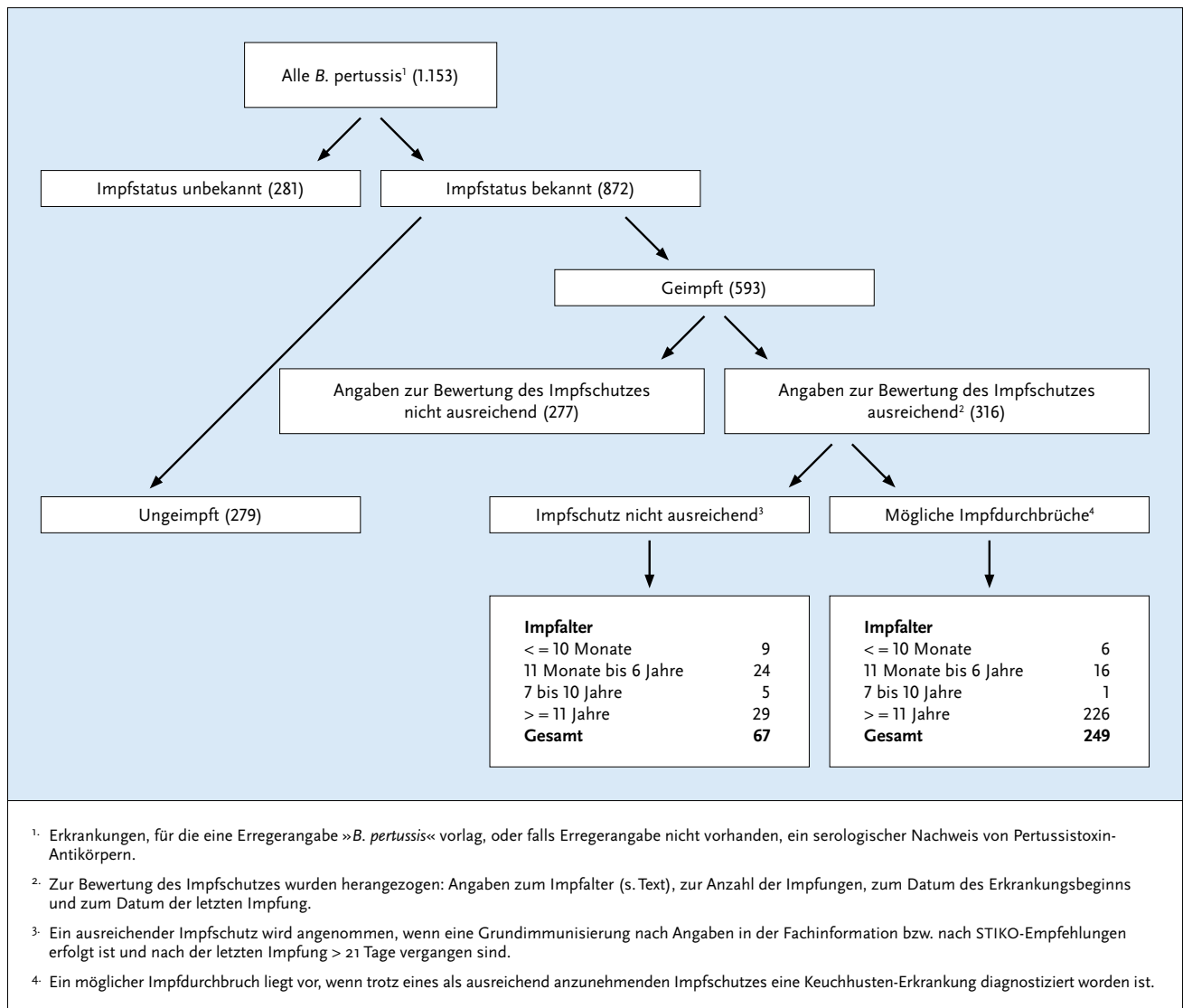
In die Bewertung der Impfdurchbrüche wurden nur Erkrankungen eingeschlossen, für die eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag oder für die eine Erregerangabe fehlte, aber für die ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag (1.153 Erkrankungen) (s. Abb. 6.31.4). Dieser Nachweis ist spezifisch für *B. pertussis*. Da *B. parapertussis* nicht impfpräventabel ist, wurden Erkrankungsfälle mit der Erregerangabe »*B. parapertussis*« sowie mit fehlender Erregerangabe, für die kein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag, ausgeschlossen (585 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungen lag für 872 (76 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 279 (32 %) nicht geimpft und 593 (68 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfstoffdosen, das Datum der letzten Impfung oder das Datum des Erkrankungsbeginns bei 277 (47 %) unvollständig oder nicht plausibel, sodass der Impfstatus nur von 316 (53 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 595 Erkrankten bewertbar (279 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 316 Erkrankte mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von diesen 595 Fällen mit ausreichenden Angaben zum Impfstatus hatten 249 (42 %) einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz; bei diesen Personen ist ein möglicher Impfdurchbruch anzunehmen (Abb. 6.31.4). Für die Beurteilung, ob ein ausreichender Impfschutz vorgelegen hat, wurde das seit Mitte 2020 empfohlene 2+1-Impfschema der STIKO zugrunde gelegt. Es kann davon ausgegangen werden, dass dieses neue Impfschema für die 2022 erkrankten Säuglinge verwendet wurde und ggf. auch schon für ältere Altersgruppen. Wahrscheinlich wird hiermit die Anzahl der möglichen Impfdurchbrüche jedoch überschätzt, weil ein relevanter Anteil der Kinder ab einem Jahr noch nach dem alten 3+1-Impfschema geimpft worden sein dürfte.

Tab. 6.31.2:
Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes nach Alter bei der letzten Impfung (entsprechend der seit Mitte 2020 geltenden STIKO-Empfehlung)

Alter bei letzter Impfung	bis 10 Monate	11 Monate bis 6 Jahre	7 bis 10 Jahre	ab 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfstoffdosen	2	≥ 3	≥ 4	≥ 1
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	1 Jahr	5 Jahre	10 Jahre	10 Jahre

Abb. 6.31.4:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=1.153)



¹ Erkrankungen, für die eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag, oder falls Erregerangabe nicht vorhanden, ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern.

² Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zum Impfalter (s. Text), zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.

³ Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation bzw. nach STIKO-Empfehlungen erfolgt ist und nach der letzten Impfung > 21 Tage vergangen sind.

⁴ Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Keuchhusten-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

Ausbrüche

Insgesamt traten 240 der 1.738 (14 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 44 Ausbrüchen auf. 30 dieser Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankungen, bei 14 Ausbrüchen wurden 5 oder mehr Fälle pro Ausbruch übermittelt. Bei allen 14 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag eine Angabe zum Umfeld vor: Diese traten überwiegend in Kindergärten/Horteinrichtungen (12; 86 %), aber auch im privaten Haushalt (2; 14 %) auf. Bei den 30 Ausbrüchen mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen wurden unter den 28 Angaben zum Infektionsumfeld (93 %) Privathaushalte (16; 57 %) und Kindergärten/Horteinrichtungen (12; 43 %) genannt. Im Vorjahr waren 6 Ausbrüche mit 13 Erkrankungen übermittelt worden.

Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, die die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.31.1), liegt mit 41 % etwas höher als im Vorjahr (38 %), ist aber insgesamt immer noch niedrig. Ein möglicher Grund für diesen

geringen Anteil ist, dass eine regelgerechte Meldung gemäß IfSG durch Labore häufiger erfolgt als durch die Ärzteschaft. Nach Labormeldungen werden Zusatzermittlungen bezüglich klinischer Kriterien durch die Gesundheitsämter notwendig, die nicht immer erfolgreich sind. In den westlichen Bundesländern und Berlin lag der Anteil der übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition erfüllten, mit 37 % deutlich niedriger als in den 5 östlichen Bundesländern mit 55 %. Möglicherweise ist bei Ärztinnen und Ärzten vor allem in den westlichen Bundesländern die Meldepflicht für Keuchhusten immer noch nicht so bekannt wie in den östlichen Bundesländern, wo Meldepflichten beruhend auf Landesverordnungen schon viel länger bestanden. Aufgrund des hohen Meldeaufkommens ist die Ermittlung der klinischen Kriterien für die Gesundheitsämter zudem mit hohem Aufwand verbunden, der 2022 ggf. auch infolge der COVID-19-Pandemie nicht immer geleistet werden konnte. Zudem könnte es sich bei serologischen Nachweisen ohne Symptomanzeige möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen und nicht um akute Erkrankungen handeln.

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 5 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; dieser Anteil konnte im Vergleich zum Vorjahr leicht gesenkt werden, es besteht jedoch noch Verbesserungsbedarf.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei jeder vierten übermittelten Keuchhusten-Erkrankung durch *B. pertussis* fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 47 % der als geimpft übermittelten Erkrankungen die Angaben nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen Angaben zum Erreger, zum Datum der letzten Impfung und zur Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Insbesondere bei Säuglingen werden die Angaben zur mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft häufig gar nicht oder nicht vollständig übermittelt. Zusätzlich wurde bei 51 (20 %) der 249 Fälle, die als ausreichend geimpft eingestuft wurden, lediglich ein einmaliger serologischer Nachweis innerhalb von 12 Monaten nach der Impfung als einziger labor diagnostischer Nachweis angegeben, obwohl ein serologischer Nachweis bei dieser Konstellation entsprechend den Empfehlungen des ECDC nicht aussagekräftig ist. Bei diesen Fällen handelt es sich möglicherweise um falsch-positive Diagnosen, wodurch die Anzahl der wahrscheinlichen Impfdurchbrüche in dieser Auswertung überschätzt wird. In der seit 2015 gültigen Falldefinition befindet sich ein entsprechender Hinweis zur Bewertung der Diagnostik durch das Gesundheitsamt.

Fazit

Mit 2,1 Erkr. pro 100.000 Einw. im Jahr 2022 ist die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland zum ersten Mal seit 2017 gestiegen. Der Rückgang fiel 2020 und 2021 deutlich stärker aus als in den beiden Jahren davor; dies liegt mit hoher Wahrscheinlichkeit an den Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, wie z. B. das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und die generellen Kontaktbeschränkungen. Zusätzlich wurde bei leichteren Verläufen möglicherweise seltener ein Arzt oder eine Ärztin aufgesucht und damit weniger Diagnosen gestellt. Neben Klein- und Grundschulkindern sind weiterhin Säuglinge (6,1 Erkr./100.000 Säuglinge) besonders stark betroffen: Diese müssen häufig hospitalisiert werden und haben ein hohes Risiko für Komplikationen. Auffallend war im Jahr 2022 auch der hohe Anteil an Hospitalisierungen bei Personen ab 80 Jahren. Vermutlich führte auch die enorme Arbeitslast der Gesundheitsämter dazu, dass nicht immer vollumfänglich alle klinischen Kriterien ermittelt und erfasst werden konnten und mehr als die Hälfte (59 %) der übermittelten Fälle zwar labor diagnostisch gesichert waren, jedoch nicht die Kriterien des klinischen Bildes – und daher nicht die Referenzdefinition – erfüllten. Die tatsächliche Keuchhusten-Inzidenz wird damit wahrscheinlich deutlich unterschätzt.

Bei Fällen mit einer Angabe zum Erreger machten Erkrankungen durch *B. parapertussis* mit 33 % einen deutlich höheren Anteil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus als in den Jahren seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht 2013 (zwischen 3 % und 9 %).

Angaben zur mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft im Falle von erkrankten Säuglingen sollten unbedingt ermittelt werden, um Aufschluß über die Wirkung der seit 2020 empfohlenen Impfung für Schwangere sammeln zu können. Im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten geht ein hoher Anteil der Fälle auf Impfdurchbrüche bei

vollständig Geimpften zurück (79 %). Auch wenn dieser Anteil sicher durch die Anwendung des seit 2020 empfohlenen 2 + 1 -Impfschemas auf die Bewertung der Impfdurchbrüche überschätzt ist, steht dies jedoch im Einklang mit Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der an Pertussis Erkrankten – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (58 %) und die Erkrankung hätte mit einem ausreichenden Impfschutz wahrscheinlich zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

- Vygen-Bonnet S, Hellenbrand W, Garbe E, et al.: *Safety and effectiveness of acellular pertussis vaccination during pregnancy: a systematic review.* BMC Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-4824-3>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut 2023.* Epid Bull 2023; 4:3–68. <https://doi.org/10.25646/10829.2>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance.* Epid Bull 2022; 48:3–25. DOI 10.25646/10838
- AG 6-fach-Impfung (DTaP-IPV-Hib-HepB) der STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung der 6-fach Impfung (DTaP-IPV-Hib-HepB) nach dem 2 + 1-Impfschema.* Epid Bull 2020; 26:3–21. <https://doi.org/10.25646/6955.2>
- AG Pertussis der STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung der Pertussisimpfung mit einem Tdap-Kombinationsimpfstoff in der Schwangerschaft.* Epid Bull 2020; 14:3–34. <https://doi.org/10.25646/6584>
- STIKO: *Überprüfung der Impfeempfehlung für eine einmalige Pertussis(ap) – Impfung im Erwachsenenalter (Stand: 15.3.2019).* Epid Bull 2019; 15:125–127. <https://doi.org/10.25646/6045.2>
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

6.32 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.969
- ▶ Zunahme der Inzidenz um 15 % im Vergleich zum Median der Jahre 2017 – 2021
- ▶ Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen (21 %) ist im Vergleich zu den beiden Vorjahren (etwa 10 %) gestiegen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- ▶ 11 Ausbrüche mit 26 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die Kryptosporidiose ist eine Darminfektion, die durch Parasiten der Gattung *Cryptosporidium* verursacht wird. *C. parvum* wird von infizierten Menschen und Tieren, z. B. Hunden, Katzen, Rindern und Schafen, mit dem Kot ausgeschieden.

C. hominis kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. Bei der Spezies *C. hominis*, die auch Ausbrüche beim Menschen verursacht, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Die Übertragung der Erreger erfolgt fäkal-oral, über verunreinigtes Wasser oder kontaminierte Lebensmittel. Normalerweise heilt die Erkrankung nach oft wochenlang anhaltenden Bauchschmerzen und Durchfällen von selbst aus, allerdings kann es bei abwehrgeschwächten Personen zu schweren chronischen und unter Umständen tödlichen Verläufen kommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.32.1).

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

Zeitlicher Verlauf

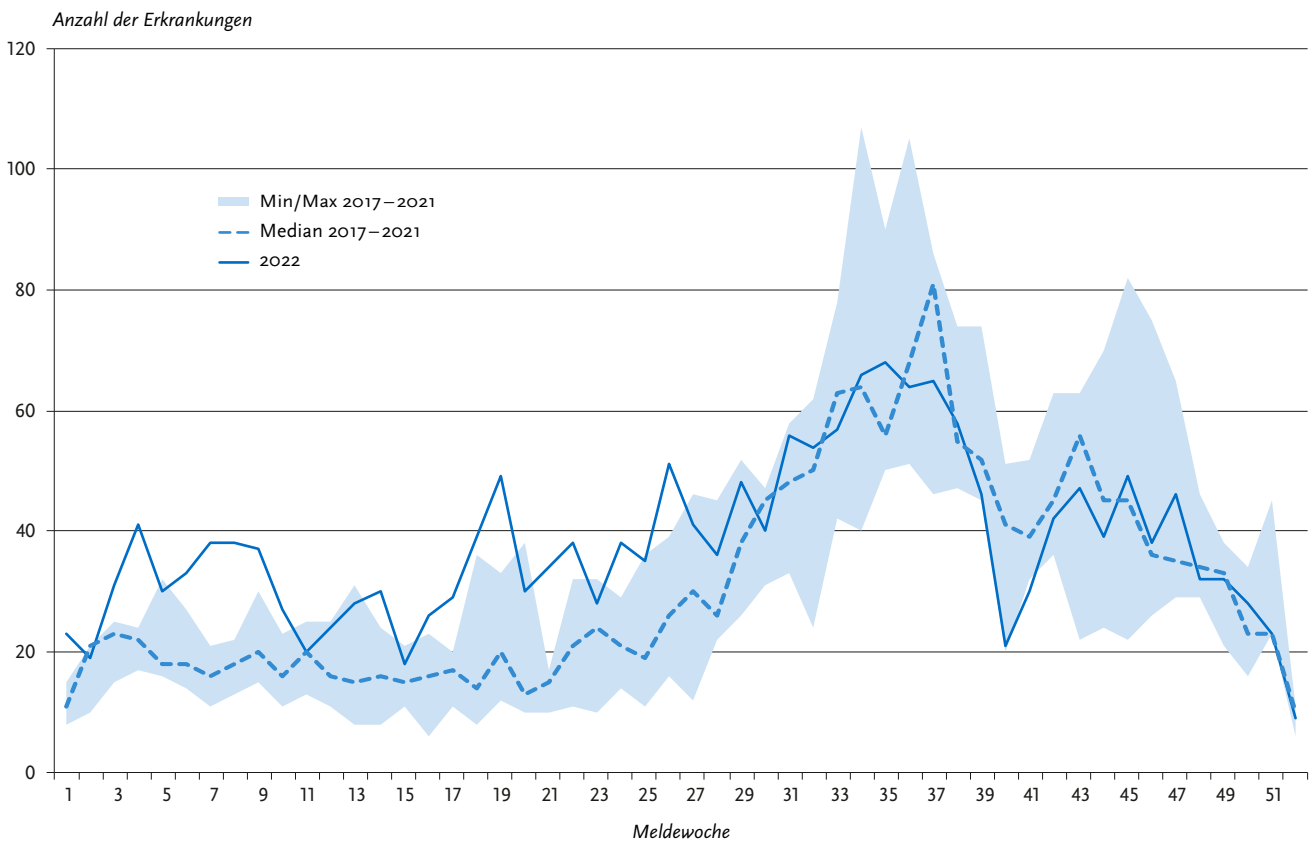
Im Jahr 2022 wurden insgesamt 1.969 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme um 30 % gegenüber dem Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 2,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit um 15 % höher als der Median der 5 Vor-

jahre (2,1). Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2022 trat die höchste Anzahl von Erkrankungen im August und September (31. bis 38. Meldewoche) auf (s. Abb. 6.32.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während Baden-Württemberg (0,8 Erkrankungen/100.000 Einwohner), Bayern (1,0) und Bremen (1,0) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (9,1), Sachsen (5,1), Berlin (5,1) und Thüringen (4,5) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In 10 Bundesländern lag die Inzidenz über

Abb. 6.32.1: Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2022 (n=1.969) im Vergleich mit den Vorjahren

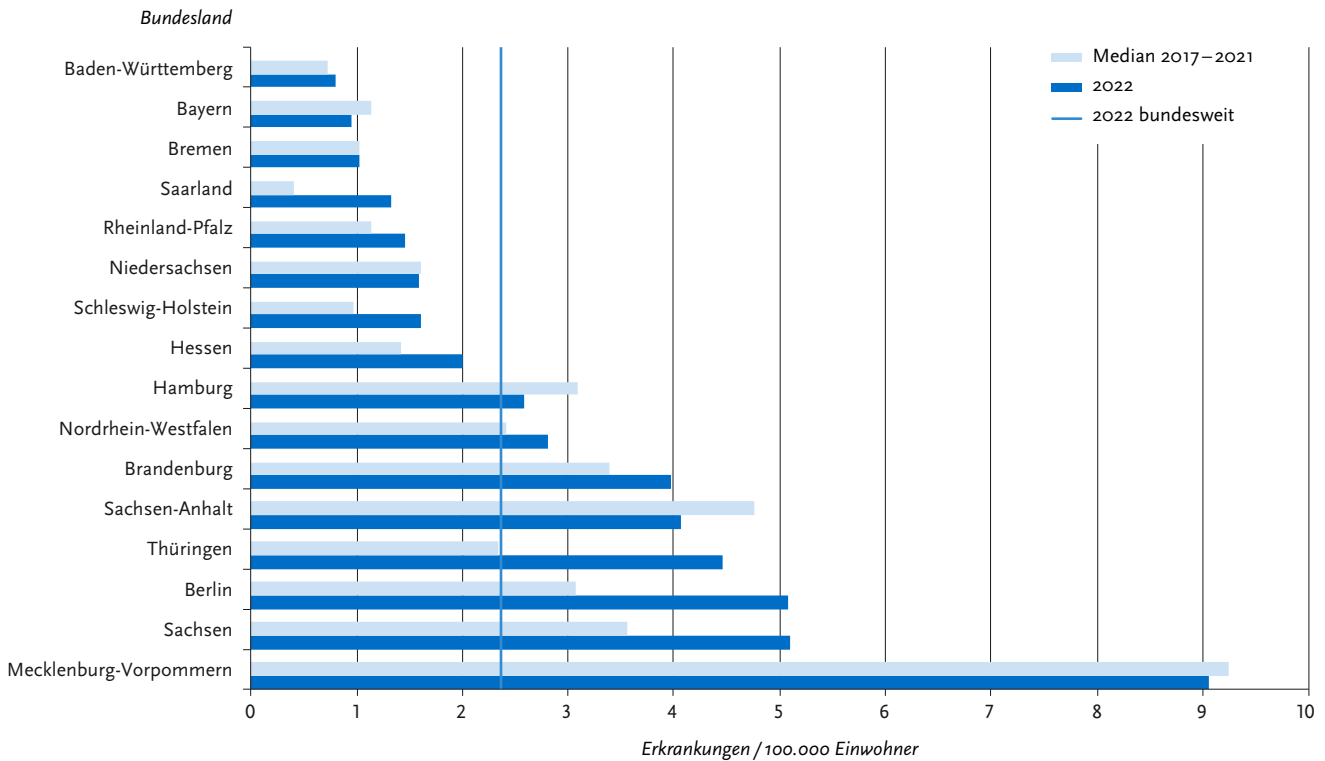


Tab. 6.32.1: Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	0 %	5	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.508	81 %	1.964	82 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	78	4 %	100	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	265	14 %	338	14 %
alle	1.857	100 %	2.407	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.514	82 %	1.969	82 %

Abb. 6.32.2:

Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.969) im Vergleich mit den Vorjahren



dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre. Die größte relative Zunahme wurde im Saarland (+231 %), in Thüringen (+94 %), Berlin (+64 %) und Schleswig-Holstein (+61 %) verzeichnet. In Bremen und Niedersachsen war die Inzidenz im Jahr 2022 etwa so hoch wie der Median der 5 Vorjahre; in Hamburg (relative Abnahme -17 %), Sachsen-Anhalt (-16 %), Bayern (-13 %) und Mecklenburg-Vorpommern (-2 %) lag die Inzidenz unter dem Median der 5 Vorjahre. In 8 Bundesländern (Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Berlin, Thüringen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Nordrhein-Westfalen und Hamburg) lag die Inzidenz im Jahr 2022 über der bundesweiten Inzidenz (2,4 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.32.2).

Bei 1.251 Erkrankungen (64 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.276 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 79 % der Nennungen auf Deutschland (1.004 Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren die Türkei (50), Ägypten (20) und Spanien (15).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern im Alter von ein bis 9 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (jeweils 9,5 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 55 % der Erkrankten waren weiblich; dementsprechend war die Inzidenz bei weiblichen Personen höher als bei männlichen (2,6 bzw. 2,2) (s. Abb. 6.32.3). Außer bei den einjährigen Kindern war die Inzidenz bei Jungen unter 5 Jahren höher als bei Mädchen. In den älteren Altersgruppen dagegen war die Inzidenz, bis auf Ausnahmen (10 – 14 Jahre, > 79 Jahre), bei weiblichen Personen höher als bei männlichen. In den Alters-

gruppen der 20- bis 24-Jährigen und der 25- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen (3,6 bzw. 4,0) etwa doppelt so hoch wie bei den Männern (1,4 bzw. 2,2).

Klinische Aspekte

Bei allen übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 90 % der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 72 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2022 wurde ein Kryptosporidiose-Fall als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt. Es handelte sich um eine etwa 80-jährige Person.

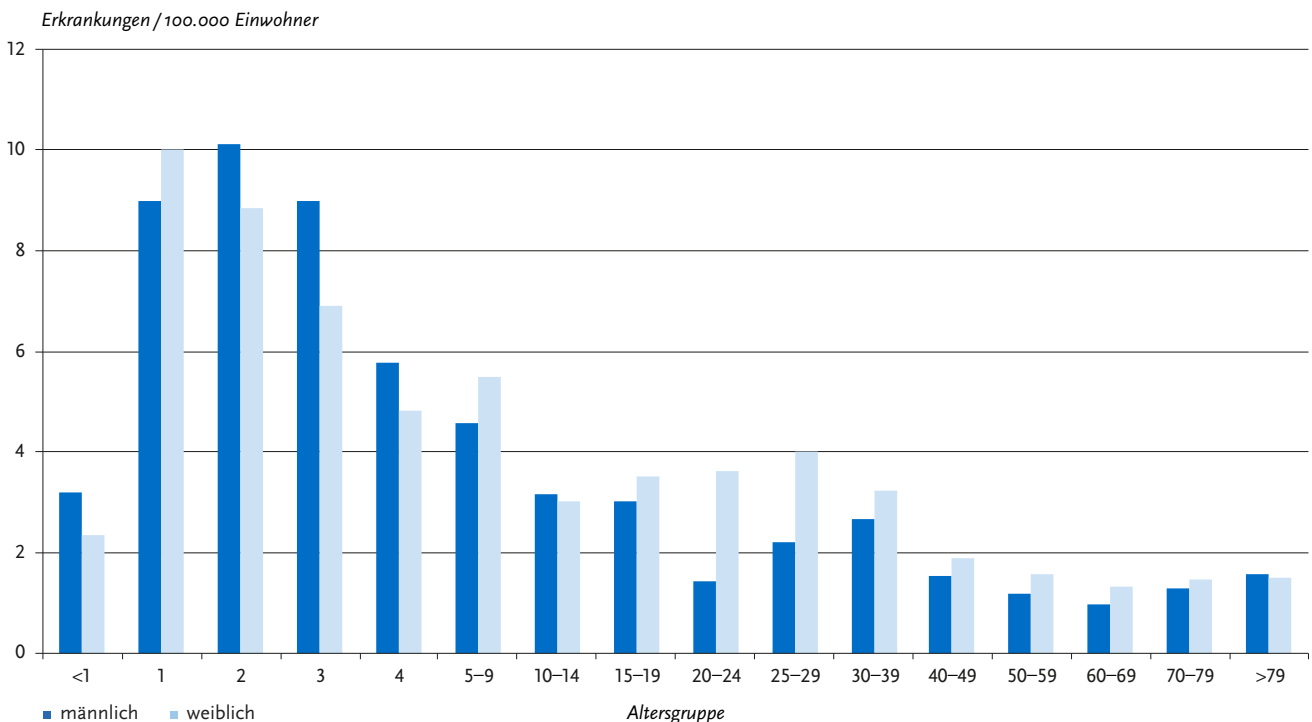
Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 11 Ausbrüche mit insgesamt 26 Erkrankungen übermittelt (2021: 13 Ausbrüche mit 30 Erkrankungen). Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 1 %. Im Jahr 2022 wurde kein Ausbruch mit 5 oder mehr Fällen übermittelt. Vier Ausbrüche umfassten jeweils 3 Erkrankungen. Zwei dieser 4 Ausbrüche wurden als lebensmittelbedingt übermittelt, bei den beiden anderen Ausbrüchen wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen. Bei 2 der 4 Ausbrüchen mit 3 Erkrankungen waren die Erkrankten im Ausland exponiert gewesen. Die übrigen Ausbrüche wurden mit jeweils 2 Erkrankungen (7 Ausbrüche) übermittelt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass vor allem bei erwachsenen Personen mit Durchfallsymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer Untererfas-

Abb. 6.32.3: Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.965)



sung der Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe auszugehen ist. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen im Vergleich zu Kindern teilweise erklären. Seit dem 29.03.2013 sind alle humanpathogenen *Cryptosporidium*-Spezies meldepflichtig. Die in der Routinediagnostik gängigen Methoden (Antigennachweis, mikroskopischer Nachweis, Nukleinsäurenachweis) erlauben keine Differenzierung der *Cryptosporidium*-Spezies.

Fazit

Während in den Jahren 2015 bis 2019 zwischen 1.700 und 2.000 Fälle übermittelt worden waren (Median: 1.810), wurden in den Jahren 2020 (1.193) und 2021 (1.514) deutlich weniger Fälle verzeichnet. Es ist zu vermuten, dass diese geringere Zahl, zumindest teilweise, mit der COVID-19-Pandemie im Zusammenhang steht. Der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen war in den Jahren 2020 und 2021 deutlich niedriger als in den Vorjahren. Im Jahr 2022 wurde sowohl im Vergleich zum Vorjahr als auch zum Median des vorpandemischen Vergleichszeitraums 2015 – 2019 eine deutliche Zunahme der Fallzahlen beobachtet. Auch der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen ist im Jahr 2022 wieder gestiegen.

Literaturhinweise

Cacciò SM, Chalmers RM: Human cryptosporidiosis in Europe. Clin Microbiol Infect 2016. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2016.04.021>
 RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.33 Läuserückfallfieber

Kurzbeschreibung

Läuserückfallfieber wird durch *Borrelia recurrentis* hervorgerufen. Die Bakterien werden durch Kleiderläuse von Mensch zu Mensch übertragen. Einfache Hygienemaßnahmen, insbesondere Kleiderwechsel und -reinigung, sowie die Vermeidung von zu engen Unterbringungs- und Wohnverhältnissen verhindern die Ausbreitung. Für den Krankheitsverlauf sind wiederholte fiebrige Episoden charakteristisch.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Im Jahr 2016 waren es 5, im Jahr 2015 45 Erkrankungen; dabei handelte es sich um Asylsuchende vom Horn von Afrika, die über Libyen nach Europa eingereist waren. Davor wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst.

Läuserückfallfieber ist endemisch in Äthiopien, Eritrea, Somalia und im Sudan, tritt jedoch vor allem in Form von saisonalen Ausbrüchen auf. Obwohl auch in den Jahren nach 2016 Asylsuchende aus diesen Ländern nach Deutschland gekommen sind, wurden nur 2015 und 2016 Erkrankungen in Deutschland gemeldet.

Literaturhinweise

Warrell DA: Louse-borne relapsing fever (*Borrelia recurrentis* infection). Epidemiol Infect 2019. <https://doi.org/10.1017/S0950268819000116>
 Fingerle V, Ackermann N, Beltig A, et al.: Zur aktuellen Situation des Läuserückfallfiebers. Hyg Med 2016; 41:D174 – D178.

- Antinori S, Mediannikov O, Corbellino M, et al.: *Louse-Borne Relapsing Fever (Borrelia recurrentis) in a Somali Refugee Arriving in Italy: A Re-emerging Infection in Europe?* PLoS Negl Trop Dis 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004522>
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al.: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) diagnosed in 15 refugees from northeast Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015.* Euro Surveill 2015. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.42.30046>

6.34 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: **1.461**
- ▶ Rückgang der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr (1.533 Fälle; -4,7 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Erwachsenen – insbesondere Männern – ab einem Alter von 50 Jahren
- ▶ Saisonaler Verlauf mit höheren Erkrankungszahlen in den Sommer- und Herbstmonaten
- ▶ Erkrankungen hauptsächlich im privaten/beruflichen Umfeld erworben (74 %)
- ▶ Anteil reiseassoziiierter Erkrankungen mit 21 % gegenüber Vorjahren (9 % bzw. 12 %) deutlich gestiegen und damit wieder auf dem Niveau vorpandemischer Jahre

Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Man unterscheidet zwei typische Krankheitsbilder: Das Pontiac-Fieber, welches durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die Legionärskrankheit, die mit einer Lungenentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Personen mit chronischen Erkrankungen sowie ältere Menschen und Rauchende. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerehaltiger Aerosole (generiert durch häusliche oder öffentliche Wassersysteme wie z. B. Duschen, Whirlpools oder durch industrielle Anlagen wie z. B. Verdunstungskühlanlagen). Ein weiterer – wenngleich seltener – Infektionsweg ist die (Mikro-)Aspiration von kontaminiertem Wasser, welches versehentlich in die Luftröhre gelangt. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen spielen in der Praxis keine Rolle und sind – bis auf einen Einzelfall – bisher nicht dokumentiert worden.

Epidemiologisch werden im privaten und beruflichen Umfeld erworbene, reiseassoziierte und in Krankenhäusern bzw. Pflegeeinrichtungen erworbene Legionellosen unterschieden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.34.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 1.461 Legionellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.533 Erkrankungen) wurden somit 72 Erkrankungen weniger registriert, was einer Verringerung der Fallzahl um knapp 5 % entspricht. Nachdem die Zahl der Legionellosen im Jahr 2020 aufgrund der COVID-19-Pandemie und den damit verbundenen Reiseeinschränkungen deutlich gesunken war, erreichte sie 2021 wieder das Niveau von 2019 (vor dem Ausbruch der COVID-19-Pandemie). Die 2022 registrierte, wieder leicht rückläufige Zahl entspricht dem Niveau von 2018 (1.451 Fälle) und ist überwiegend auf eine Verringerung der im privaten/beruflichen Umfeld erworbenen Fälle zurückzuführen, während die Zahl der reiseassoziierten Fälle wieder deutlich gestiegen ist.

Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.34.1). Das Maximum im III. Quartal war 2022 mit 522 Fällen im Vergleich zum Vorjahr (679 Fälle) jedoch deutlich schwächer ausgefallen.

Die generell höheren Erkrankungszahlen in den Sommermonaten sind sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen zurückzuführen. Bei ersteren spielen vermutlich zum einen höhere Wassertemperaturen, zum anderen höhere Lufttemperaturen in Verbindung mit einem feuchten, niederschlagsreichen Klima eine Rolle, die das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen, bei reiseassoziierten Legionellosen dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in den Sommerferien und die damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Aufenthalte in Hotels oder anderen Reiseunterkünften).

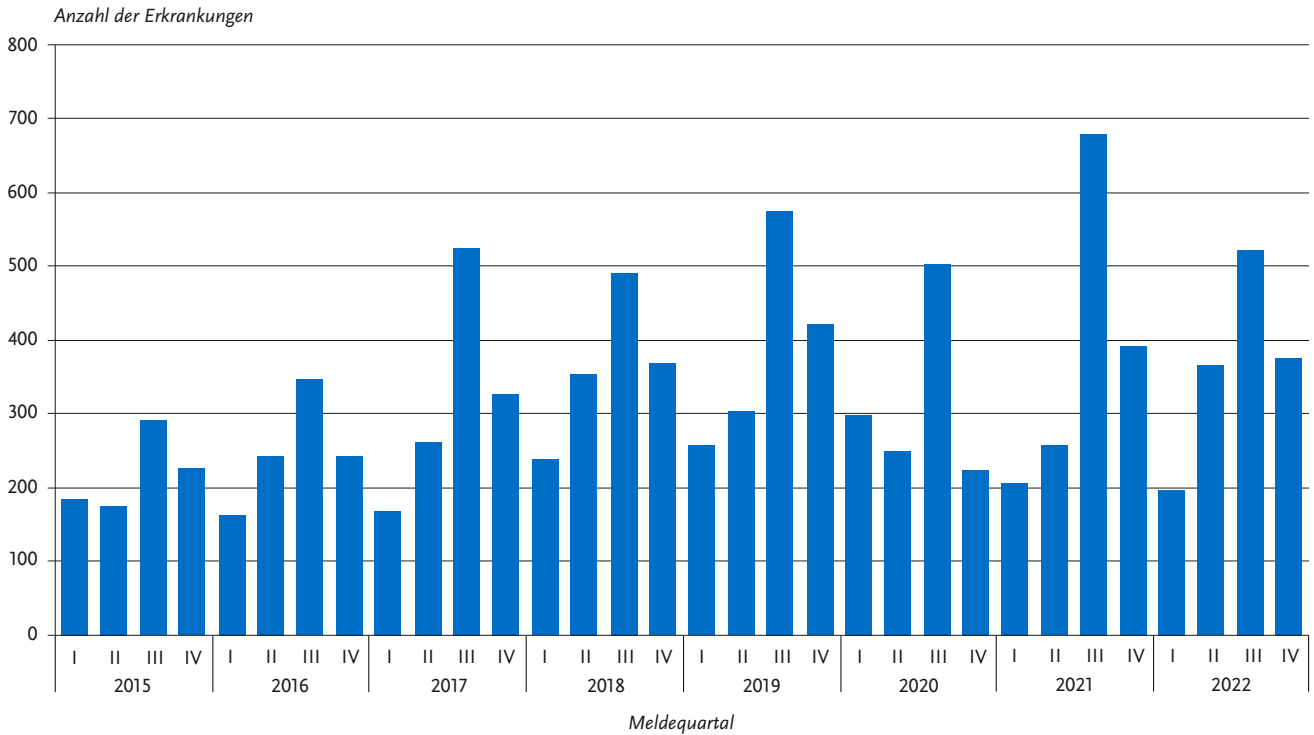
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr ebenfalls 1,8). Die höchste Inzidenz wurde dabei mit 2,9 Erkr/100.000 Einw. in Bayern registriert (s. Abb. 6.34.2). Hier ist die Inzidenz im Vergleich zum Median

Tab. 6.34.1: Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.533	82 %	1.461	80 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	215	12 %	207	11 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	116	6 %	147	8 %
alle	1.864	100 %	1.815	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.533	82 %	1.461	80 %

Abb. 6.34.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2022



der vergangenen fünf Jahre (2,5) angestiegen. Die niedrigste Inzidenz mit 0,4 Erkr/100.000 Einw. wurde in Bremen beobachtet. Gegenüber dem Median der Vorjahre (1,9) war die Inzidenz hier deutlich gesunken.

In 10 der 16 Bundesländer war die Inzidenz im Jahr 2022 im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre angestiegen bzw. weitgehend unverändert geblieben. Neben dem oben genannten Anstieg in Bayern wurde auch in Schleswig-Holstein ein nennenswerter Anstieg in der Inzidenz beobachtet. Vergleichsweise niedrigere Inzidenzen wurden – wie oben bereits erwähnt – in Bremen beobachtet sowie in etwas geringerem Umfang in Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Berlin (s. Abb. 6.34.2).

Bei 933 (64 %) der 1.461 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 72 % (732 von 1.015) der Nennungen entfielen. Im Vergleich zu den beiden Vorjahren, wo dieser Anteil mit über 80 % gegenüber früheren Jahren nennenswert gestiegen und vermutlich auf die seinerzeit geltenden pandemiebedingten Reisebeschränkungen ins Ausland zurückzuführen war, ist der Anteil aktuell wieder rückläufig und liegt wieder auf dem Niveau der vorpandemischen Jahre. Das nach Deutschland mit Abstand am häufigsten angegebene Land war Italien mit insgesamt 74 Nennungen, gefolgt von der Türkei mit 28 Nennungen (s. Tab. 6.34.2).

Tab. 6.34.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, n=933 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	732	72 %
Italien	74	7 %
Türkei	28	3 %
Frankreich	22	2 %
Österreich	20	2 %
Spanien	18	2 %
Griechenland	18	2 %
Kroatien	16	2 %
Bulgarien	7	1 %
Tschechische Republik	6	1 %
Schweiz	6	1 %
Andere	68	7 %
Summe	1.015	100 %

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere im höheren Alter – übermittelt, während Kinder und Erwachsene bis zu einem Alter von 39 Jahren nur geringfügig betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg bei Männern mit zunehmendem Alter an. Auch bei Frauen wurden die höchsten Inzidenzen in den höheren Altersgruppen ab 60 Jahren beobachtet (s. Abb. 6.34.3). Der Altersmedian der

Abb. 6.34.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.461) im Vergleich mit den Vorjahren

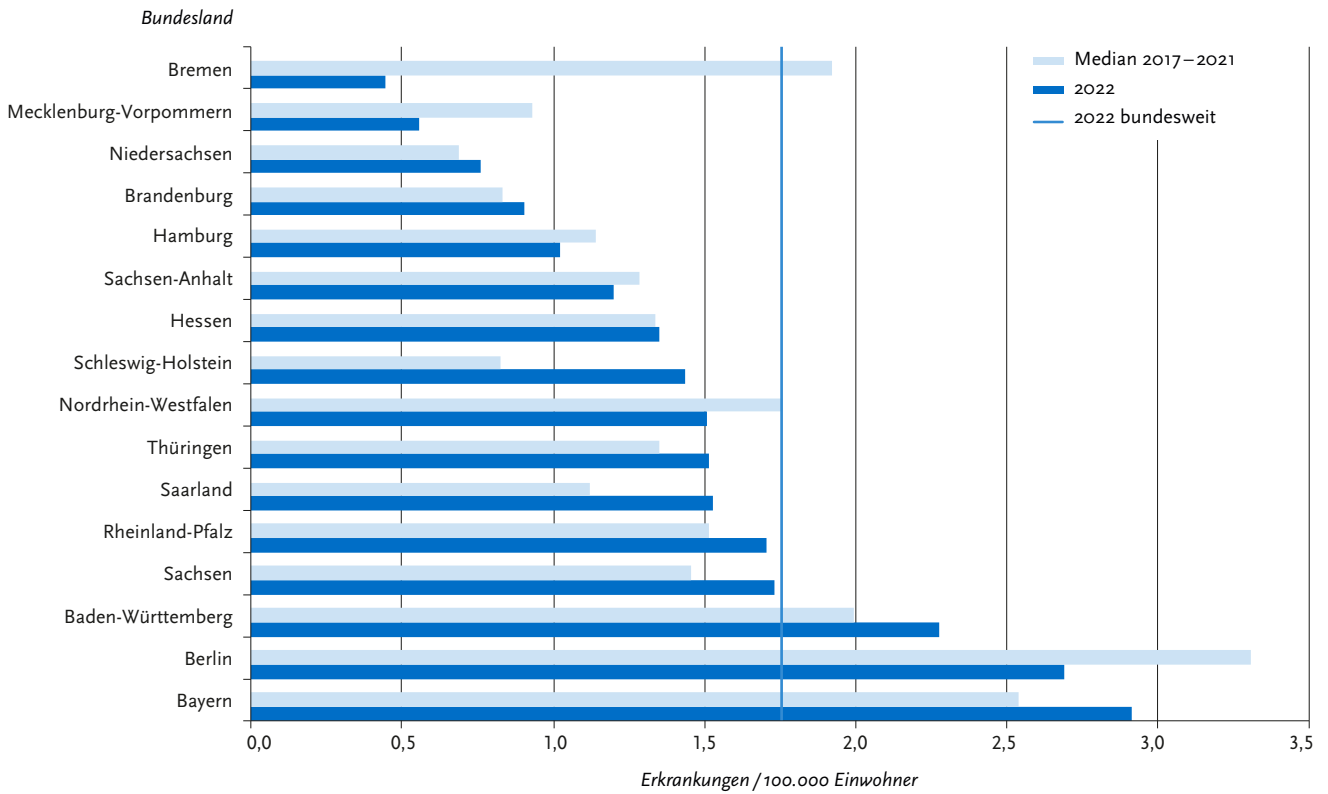
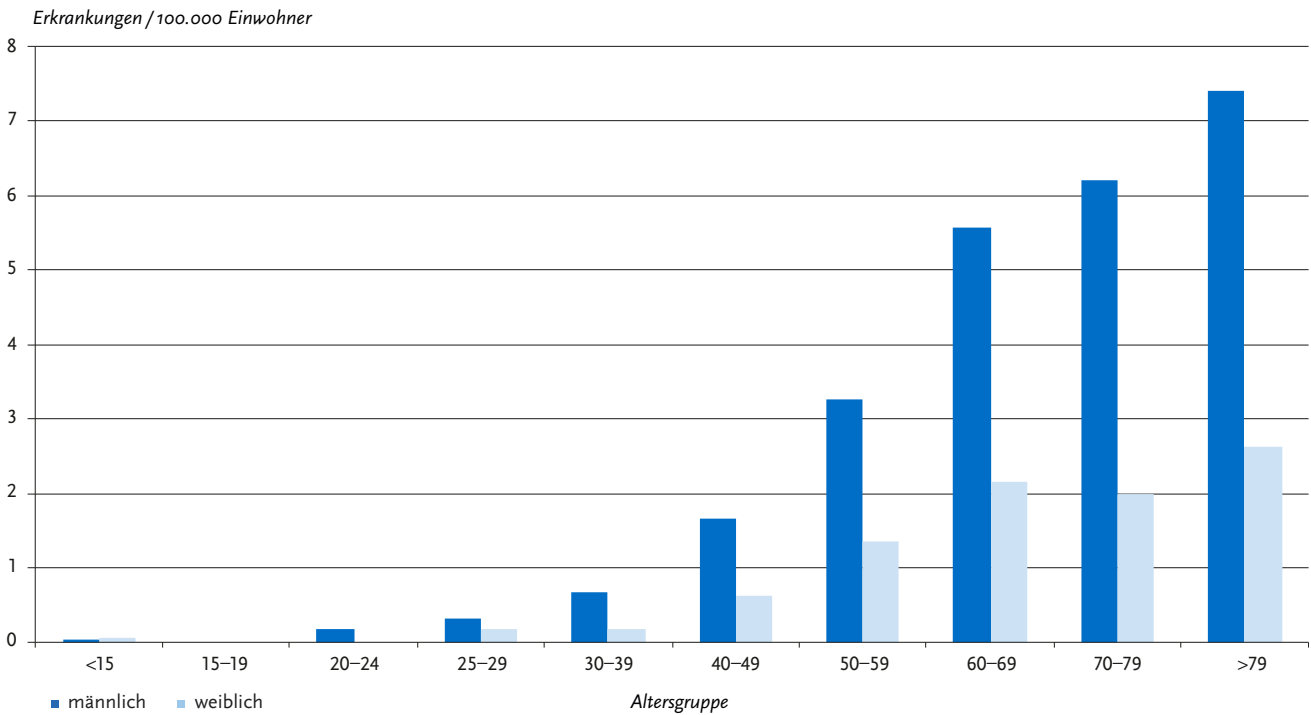


Abb. 6.34.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.461)



Erkrankten lag bei 65 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern fast zweieinhalbmal so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 2,5 vs. 1,1 pro 100.000 Einwohner).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.441 (99 %) der 1.461 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 299 (21 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 1.142 der 1.441 Erkrankungen (79 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 1.130 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Fünf Erkrankungen wurden von der Spezies *L. longbeachae* und 2 durch *L. anisa* verursacht. Für 3 Erkrankungen wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt. In 2 weiteren Fällen wurde die allgemeine Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Von den 1.130 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 616 (54 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 579 Erkrankungen (94 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppen 3 und 16 wurden jeweils 2-mal und die Serogruppen 2 und 4 jeweils einmal genannt. Bei 21 Erkrankungen (3 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (19 Fälle mit einem Serumpool inklusive Serogruppe 1; 2 Fälle mit einem Serumpool exklusive Serogruppe 1). In 10 Fällen (2 %) wurde die Angabe »*Legionella pneumophila*, andere Serogruppe« übermittelt.

Klinische Aspekte

Von 1.458 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 94 Personen (66 Männer, 28 Frauen) an den Folgen der Legionärskrankheit. Dies entspricht einer Letalität von 6,4 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität leicht gestiegen (2021: Letalität 5,4 %; 82 Todesfälle unter 1.531 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Von insgesamt 1.461 Erkrankungen konnten 824 (56 %) anhand konkreter Angaben einer der möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus oder andere medizinische Einrichtung; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 637 der 1.461 Erkrankungen (44 %) wurde weder eine reiseassoziierte Exposition noch eine Assoziation mit einem Aufenthalt im Krankenhaus oder Pflegeheim übermittelt. Diese Fälle wurden der Kategorie »privates/berufliches Umfeld« zugewiesen. Da weitere 449 Fälle (31 %) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.086 Fällen (74 %) die Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle folgen reiseassoziierte Erkrankungen bei Personen, die sich im Zeitraum der wahrscheinlichen Infektion (Expositionsperiode) in einem Hotel oder einer ähnlichen Reiseunterkunft aufgehalten hatten (301 Erkrankungen; 21 %). Bei 28 Erkrankungen (1,9 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 9 weiteren Erkrankten (< 1 %) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 29 Erkrankungen (2,0 %) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 8 Fällen (< 1 %) wurde zum möglichen Expositionsort die Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Mit 74 % ist der Anteil der Erkrankungen sowie auch die absolute Fallzahl (1.086 Fälle), die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, im Vergleich zum Vorjahr (82 %; 1.256 Fälle), gesunken und liegt damit wieder auf dem Niveau früherer vorpandemischer Jahre.

Der Anteil der reiseassoziierten Fälle, der sich im ersten Jahr der COVID-19-Pandemie (2020) aufgrund der seinerzeit bestehenden Reisebeschränkungen praktisch halbiert hatte, ist von 12 % im Jahr 2021 (191 Fälle) auf 21 % (301 Fälle) in 2022 angestiegen und erreicht damit wieder Werte aus den Jahren vor der Pandemie, wo der Anteil der reiseassoziierten Fälle jährlich bei rund 20 % lag. Der Anstieg der reiseassoziierten Fälle ist dabei im direkten Zusammenhang mit den mittlerweile aufgehobenen Reisebeschränkungen zu sehen. So kommt es in der Bevölkerung im Vergleich zu den Pandemie Jahren aktuell wieder zu vermehrten Reiseaktivitäten auch ins Ausland, die mit der entsprechenden Wahrscheinlichkeit des Auftretens von reiseassoziierten Legionellen-Fällen einhergehen.

Der Anteil und die Fallzahlen der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist mit 1,9 % (28 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (1,6 %, 24 Fälle) – bei insgesamt kleinen Fallzahlen – weitgehend gleichgeblieben. Gleiches gilt auch für Erkrankungen im Zusammenhang mit einem Aufenthalt in einer »anderen medizinischen Einrichtung« – wie beispielsweise einer Rehaklinik sind (2022: 9 Fälle; 2021: 11 Fälle).

Auch Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung sind auf niedrigem Niveau stabil geblieben (2022: 29 Fälle; 2021: 32 Fälle).

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden dem RKI 9 Häufungen mit insgesamt 21 bestätigten Fällen übermittelt. Dabei handelte es sich um kleinere Cluster mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen. Es waren größtenteils reiseassoziierte Häufungen, bei denen sich die zugehörigen Fälle während des Expositionszeitraums in den 2 bis 10 Tagen vor Erkrankungsbeginn in der gleichen Unterkunft in oder außerhalb Deutschlands aufgehalten hatten. Bei einer Häufung mit 4 Fällen wurde als Infektionsumfeld eine ambulante Behandlungseinrichtung vermutet. (Zwei weitere Erkrankungen, die ebenfalls dieser Häufung zugeordnet waren, erfüllten nicht die Referenzdefinition und wurden daher nicht mitgezählt). Größere Geschehen mit 5 oder mehr assoziierten Fällen wurden im Jahr 2022 nicht registriert.

Datenqualität und -interpretation

Es ist nach wie vor davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen nur einen Bruchteil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren. Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Lungenentzündung zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Es ist jedoch anzunehmen, dass in der Praxis nach wie vor zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden. Gemäß einer Studie des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) aus dem Jahr 2008 wurde die jährliche Zahl der Legionärskrankheit auf etwa 15.000 bis 30.000 Fälle geschätzt.

Auch wenn *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 in Europa die am häufigsten identifizierte Spezies und Serogruppe für Fälle von Legionärskrankheit ist, wird die Häufigkeit der Spezies und Serogruppe vor allem durch die in der klinischen

Praxis vorwiegende Verwendung von Urin-Antigentests beeinflusst, die speziell auf den Nachweis von *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 ausgerichtet sind. Die häufigere Verwendung anderer diagnostischer Verfahren, z. B. einer PCR aus Atemwegspalten, könnte möglicherweise ein vielschichtigeres epidemiologisches Erregerprofil von Legionellen zeigen.

Nach wie vor lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier wurden 2022 lediglich bei 56 % der Fälle konkrete Angaben gemacht. Im Vergleich zum Vorjahr entspricht dies zwar einer leichten Zunahme (hier lagen nur bei rund der Hälfte der Fälle Angaben vor), dennoch wäre hier weiterhin die Verbesserung der Datenvollständigkeit wünschenswert. Seit 2019 besteht die Möglichkeit Informationen zur Trinkwasserinstallation, aber auch zu Ergebnissen früherer sowie aktueller (anlassbezogener) Wasseruntersuchungen bzgl. der vermuteten Infektionsquellen, in der Meldesoftware einzugeben und zu übermitteln. Auch hier sollten nach Möglichkeit die Informationen vom Gesundheitsamt erfasst und übermittelt werden.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle bei gleichzeitig nicht erfülltem bzw. unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorien D und E) lag 2022 bei 20 % (354 Fälle). Im Vergleich zu früheren Jahren (2017 – 2019), als dieser Anteil zwischen 11 % und 13 % lag, ist dieser aktuell deutlich höher und auch gegenüber dem Vorjahr (2021: 18 %; 331 Fälle) nochmals angestiegen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass die pandemiebedingt bestehende außergewöhnliche Arbeitsbelastung in den Gesundheitsämtern im Jahr 2022 fortbestand und daher die notwendigen Recherchen zur Abklärung der klinischen und weiteren epidemiologisch relevanten Angaben nicht immer durchgeführt werden konnten.

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt insbesondere bei Erwachsenen vor, wobei die Inzidenz mit zunehmendem Alter ansteigt. Männer haben dabei ein höheres Erkrankungsrisiko als Frauen. Nach den vorliegenden Daten wird die Legionärskrankheit hauptsächlich im privaten und beruflichen Umfeld erworben oder im Rahmen einer Reise und den damit verbundenen Aufenthalten in entsprechenden Reiseunterkünften. Aber auch der stationäre Aufenthalt in einem Krankenhaus oder einem Pflegeheim kann – insbesondere für ältere Menschen mit vorhandenen Grunderkrankungen oder einem geschwächten Immunsystem – ein erhöhtes Infektionsrisiko darstellen. Erkrankungsfälle kommen hauptsächlich sporadisch vor, größere Häufungen sind vergleichsweise selten.

Nachdem die Zahlen im Jahr 2020 – wahrscheinlich aufgrund der COVID-19-Pandemie – deutlich gesunken waren, wurde 2021 wieder ein Anstieg der Fallzahlen beobachtet, der sich 2022 aber nicht weiter fortsetzte. Vielmehr waren die aktuellen Zahlen etwas niedriger als 2021, was hauptsächlich auf einen Rückgang bei den im privaten und beruflichen Umfeld erworbenen Erkrankungen zurückzuführen war, während reiseassoziierte Fälle im Vergleich zum Vorjahr zunahm.

Bei einer Lungenentzündung sollte differentialdiagnostisch immer auch die Legionärskrankheit in Betracht gezogen und insbesondere für die im Krankenhaus erworbenen Pneumonien eine entsprechende Diagnostik veranlasst werden, um schwere Verläufe mittels adäquater und frühzeitiger Antibiotika-Therapie sowie weitere Fälle zu verhindern.

Prinzipiell sollte versucht werden, die Infektionsquelle jeder Legionellose zu ermitteln, um durch die Einleitung geeigneter Maßnahmen weiteren Erkrankungen vorbeugen zu können. In Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen sollte angesichts der vulnerablen Population besonders auf mögliche Fälle von Legionärskrankheit geachtet werden und schon beim Auftreten eines einzelnen Falles eine umgehende epidemiologische Untersuchung zur Aufdeckung und Beseitigung der Infektionsquelle eingeleitet werden.

Literaturhinweise

- Buchholz U, Jahn HJ, Brodhun B, et al: *Source attribution of community-acquired cases of Legionnaires' disease—results from the German LeTriWa study*; Berlin, 2016 – 2019. PLoS One 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241724>
- Buchholz U, Altmann D, Brodhun B: *Differential seasonality of Legionnaires' disease by exposure category*. Int J Environ Res Public Health 2020. <https://doi.org/10.3390/ijerph17093049>
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.
- Buchholz U, Stöcker P, Brodhun B: *Legionnaires disease-reordered*. Infect Control Hosp Epidemiol 2010; 31:104–105.
- von Baum H, Ewig S, Marre R, et al.: *New insights from the German Competence Network for community acquired pneumonia*. Clin Infect Dis 2008. <https://doi.org/10.1086/586741>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Brodhun B, et al.: *Einfluss der häuslichen Trinkwasser-Installation auf das Risiko, an Legionärskrankheit zu erkranken – Ergebnisse aus der Berliner LeTriWa-Studie und den bundesweiten Meldedaten*. Epid Bull 2022; 35:3 – 17. <https://doi.org/10.25646/10428>
- Lehfeld AS, Buchholz U, Jahn HJ, et al.: *Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016 – 2020 – Teil 2 (Ergebnisse und Diskussion)*. Epid Bull 2022; 28:3 – 16. <https://doi.org/10.25646/10170>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Jahn HJ: *Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016 – 2020 – Teil 1 (Studienmethodik)*. Epid Bull 2022; 27:13–22. <https://doi.org/10.25646/10169>
- Lehfeld AS, Brodhun B, Haas W, Buchholz U: *Treten Fälle von Legionärskrankheit auch außerhalb der 2- bis 10-tägigen Inkubationszeit auf? Ergebnisse der LeTriWa-Studie*. Epid Bull 2021; 45:3–7. <https://doi.org/10.25646/9262>
- Brodhun B, Buchholz U: *Epidemiologie der Legionärskrankheit in Deutschland – Entwicklungen in den Jahren 2010 bis 2020*. Epid Bull 2021; 42:3–17. <https://doi.org/10.25646/9144.2>
- Brodhun B, Buchholz U: *Entwicklung der Fallzahlen von Legionärskrankheit vor dem Hintergrund der COVID-19-Pandemie, Januar bis Juli 2020*. Epid Bull 2020; 44:3–9. <https://doi.org/10.25646/7195>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.35 Lepra

Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium leprae* hervorgerufen. Nach einer Inkubationszeit von 9 Monaten bis zu 20 Jahren können verschiedenartige klinische Symptome auftreten. Diese umfassen Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Das Frühstadium der Erkrankung wird als indeterminierte Lepra bezeichnet. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 3 Erkrankungen an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Bei 2 Erkrankungen handelte es sich um das klinische Bild einer lepromatösen Lepra. Sie betrafen einen 35-jährigen Mann und eine 41-jährige Frau. Als Infektionsländer waren Kenia und Brasilien angegeben. Der dritte Fall betraf eine 31-jährige Frau mit dem klinischen Bild einer Borderline-Lepra, bei der als Infektionsland Indonesien angegeben war.

Zuvor wurden im Jahr 2021 2 Erkrankungen mit dem klinischen Bild einer lepromatösen Lepra verzeichnet.

Literaturhinweise

- Fastenau A, Kreibich S, Kasang C: *Mit vereinten Kräften Lepra beenden!* Epid Bull 2023; 3:3 – 5. <https://doi.org/10.25646/10979.2>
- Kreibich S, Fastenau A, Kasang C.: *Lepra 2022 – Vereint für die Würde von Leprabetroffenen eintreten.* Epid Bull 2022; 3:3 – 6. <https://doi.org/10.25646/9536>
- Dietrich S, Kasang C: *Lepra 2020 – COVID-19 beeinträchtigt Lepraaktivitäten weltweit.* Epid Bull 2021; 4:10 – 2. <https://doi.org/10.25646/7844>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020.* Epid Bull 2021; 48:42 – 43. <https://doi.org/10.25646/9319>

6.36 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 153
- ▶ Fallzahlen vergleichbar zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Frauen zwischen 20 und 24 Jahren
- ▶ Etwa 64 % der Erkrankungen wahrscheinlich in Deutschland erworben

Kurzbeschreibung

Pathogene Bakterien der Gattung *Leptospira* sind die Erreger der weltweit verbreiteten Leptospirose, deren natürliche Wirte neben Ratten und Mäusen auch zahlreiche weitere Haus-, Nutz- und Wildtiere sind. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt hauptsächlich durch den direkten oder mittelbaren Kontakt (z. B. durch Kontakt mit verunreinigtem Wasser) mit dem Urin infizierter Tiere, in seltenen Fällen auch durch kontaminiertes Blut oder Gewebe. Häufig verläuft die Infektion beim Menschen als unspezifische, grippeähnliche Erkrankung, jedoch

treten auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung (Hämorrhagien), Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.36.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 153 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit vergleichbar zum Vorjahr. Die Anzahl variiert stark von Jahr zu Jahr, langfristig scheint es jedoch tendenziell eine Zunahme der Erkrankungen zu geben. Die Jahre 2007 und 2014 waren von je einem größeren Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.36.1).

Geografische Verteilung

Erkrankungen traten in allen Bundesländern, mit der Ausnahme von Bremen, auf, wobei die Inzidenzen von unter 0,1 Erkr./100.000 Einw. in Thüringen bis zu 0,3 Erkr./100.000 Einw. in Hessen, Berlin und Baden-Württemberg variierten. Für 111 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 121 Nennungen). Deutschland wurde bei 64 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2021: 86 %). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Asien (14 Nennungen) und Mittel- und Südamerika (13) erworben.

Demografische Verteilung

Insgesamt waren 98 Erkrankte (64 %) männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen mit einer Inzidenz von über 0,4 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen am stärksten betroffen (0,5 Erkr./100.000 Einw.). Im Jahr 2022 wurden 2 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (ein Mädchen und ein Junge) übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei keiner Erkrankung lagen Angaben zu einem Serovar vor.

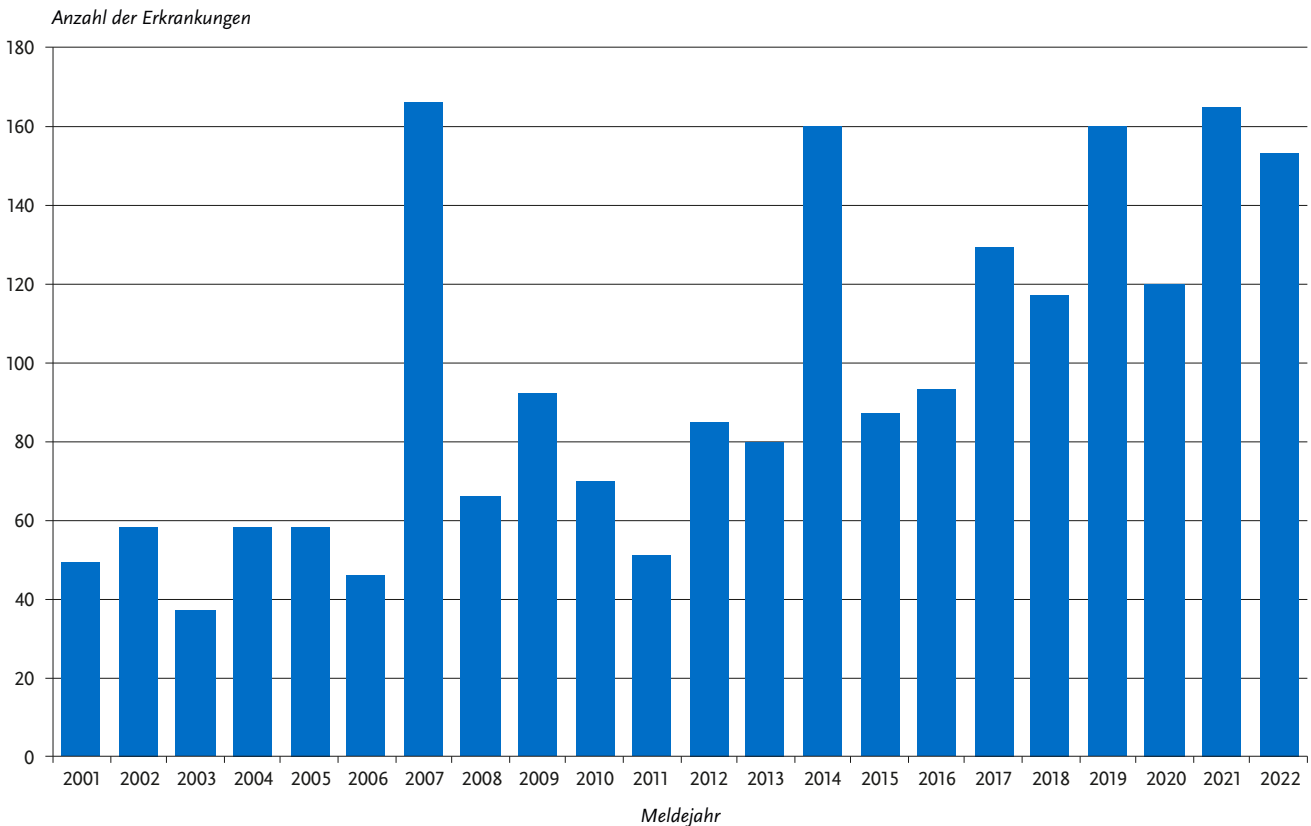
Klinische Aspekte

Für alle 153 Leptospirose-Erkrankungen (100 %) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 383 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (83 % der Erkrankungen) und Fieber (67 %). Bei 29 % der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 26 % Ikterus, bei 17 % Husten und bei 12 % Dyspnoe übermittelt. Des Weiteren wurden

Tab. 6.36.1: Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	164	77 %	153	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	16	8 %	18	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	31	15 %	32	16 %
alle	212	100 %	203	100 %
Referenzdefinition (B+C)	165	78 %	153	75 %

Abb. 6.36.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



bei 7 % der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 7 % Hämorrhagien und bei 3 % eine Myokarditis übermittelt. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurde kein Leptospirose-Ausbruch übermittelt.

Datenqualität

Bei den übermittelten Erkrankungen ist keine sichere Identifizierung des Erregers durch Anzucht der Bakterien erfolgt, daher reichen die Angaben zur Häufigkeit der einzelnen nachgewiesenen Serovare in den Meldedaten nicht aus, um die Verteilung der deutschlandweit zirkulierenden Leptospiren-Serovare zu bewerten. Die Untererfassung für Leptospirose-Erkrankungen ist aufgrund der Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig milden Krankheitsverläufe wahrscheinlich erheblich.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass es bei Leptospirose-Erkrankungen in Deutschland starke und schwache Jahre gibt. Seit 2017 schwanken die Zahlen zwischen 117 und 165 Erkrankungen pro Jahr (Median 141 Erkrankungen) mit einem längerfristig zunehmenden Trend.

Der Anteil von Meldungen reiseassoziiertes Leptospirosen im Jahr 2022 ist vergleichbar mit den Anteilen in den Vorpandemiejahren.

Literaturhinweise

- Dreesman J, Toikkanen S, Runge M, et al.: *Investigation and response to a large outbreak of leptospirosis in field workers in Lower Saxony, Germany.* Zoonoses Public Health 2023. <https://doi.org/10.1111/zph.13027>
- Schmitz S, Princk C, Meyer-Schlinkmann K, et al.: *Risk factors for Leptospira seropositivity in rural Northern Germany.* 2019. Epidemiol Infect 2022. <https://doi.org/10.1017/S0950268822001972>
- Brehm TT, Schulze zur Wiesch J, Lütgehetmann M, et al.: *Epidemiology, clinical and laboratory features of 24 consecutive cases of leptospirosis at a German infectious disease center.* Infection 2018; 46:847–853.
- Brockmann SO, Ulrich L, Piechotowski I, et al.: *Risk factors for human Leptospira seropositivity in South Germany.* SpringerPlus 2016. <https://doi.org/10.1186/s40064-016-3483-8>
- Desai S, van Treeck U, Lierz M, et al.: *Resurgence of field fever in a temperate country: an epidemic of leptospirosis among seasonal strawberry harvesters in Germany in 2007.* Clin Infect Dis 2009; 15:691–697.
- Jansen A, Schöneberg I, Frank C, Alpers K, Schneider T, Stark K: *Leptospirosis in Germany, 1962–2003.* Emerg Infect Dis 2005. <https://dx.doi.org/10.3201/eid1107.041172>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.37 Listeriose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 571
- ▶ Fallzahlen sind 2022 vergleichbar zum Vorjahr
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassozierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern ab 80 Jahren

Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria (L.) monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines erkrankten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren

oder abwehrgeschwächten Personen auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen (Sepsis) und Entzündungen der Hirnhäute (Meningitis) oder des Gehirns (Enzephalitis) kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel.

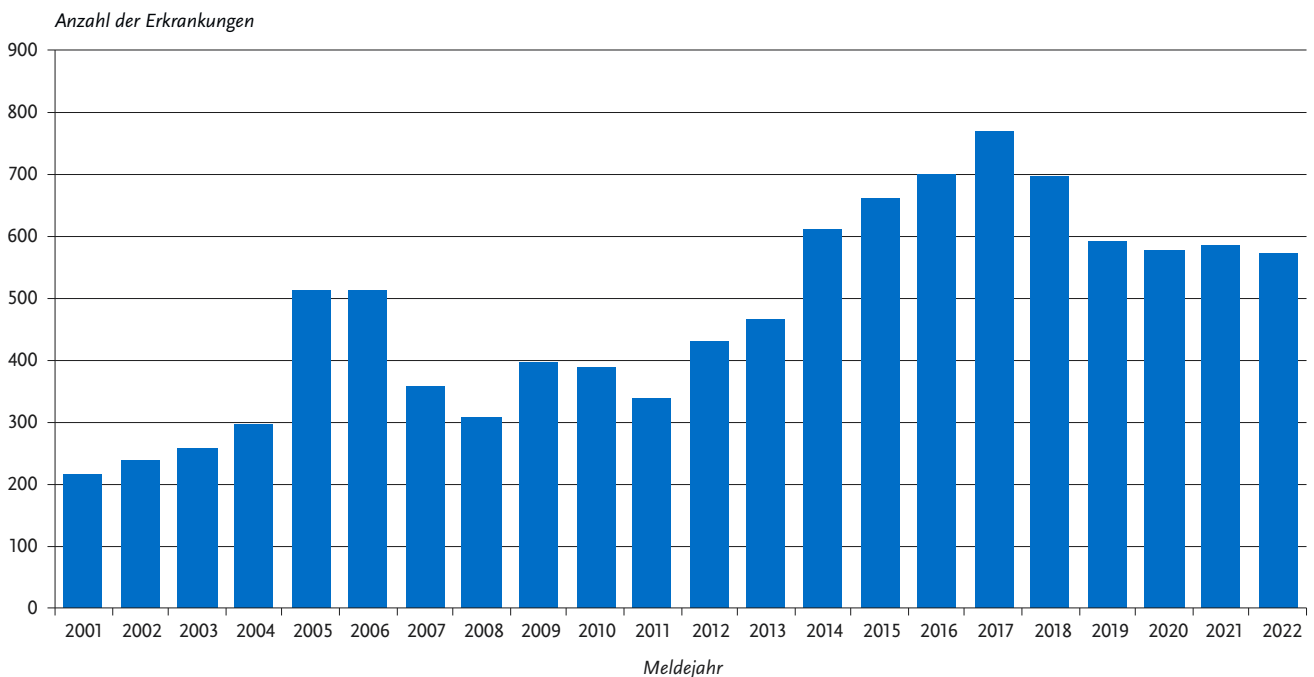
Falldefinition

Die Referenzdefinition erfüllen labordiagnostisch bestätigte Fälle bei Nachweis des Erregers aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Ebenso erfüllen klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen die Referenzdefinition, auch bei nicht-invasiven Erkrankungen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 571 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Nach 2 Jahren Rückgang stagnieren seit dem Jahr 2019 die Fallzahlen (586 Fälle in 2021) (s. Abb. 6.37.1).

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.37.1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	1 %	3	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	444	76 %	451	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	60	10 %	51	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	76	13 %	66	12 %
alle	586	100 %	571	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	586	100 %	571	100 %

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,3 Erkr./100.000 Einw. in Hamburg und die höchste Inzidenz mit 1,2 Erkr./100.000 Einw. in Sachsen verzeichnet. Die Inzidenzen in Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Thüringen, Hessen, Sachsen-Anhalt und Brandenburg lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.37.2). Zwei Bundesländer verzeichneten im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz: Mecklenburg-Vorpommern und Hessen.

Für 290 Erkrankungen (51 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 97 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2022 wurden 530 Fälle von nicht schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 216 Frauen (41 %) und 312 Männer (59 %), bei 2 Personen gab es keine Angaben zum Geschlecht.

Die Inzidenz der nichtschwangerschaftsassozierten Listeriosen stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,1 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen bis auf 3,6 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.37.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 21 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 20 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 11 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden, 10 Mütter wurden ohne Meldung eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und 9 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von

31 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 19 und 49 Jahren waren 21 als Schwangerschafts-Listeriosen (68 %) übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für 146 (26 %) der übermittelten Fälle lagen Angaben zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; darunter wurde 72-mal (49 %) dass Serovar 1/2a, 58-mal (40 %) dass Serovar 4b und 16-mal (11 %) dass Serovar 1/2b angegeben.

Klinische Aspekte

Bei 132 (25 %) der 530 nicht schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 80 (15 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Zwanzig der 21 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (95 %) gaben grippeähnliche Symptome oder Fieber an. Vier Frauen (19 %) mit Schwangerschafts-Listeriose hatten eine Sepsis. Unter den 21 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurden bei 3 Fällen eine Totgeburt und bei 4 Fällen eine Fehlgeburt angegeben. Insgesamt wurden bei schwangerschaftsassozierten Listeriosen 12 Frühgeburten dokumentiert. Sieben (41 %) der 17 lebend geborenen Neugeborenen zeigten ein septisches Krankheitsbild, 7 (41 %) eine Atemstörung, ein Neugeborenes (6 %) hatte eine Meningitis oder Enzephalitis und ein Neugeborenes hatte eine Bindehautläsion (6 %) (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 36 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2021: 21). Unter diesen waren 33 nicht schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 3 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2022 bei 6 %.

Die Listeriose gehört damit zu den meldepflichtigen Krankheiten mit besonders hoher Letalitätsrate.

Abb. 6.37.2: Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=571)

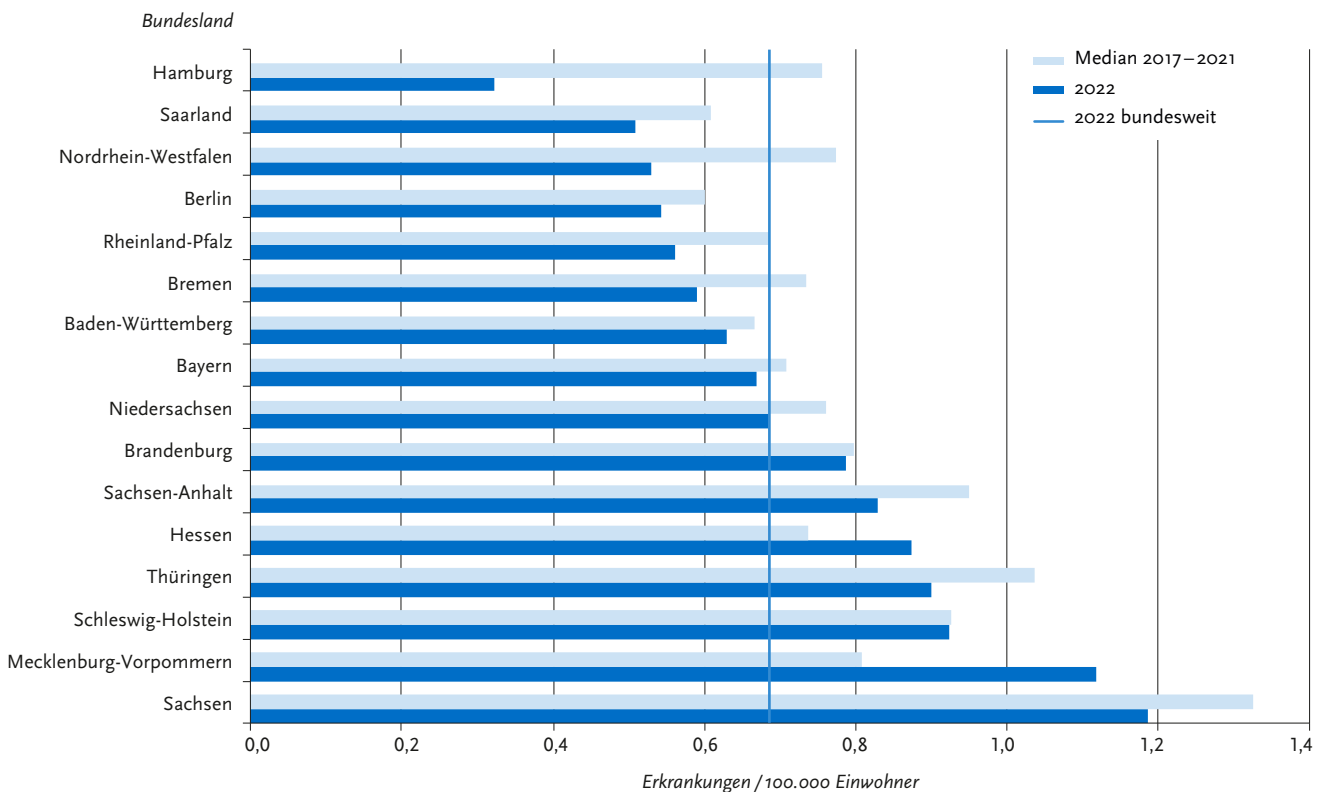
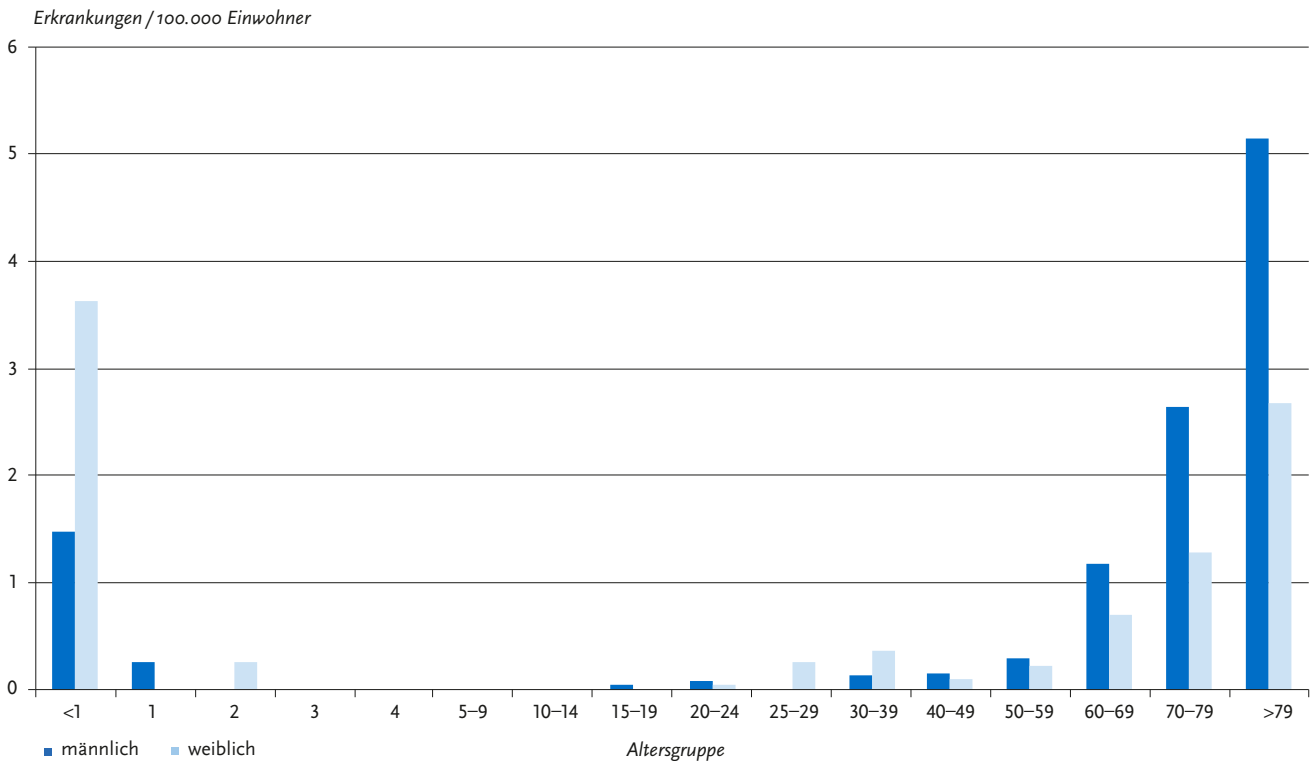


Abb. 6.37.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=568)



Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Die Inzidenz der übermittelten Listeriose-Fälle stagniert seit einigen Jahren auf einem relativ hohen Niveau.

Preußel K, Milde-Busch A, Schmich P, Wetzstein M, Stark K, Werber D: Risk factors for sporadic nonpregnancy associated listeriosis in Germany – immunocompromised patients and frequently consumed ready-to-eat products. PLoS One 2015. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0142986>
RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

Literaturhinweise

- Halbedel S, Sperle I, Lachmann R, et al.: Large multicountry outbreak of invasive listeriosis by a *Listeria monocytogenes* ST394 clone linked to smoked rainbow trout, 2020 to 2021. Microbiol Spectr 2023. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03520-22>
- Lachmann R, Halbedel S, Lüth S, et al.: Invasive listeriosis outbreaks and salmon products: a genomic, epidemiological study. Emerg Microbes Infect 2022. <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2063075>
- Wilking H, Lachmann R, Holzer A, Halbedel S, Flieger A, Stark K: Ongoing high incidence and case-fatality rates for invasive listeriosis, Germany, 2010 – 2019. Emerg Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.3201/eid2709.210068>
- Lüth S, Halbedel S, Rosner B, et al.: Backtracking and forward checking of human listeriosis clusters identified a multiclonal outbreak linked to *Listeria monocytogenes* in meat products of a single producer. Emerg Microbes Infect 2020. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1784044>
- Lachmann R, Halbedel S, Adler M, et al.: Nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with consumption of meat products in health care facilities, Germany, 2014 – 2019. Clin Microbiol Infect 2020. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.09.020>
- Halbedel S, Wilking H, Holzer A, et al.: Large nationwide outbreak of invasive listeriosis associated with blood sausage, Germany, 2018 – 2019. Emerg Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.3201/eid2607.200225>
- Kleta S, Hemmerls JA, Dieckmann R, et al.: Molecular Tracing to Find Source of Prolonged Invasive Listeriosis Outbreak, Southern Germany, 2012 – 2016. Emerg Infect Dis 2017. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2310.161623>
- Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015. Euro Surveill 2015. <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30094>

6.38 Malaria



- ▶ Fälle 2022: 768
- ▶ 25 % mehr Fälle als im Vorjahr
- ▶ 98 % der Infektionen mit Angaben zum Infektionsland wurden in Afrika erworben
- ▶ Zahl der gemeldeten Todesfälle mit 9 ungewöhnlich hoch

Kurzbeschreibung

Malaria wird durch Plasmodien genannte parasitäre Einzeller verursacht. Die verschiedenen Plasmodienarten werden typischerweise durch Mücken übertragen. Von Reisenden aus Deutschland wird die Malaria weit überwiegend in Afrika, deutlich seltener in Asien, Ozeanien oder Lateinamerika erworben. Charakteristisch für Malaria-Erkrankungen ist Fieber. Die gefährlichste Form, Malaria tropica (*Plasmodium falciparum*), kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

Fallkriterien

Die an das RKI gemeldeten Fälle wurden in die Statistik aufgenommen, sofern der Labornachweis nicht ausschließlich

Abb. 6.38.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022

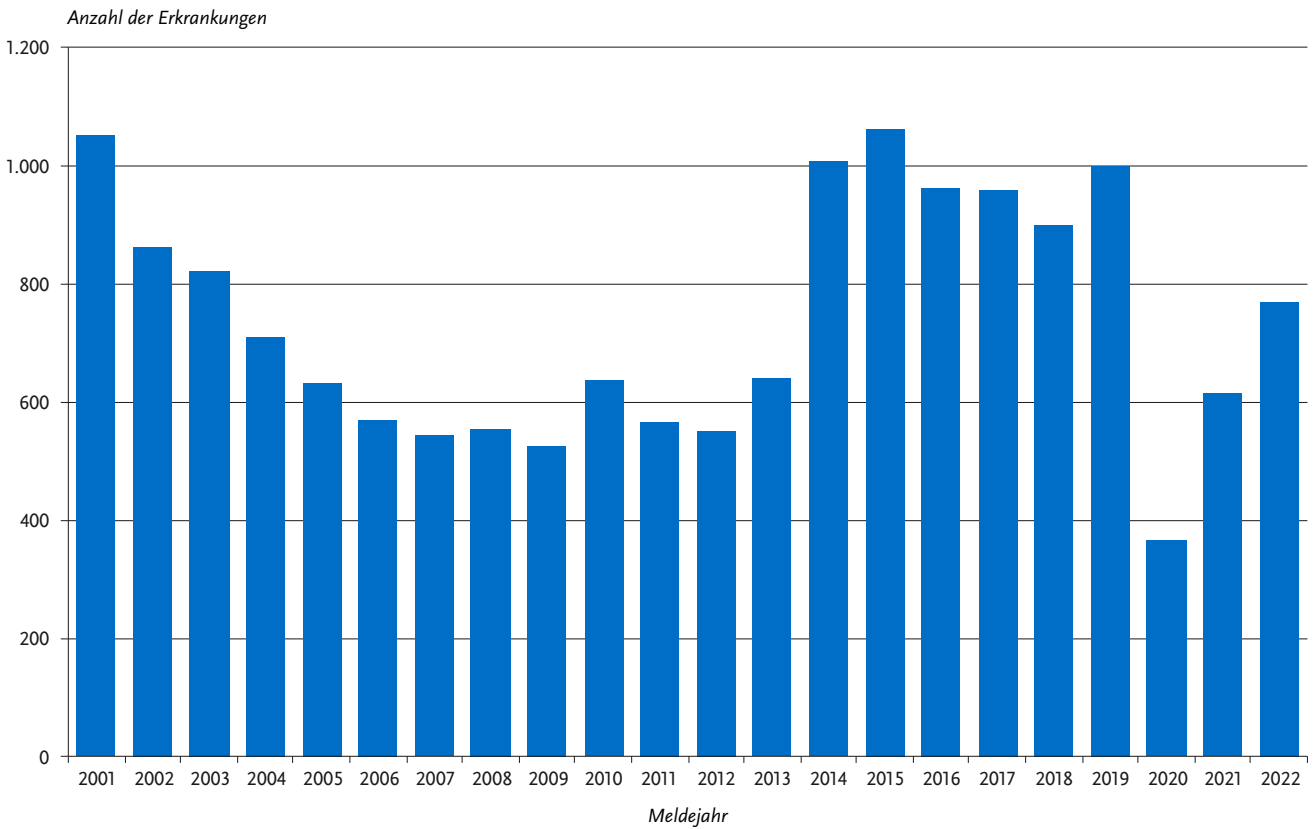
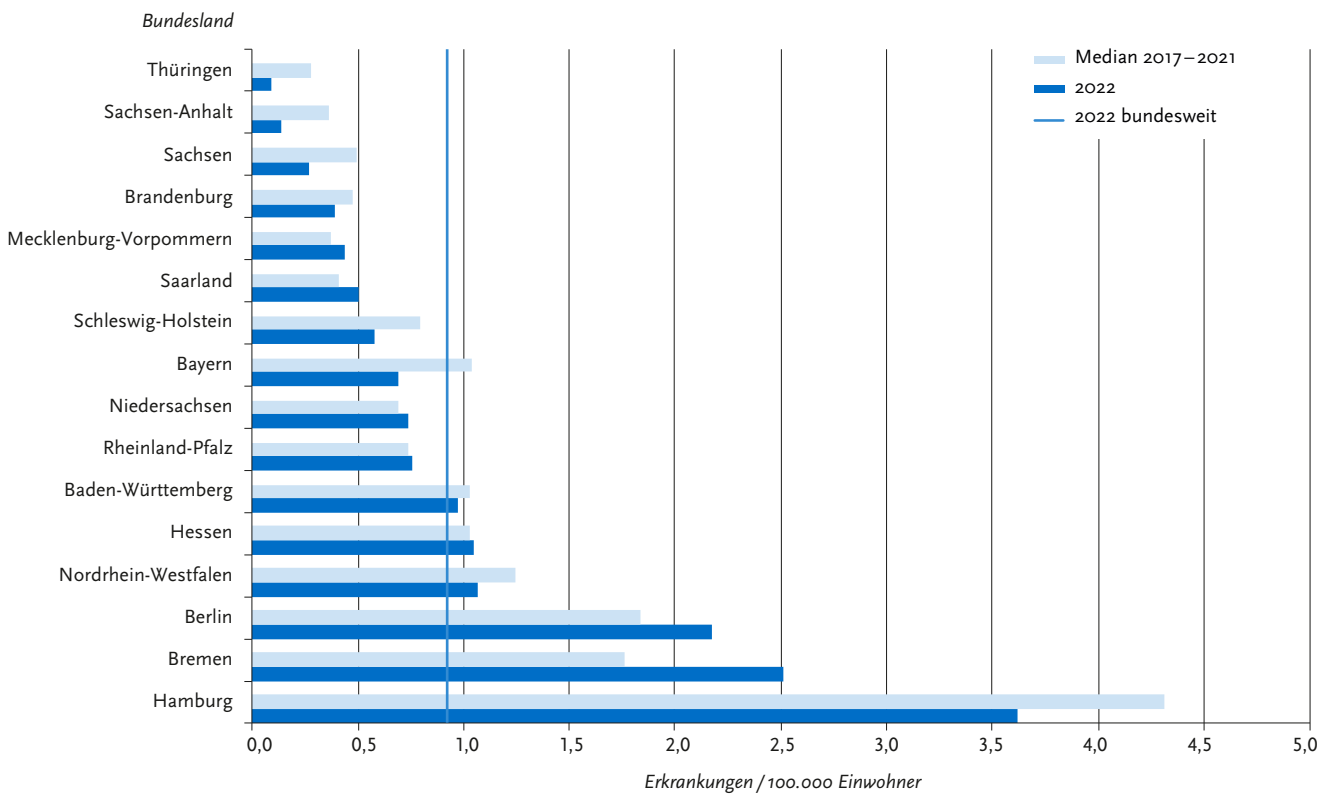


Abb. 6.38.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=768) im Vergleich mit den Vorjahren



serologisch (d. h. durch Antikörperbestimmung) erfolgte. Außerdem wurden nur die Fälle mit Wohnsitz in Deutschland berücksichtigt. Auf der Basis dieser Fallkriterien wurden für das Jahr 2022 insgesamt 768 Malaria-Fälle (0,9 Fälle pro 100.000 Einwohner; 2021: 613 Fälle; 2020: 366 Fälle) gemeldet.

Zeitlicher Verlauf

Nach dem Einbruch der Fallzahlen im Jahr 2020 stiegen diese 2021 und 2022 wieder deutlich an, lagen jedoch weiterhin unter den Fallzahlen vor der COVID-19-Pandemie (s. Abb. 6.38.1).

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.38.2). Wie in den Vorjahren hatten die Stadtstaaten Hamburg (3,6 Fälle/100.000 Einw.; 67 Fälle), Bremen (2,5; 17 Fälle) und Berlin (2,2; 80 Fälle) die höchsten Inzidenzen. Die niedrigsten Inzidenzen traten in Thüringen (0,1; 2 Fälle) und Sachsen-Anhalt (0,1; 3 Fälle) auf.

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 567 Fälle (74 %, Vorjahr: 74 %) angegeben. Der weitaus größte Teil der Nennungen (554; 98 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.38.1). Am häufigsten wurden – wie im Vorjahr – Kamerun, Nigeria und Ghana genannt. Bei 13 Fällen (2 %) wurden Infektionsländer außerhalb Afrikas angegeben: Deutschland (3 Fälle), Afghanistan (2), Pakistan (2), Peru (2), Indien (1), Kolumbien (1), Dominikanische Republik (1) und Papua-Neuguinea (1).

Bei den 3 in Deutschland erworbenen Infektionen handelte es sich um Flughafen-assoziierte Fälle von *Plasmodium falciparum*. Betroffen waren Mitarbeitende des Flughafens Frankfurt/Main, die auf dem Vorfeld arbeiteten und fast gleichzeitig Anfang Juli 2022 erkrankten.

Tab. 6.38.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2022 (n=567)

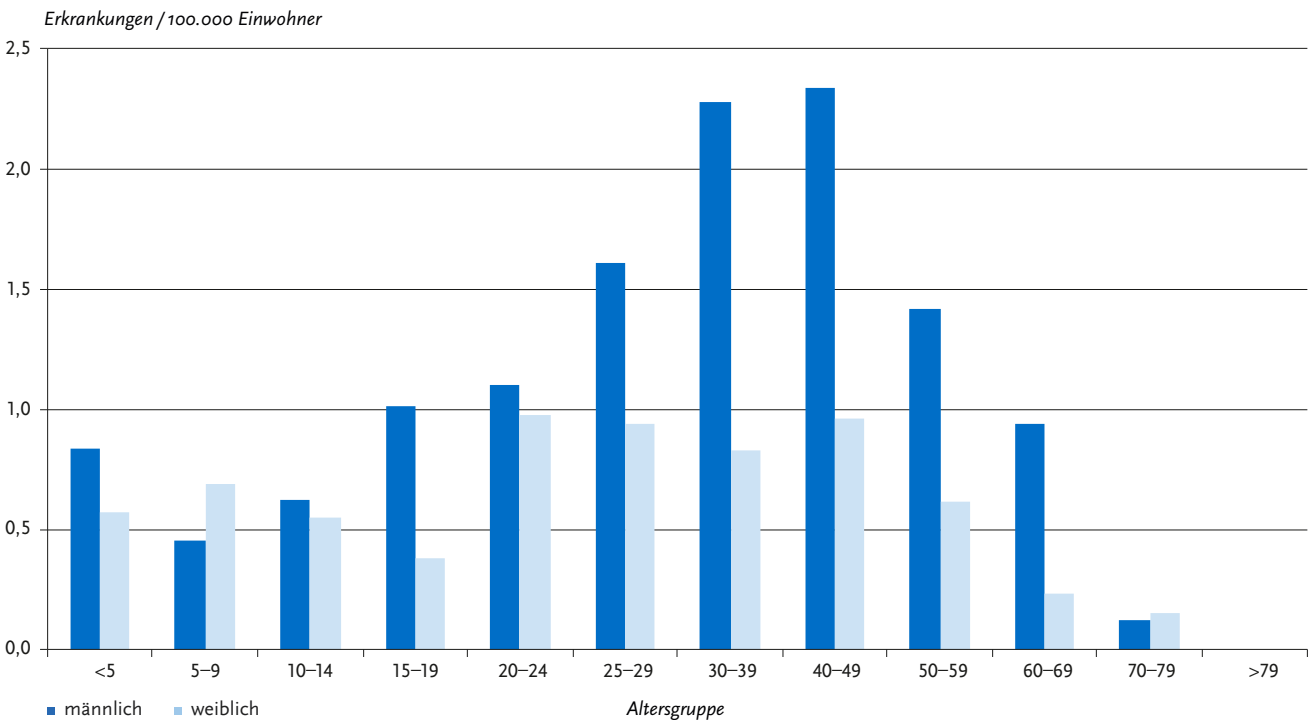
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kamerun	113	20 %
Nigeria	85	15 %
Ghana	56	10 %
Uganda	39	7 %
Togo	36	6 %
Guinea	33	6 %
Sierra Leone	29	5 %
Kongo, Demokratische Republik	19	3 %
Kenia	16	3 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	13	2 %
Andere	128	23 %
Summe	567	100 %

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wiesen die mittleren Altersgruppen von 25 bis 49 Jahren auf. Jungen und Männer hatten mit insgesamt 1,3 Fällen/100.000 Einw. eine mehr als doppelt so hohe Inzidenz wie Mädchen und Frauen mit 0,6 Fällen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.38.3).

Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjahren ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- oder Präventionsverhalten sowie auf unterschiedliche Personengruppen unter den aus Malaria-Endemiegebieten neu nach Deutschland Einreisenden zurückzuführen.

Abb. 6.38.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=751)



Nachgewiesene Erreger

Unter den 742 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (97 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 642 Fällen (87 %; 2021: 524 Fälle, 88 %) am häufigsten diagnostiziert. An zweiter Stelle lag *P. malariae* mit 30 Fällen (2021: 16 Fälle), gefolgt von *P. ovale* mit 29 Fällen (2021: 19 Fälle), *P. vivax* mit 19 Fällen (2021: 16 Fälle) und Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) mit 6 Fällen (2021: 3 Fälle). Bei 16 Fällen wurde eine Mischinfektion (2021: 15) angegeben (s. Tab. 6.38.2). Im Vergleich zum Vorjahr blieb der Anteil gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen fast konstant. Auffällig war die deutliche Zunahme der Fälle mit *P. malariae* und *P. ovale*.

Tab. 6.38.2:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2022 (n=742)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	642	86,5 %
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	30	4,0 %
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	29	3,9 %
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	19	2,6 %
Mischinfektion	16	2,2 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	6	0,8 %
Summe	742	100,0 %

Klinische Aspekte

Im Jahr 2022 wurden 9 Malaria-Todesfälle gemeldet. Zum Vergleich: Seit 2006 wurden maximal 4 Todesfälle pro Jahr gemeldet. Acht Erkrankte sind 2022 verstorben, eine weitere Person war bereits 2021 verstorben, aber die Malaria wurde erst bei der 2022 durchgeführten Obduktion diagnostiziert. Alle Verstorbenen waren an Malaria tropica (Erreger: *P. falciparum*) erkrankt und hatten sich in Afrika infiziert. Es handelt sich um 4 Frauen und 5 Männer im Alter von 29 bis 68 Jahren (Median 61 Jahre). Für 4 der Verstorbenen wurde angegeben, dass sie keine Chemoprophylaxe eingenommen hatten, bei den übrigen 5 Fällen war dies nicht ermittelbar.

Datenqualität

Für 525 Fälle (68 %; Vorjahr: ebenfalls 68 %) lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch von Ärztinnen und Ärzten vor, für 234 Fälle nur der Laborbogen, für 9 Fälle nur der Arztbogen. Das wahrscheinliche Infektionsland ist meist nur im Meldebogen der einsendenden Ärztinnen und Ärzte angegeben.

Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle ist 2022 im Vergleich zu 2021 um 25 % gestiegen, lag aber weiterhin unter den Werten der Jahre vor Beginn der COVID-19-Pandemie. Im Jahr 2022 wurden ungewöhnlich viele Malaria-Todesfälle übermittelt.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
WHO (2022): *World malaria report 2022*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240064898>

Wieters I, Eisermann P, Borgans F, et al.: *Two cases of airport-associated falciparum malaria in Frankfurt am Main, Germany, October 2019*. Euro Surveill 2019.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.49.1900691>

Vygen-Bonnet S, Stark K: *Changes in malaria epidemiology in Germany, 2001 – 2016: a time series analysis*. Malar J 2018.

<https://doi.org/10.1186/s12936-018-2175-y>

Falkenhorst G, Enkelmann J: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2021*. Epid Bull 2022; 44.

<https://doi.org/10.25646/10754>

RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.39 Masern



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 15
- ▶ Inzidenz: 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Es wurden keine Ausbrüche mit > 2 Fällen übermittelt
- ▶ Bisher ist kein erneuter Anstieg der Fallzahlen nach Aufhebung von Maßnahmen gegen die SARS-CoV-2 Pandemie zu verzeichnen

Kurzbeschreibung

Masern sind eine hochansteckende Viruserkrankung, die sehr schnell aerogen übertragen wird und durch Fieber, Entzündung der oberen Atemwege und einen typischen Hautausschlag gekennzeichnet ist. Gefürchtet sind Komplikationen wie Mittelohr-, Lungen- oder Gehirnentzündung. Impfungen bieten einen effektiven Schutz. Die Elimination der Masern ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Der Status der Elimination wird Deutschland zuerkannt, wenn eine endemische Übertragung der Masern über mindestens 36 Monate nicht mehr beobachtet wurde. Die Transmission wird wirksam unterbrochen, wenn mindestens bei 95 % der Bevölkerung eine ausreichende Immunität vorliegt. Seit März 2020 gilt in Deutschland das Masernschutzgesetz, das eine Nachweispflicht einer ausreichenden Immunität (in der Regel durch Impfungen) gegen Masern bei bestimmten Bevölkerungsgruppen vorsieht.

Falldefinition

Die Falldefinition für die Masern orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.39.1). Im Jahr 2022 wurden 67 Fälle übermittelt, von denen 15 der Referenzdefinition entsprachen.

Ein Teil der laboridiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischem Bild könnte z. B. auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und einer abgeschwächten Symptomatik, die nicht der klinischen Falldefinition entsprach, zurückzuführen sein. Das RKI diskutiert eine entsprechende Änderung der Falldefinition, um die Inzidenz der Masern besser einschätzen zu können. Ferner kann es sich hier auch um Fälle mit einer anderen Viruserkrankung gehandelt haben (z. B. Parvoviren, Herpesviren), die ein falsch positives Masern-IgM erzeugen kann.

Bei laboridiagnostisch bestätigten Fällen, bei denen das klinische Bild unbekannt ist, handelt es sich im Wesentlichen um serologische Kontrollen nach Durchführung einer Impfung.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden 15 Masern-Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zu 2021 (n=10) wurde damit ein geringer Anstieg der Fallzahlen beobachtet. Das drastische Absinken der Fallzahlen der Masern in den letzten Jahren gegenüber vorpandemischen Zeiten in Deutschland wie auch in der europäischen Region und weltweit ist auf die globalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie (z. B. Kontaktverbote, Schließungen von Gemeinschaftseinrichtungen, Ein- und Ausreiseverbote, Einschränkung der Reisetätigkeit) zurückzuführen.

Anders als im Vorjahr mit einem monatelang masernfreien Intervall gingen im Jahr 2022 außer im September am RKI monatlich zwischen 1 und 4 Fälle ein (s. Abb. 6.39.1). Die Masernfälle traten überwiegend sporadisch auf. Zu Beginn des Jahres kam es zu vereinzelt Importen der Masern aus Afghanistan.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit niedriger als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,6). Die Inzidenz unterschreitet, wie auch im Vorjahr, die Indikatorinzidenz der WHO von einem Fall pro 1 Million Einwohner. Diese Inzidenz stellt die von der WHO vorgeschlagene Indikatorinzidenz dar, bei der von erfolgreichen Strategien gegen eine Maserntransmission und von einer Präeliminationsphase ausgegangen wird.

Es wurden insgesamt 4 Fälle aus Bayern, 3 Fälle aus Hessen, je 2 Fälle aus Berlin und Nordrhein-Westfalen und je ein Fall aus Brandenburg, Schleswig-Holstein, Niedersachsen und Baden-Württemberg übermittelt. In diesen Bundesländern lag die Inzidenz jeweils unter 0,1 Erkr./100.000 Einwohner und damit weit unter dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.39.2). Aus 8 Bundesländern wurden keine Masernfälle übermittelt.

Tab. 6.39.1: Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	4	7 %	5	7 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	6	10 %	10	15 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	25	42 %	24	36 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	25	42 %	28	42 %
alle	60	100 %	67	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	10	17 %	15	22 %

Abb. 6.39.1: Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2017 bis 2022

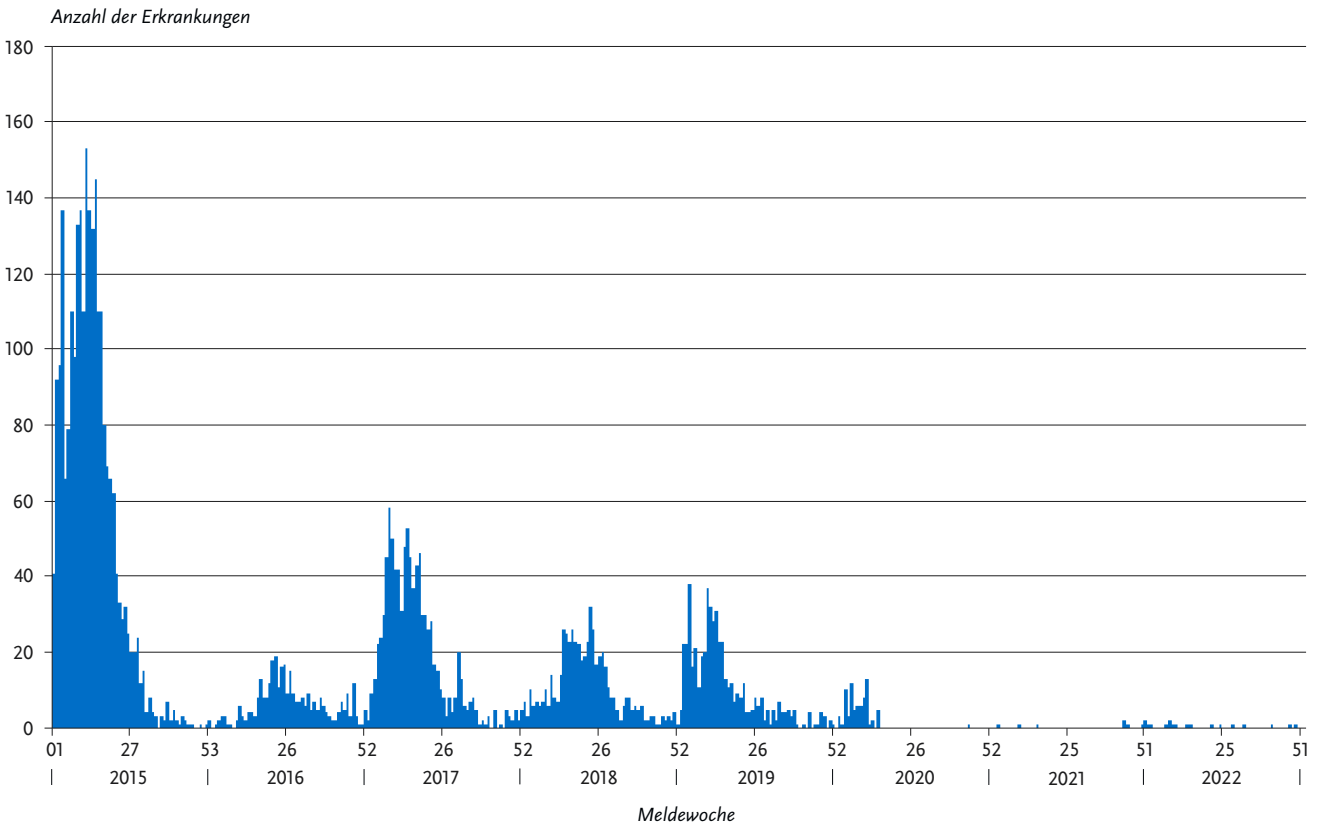
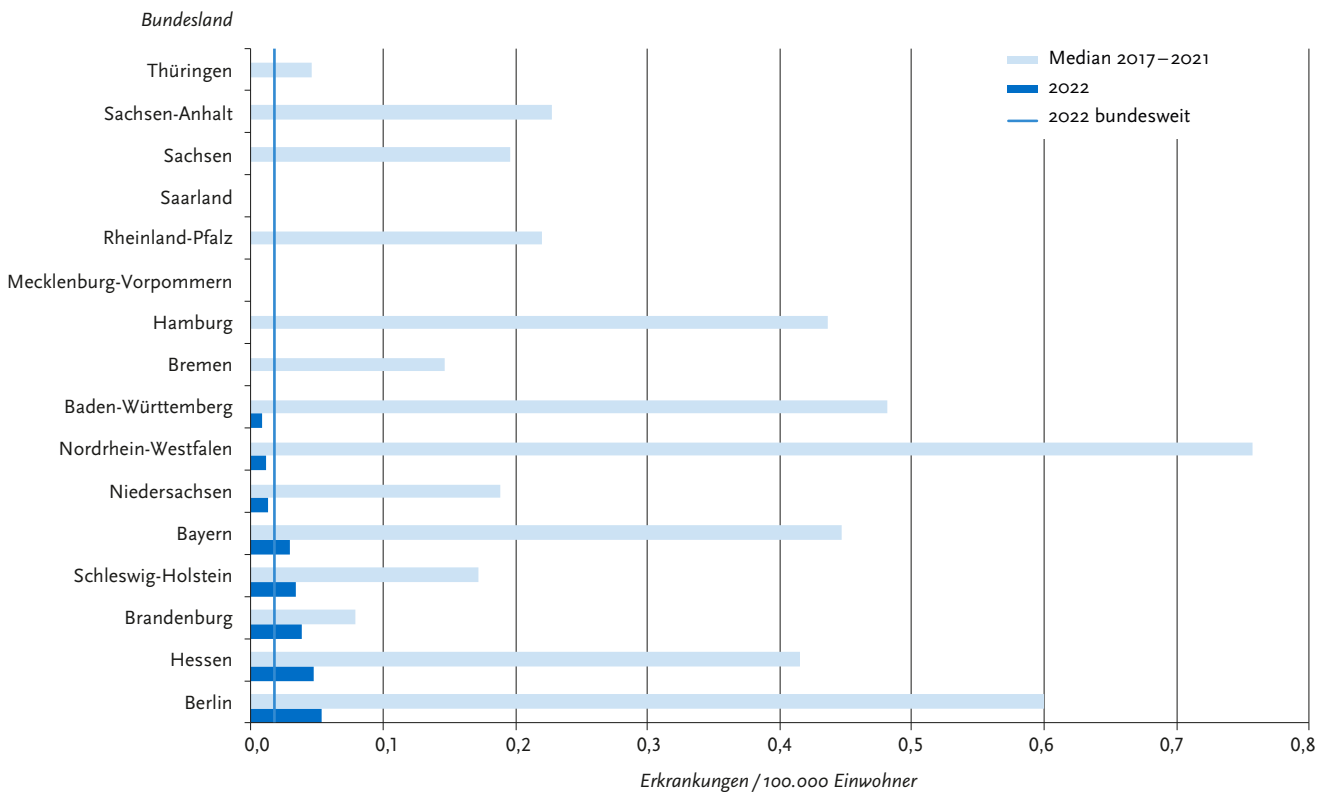


Abb. 6.39.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=15) im Vergleich zu den Vorjahren



Es lagen 18 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 13 Fälle mit Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben höchstwahrscheinlich überwiegend in Deutschland erworben (56 % der Nennungen; n=10). Als weitere Infektionsländer wurden Afghanistan, Österreich und Pakistan angegeben.

Demografische Verteilung

Es traten 3 Masernfälle in der Altersgruppe der unter 1-Jährigen und je 2 Fälle in den Altersgruppen der 1-Jährigen, 3-Jährigen und 15- bis 19-Jährigen auf. Je ein Fall wurde in den Altersgruppen der 2-Jährigen, 4-Jährigen, 10- bis 14-Jährigen, der 20- bis 24-Jährigen und der 25- bis 29-Jährigen beobachtet. Ferner war ein weiterer Fall in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen aufgetreten. Im Jahr 2022 traten in 7 von 15 Fällen die Masern bei männlichen Personen auf, acht Fälle waren weiblich (s. Abb. 6.39.3).

Die geringe Fallzahl lässt keine allgemeinen Aussagen zu alters- oder geschlechtsspezifischen Besonderheiten zu.

Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung lag im Jahr 2022 bei 33 % (n=5). Dies betraf je ein Kind im Alter von unter einem Jahr und 3 Jahren sowie 2 Kinder im Alter von einem Jahr. Ferner musste ein Erwachsener im Alter von 59 Jahren aufgrund der Masern in einem Krankenhaus behandelt werden. Möglicherweise handelte es sich bei den Einweisungen vereinzelt auch um eine Maßnahme zur Isolation von Erkrankten.

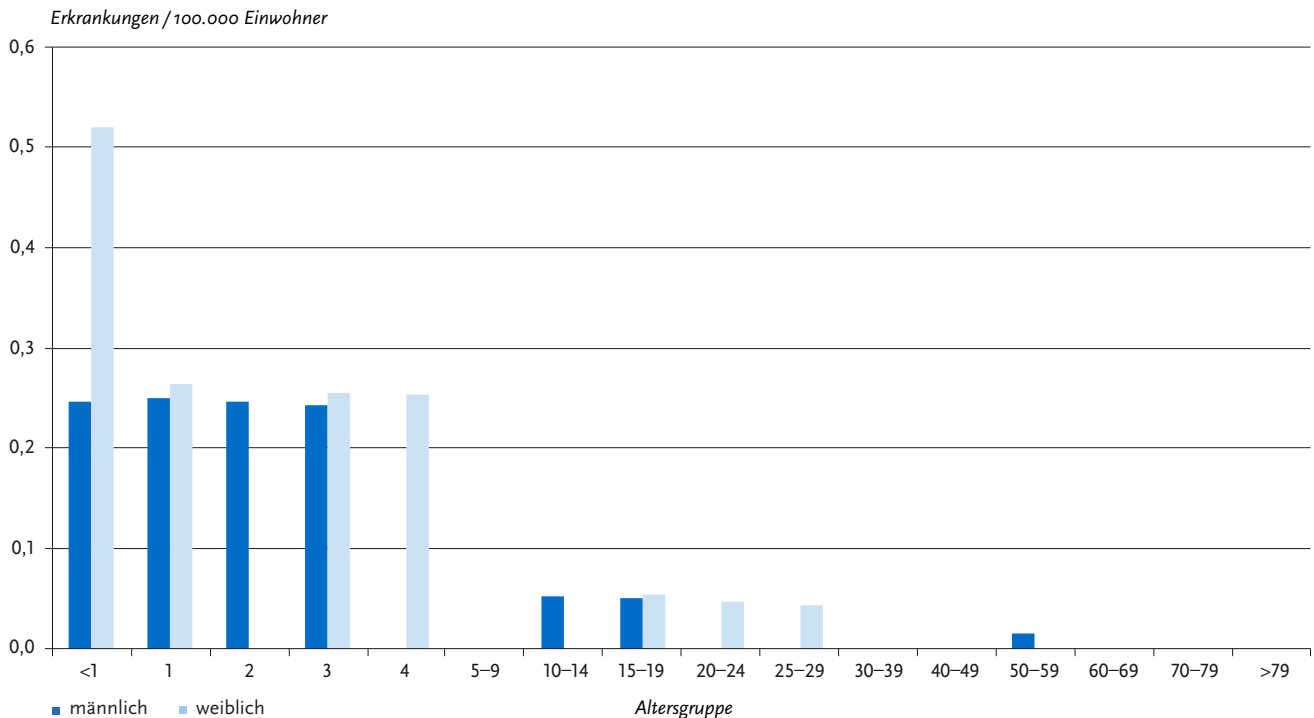
Für 12 der 15 Erkrankten war angegeben worden, dass keine Komplikationen vorlagen. Zweimal war diese Angabe nicht

erhoben worden und einmal nicht ermittelbar. Es wurden keine Todesfälle aufgrund der Masern übermittelt. Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) als Spätfolge einer Masern-Erkrankung wurde im Jahr 2020 im Rahmen des im März in Kraft getretenen Masernschutzgesetzes meldepflichtig. Seitdem wurde kein SSPE-Fall übermittelt.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (MMR-Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Die 2. Impfung ist kein Booster. Nach der 2. Dosis entwickeln in der Regel auch diejenigen Personen eine Immunität, bei denen aus unterschiedlichen Gründen nach einer 1. Impfdosis kein Immunschutz aufgebaut wurde. Die erste Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten, empfohlen (siehe STIKO-Empfehlungen). Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 2. Masern-Mumps-Röteln-Impfung mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung im Alter von 15 Monaten. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Geburtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Darüber hinaus hat die STIKO Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgesprochen und im Jahr 2020 die Empfehlungen für beruflich indizierte MMR- und Varizellen-Impfungen angeglichen und wissenschaftlich begründet (siehe Epidemiologisches Bulletin 2/2020). Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) können gewertet werden. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen wird nicht empfohlen.

Abb. 6.39.3: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=15)



Von den 15 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 13 Fällen bekannt. Von diesen 13 Fällen wurden 10 als ungeimpft und 3 als geimpft übermittelt. Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung herangezogen. Diese Angaben lagen bei 2 der 3 Geimpften vollständig vor. Bei diesen beiden Masernfällen wurde ein vollständiger Impfstatus mit 2 Impfungen gegen Masern im Kindesalter übermittelt. Bei einem dieser Fälle im Alter von 21 Jahren wurde eine Masern-Sequenzvariante bestimmt, hier war sicher ein Impfdurchbruch trotz zweimaliger Impfung aufgetreten. Bei dem anderen Fall im Alter von 16 Jahren war die PCR negativ. Hier könnte es sich auch um eine andere Infektion als die Masern gehandelt haben.

Um Impfdurchbrüche, d. h. Masern-Erkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, sicher feststellen zu können, sollte unbedingt bei allen geimpften Masernfällen die Erkrankung labordiagnostisch mit Hilfe eines Rachenabstriches und einer PCR gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei lediglich klinisch bestätigten geimpften Fällen ohne Labornachweis ist die Masern diagnose unsicher. Eine Einschätzung der Effektivität der Impfungen gegen Masern ist mit diesen Daten nicht möglich.

Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland war bis 2020 geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Wochen andauernden, auch bundeslandübergreifenden Transmissionsketten. Die Anzahl der Ausbrüche ging im Jahr 2020 bereits merklich zurück. In den Jahren 2021 und 2022 war dem RKI kein Ausbruch mit > 2 Fällen übermittelt worden. Weitere Angaben in den Kommentarfeldern lassen

allerdings den Schluss zu, dass sich ein Masernfall auf dem Flug aus Afghanistan nach Deutschland möglicherweise an einem anderen, im weiteren Verlauf in Deutschland bekannt gewordenen Masernfall, angesteckt haben könnte.

Datenqualität

Eine labordiagnostische Untersuchung von Verdachtsfällen ist essentiell, da bei einer niedrigen Inzidenz der Masern in Deutschland und bei häufigem Auftreten von sporadisch erfassten Fällen der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern diagnose sehr niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte **immer** bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften veranlasst werden.

Die Labordiagnostik der akuten Masernvirus-Infektion erfolgt durch den Nachweis des Masernvirus-Genoms mittels RT-PCR aus Rachenabstrich oder Urin innerhalb der ersten sieben Tage nach Symptombeginn. Dabei ist ein Blick auf die Zeitkinetik hilfreich: der Rachenabstrich ist ab Symptombeginn für ca. 7 Tage positiv, im Urin lässt sich das Virus von Tag 3 bis ca. Tag 10 nachweisen. Der alleinige Nachweis einer Masernerkrankung durch Masern-IgM Serologie wird nicht mehr empfohlen, da Masern-IgM in den ersten drei Erkrankungstagen nur in knapp 70 % der Fälle nachweisbar ist. Weiterhin nimmt auch der richtige Vorhersagewert des Masern-IgM-Nachweises in Zeiten sinkender Erkrankungszahlen deutlich ab, damit steigt die Wahrscheinlichkeit für falsch-positive Ergebnisse. Die Serologie kann zusätzlich zur Bestätigung einer Masernvirus-Infektion sowie zur Aufklärung eines Impfversagens herangezogen werden.

Der Anteil an klinisch-laborbestätigten und epidemiologisch verlinkten Fällen lag mit 10 von 15 Fällen niedriger als in den letzten Jahren. Die WHO fordert einen Anteil labordiagnostisch gesicherter Fälle von 80 % und mehr. Bei 8 der 15 über-

mittelten Erkrankungen nach Referenzdefinition war eine Genotypisierung veranlasst worden, die auch erfolgreich war. Für einen weiteren PCR-positiven und damit sicheren Masernfall wurde als klinisches Bild lediglich ein Exanthem übermittelt (Kategorie D), weswegen dieser Fall nicht der Referenzdefinition entsprach und nicht offiziell in die Statistik eingeht.

Die Ergebnisse zu vorliegenden Sequenzvarianten der Masernviren werden in der Melde- und Übermittlungssoftware erfasst, damit im Rahmen der epidemiologischen Surveillance valide Analysen zu Transmissionsketten vorgenommen werden können. Diese ist besonders bei lediglich sporadisch erfassten Masernfällen (keine Zugehörigkeit zu einem Ausbruch) von hoher Relevanz und sollte bei jedem sporadischen oder geimpften Fall vorgenommen werden. Die Einschätzung der Länge von Transmissionsketten ist unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des Standes der Elimination der Masern in Deutschland. Ergebnisse der Genotypisierung sollten daher stets nachgetragene und übermittelt werden. Aufgrund der vorliegenden Systematik der Meldesoftware ist es möglich, explizit jede vorliegende Sequenzvariante in der Software zu dokumentieren.

Die epidemiologische und virologische Analyse der Herkunft der Masern und möglicher Expositionen, insbesondere im Ausland, ist entscheidend, um importierte Masern zu erkennen, importassoziierte Fälle besser zuzuordnen und Transmissionsketten verfolgen zu können. Bei den hochkontagiösen Masern ist es zuweilen eine Herausforderung, die Herkunft der Infektion zu identifizieren. Eine Analyse der letzten 7 bis 21 Tage vor Beginn der Symptome auf mögliche Kontakte zu an Masern Erkrankten und eine Reiseanamnese (auch in andere Bundesländer oder Kreise) sind für eine optimale Untersuchung eines aufgetretenen Masern-Falles unerlässlich.

Vollständige Angaben zu bereits durchgeführten Impfungen sind entscheidend, um korrekte Einschätzungen zu eventuell vorliegenden Impfdurchbrüchen vornehmen zu können.

Angesichts des hohen Anteils der Hospitalisierten im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen oder eine Absonderung im Krankenhaus sehr wahrscheinlich.

Fazit

Für das Jahr 2022 wurde eine Masern-Inzidenz von 0,02 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2021: 0,01). Die von der WHO vorgeschlagene richtungsweisende Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einw. zur Dokumentation erfolgreicher Schritte hin zu einer Masern-Elimination wurde damit erneut erreicht. Die übermittelte Masernfallzahl ist weiterhin, höchstwahrscheinlich aufgrund nicht-pharmazeutischer Infektionsschutzmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19- auf einem historisch niedrigen Niveau.

Gestiegene Impfquoten in der Bevölkerung sind höchstwahrscheinlich noch nicht die Ursache für die gesunkenen Fallzahlen. Es ist zu erwarten, dass die Zahl der Masernfälle wieder ansteigt, sobald Masern wieder vermehrt nach Deutschland importiert werden. In einigen Ländern der Erde werden bereits wieder ausgedehnte Masernausrüche beobachtet (mittel- und südafrikanische Staaten, Afghanistan, Pakistan). Wichtig bleibt es, die Immunitätslücken in der Bevölkerung, insbesondere bei Personen, die nach Deutschland für längere Zeit einreisen, zu erkennen und so schnell wie möglich zu schließen.

Kinder im Alter bis 5 Jahre, aber auch Erwachsene, sind besonders von Komplikationen betroffen. Die Inzidenz der Masern bei Kindern unter 12 Monaten in den letzten Jahren hat regel-

mäßig gezeigt, dass der Gemeinschaftsschutz nicht ausreicht, um eine Ausbreitung der Masern in diesen Altersgruppen zu verhindern und diejenigen wirksam zu schützen, die selbst (noch) nicht geimpft werden können. Die Impfung bei Jugendlichen und Erwachsenen ist darum neben deren eigenem Schutz besonders auch für diese jüngsten Altersgruppen von Bedeutung.

Literaturhinweise

- Ullrich A, Schranz M, Rexroth U, et al.: *The impact of the COVID-19 pandemic and associated public health measures on other notifiable infectious diseases under national surveillance in Germany, week 1–2016 – week 32–2020*. Lancet Regional Health – Europe 2021. <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3748410>
- RKI: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland werden jährlich auf der Website des RKI veröffentlicht*. www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html
- Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 49:3–23. <https://doi.org/10.25646/10855>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 48:3–25. [DOI 10.25646/10838](https://doi.org/10.25646/10838)
- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Aktuelles zu Masern in Deutschland und weltweit (Datenstand: 01.08.2022)*. Epid Bull 2022; 34:3–18. <https://doi.org/10.25646/10439>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3–67. <https://doi.org/10.25646/92853>
- Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020; 2:3–22. <https://doi.org/10.25646/6447>
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe bei Risikopersonen*. Epid Bull 2017; 2:17–25. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-002.1>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.40 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 141
- ▶ Zunahme der Fallzahlen im Jahr 2022 um 91 % nach Abfall in den vergangenen zwei Jahren
- ▶ Die Serogruppen B (61 %) und Y (24 %) wurden am häufigsten nachgewiesen
- ▶ Anstieg der Todesfälle auf 13 (Vorjahr: 7)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern
- ▶ Wirksame Schutzimpfungen gegen die Serogruppen A, B, C, W und Y verfügbar

Kurzbeschreibung

Meningokokken sind Bakterien der Art *Neisseria meningitidis*. Sie werden durch Tröpfchen übertragen und können eine akute, teilweise perakut verlaufende Erkrankung hervorrufen, die sich vor allem als Meningitis oder Sepsis manifestiert. Folge eines besonders fulminanten septischen Verlaufs ist das mit hämorrhagischen Nekrosen (Purpura fulminans) einhergehende Waterhouse-Friderichsen-Syndrom (WFS). Die Letalität der invasiven Meningokokken-Infektionen beträgt 5 bis 10 %. Meningo-

kokken werden in verschiedene Serogruppen unterteilt, von denen in Deutschland die Serogruppe B am häufigsten vorkommt, gefolgt von den Serogruppen Y, W und C. Seit Juli 2006 ist eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff für alle Kinder im zweiten Lebensjahr von der Ständigen Impfkommission (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie oberflächenproteinbasierte Impfstoffe gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Infektion empfohlen.

Falldefinition

Seit dem Jahr 2015 erfüllen auch an einer invasiven Meningokokken-Infektion Erkrankte ohne Labornachweis des Erregers bzw. ohne epidemiologische Bestätigung (Falldefinitions-kategorie A) die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist. Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitions-kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen. Eine Übersicht über die Anzahl übermittelter invasiver Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition gibt Tabelle 6.40.1.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 erfüllten insgesamt 141 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 91 % mehr als im Vorjahr. Auch im Jahr 2022 wurde kein saisonales Muster mit Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, wie es in den präpandemischen Vorjahren auftrat. Die Fallzahlen stiegen von einem niedrigen Ausgangsniveau des Jahres 2021 über alle Quartale an (s. Abb. 6.40.1). Dabei wurde ein sprunghafter Anstieg im IV. Quartal beobachtet, in dem 64 Fälle (45 %) auftraten. Davon fielen wiederum 39 Fälle (28 %) in den Dezember. Diese Entwicklung kann im Zuge der Rücknahme nicht-pharmazeutischer Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie betrachtet werden, die nicht nur auf COVID-19, sondern wahrscheinlich auch Einfluss auf andere übertragbare Krankheiten hatten.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,2 Fällen pro 100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,3 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.40.2).

Von den 134 (95 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 126 ausschließlich Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Weiterhin wurden für 8 Fälle Länder des europäischen Auslands ausgewiesen.

Demografische Verteilung

Die höchsten Fallzahlen traten bei Kindern unter 5 Jahren auf, auf diese Altersgruppe entfallen 28 % (40 Fälle) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, darunter 23 Fälle bei Säuglingen (< 1 Jahr) und 8 Fälle bei 1-Jährigen. Unter den Säuglingen sind auch die höchsten Inzidenzen mit durchschnittlich 2,9 Fällen/100.000 Einw. zu verzeichnen (s. Abb. 6.40.3). Dabei waren Säuglinge männlichen Geschlechts (3,2 Erkr./100.000 Einw.) häufiger betroffen als Säuglinge weiblichen Geschlechts (2,6 Erkr./100.000 Einw.). Ein zweiter, kleinerer Gipfel bestand in den Altersgruppen der 15- bis 19-Jährigen (durchschnittlich 0,5 Erkr./100.000 Einw.).

Von den insgesamt 141 Fällen waren 88 männlichen und 53 weiblichen Geschlechts. Über alle Altersgruppen unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem (0,2 Erkr./100.000 Einw.) und weiblichem Geschlecht (0,1 Erkr./100.000 Einw.) nur geringfügig (s. Abb. 6.40.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 121 (86 %) der 141 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen spezifische Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 85 %). Für die Analyse werden Fälle mit Angaben zur Serogruppe inklusive der unbekapselten Erreger (NG, und cnl) eingeschlossen, nicht jedoch die unspezifische Angabe »andere/sonstige«. Die Tabelle 6.40.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist wie in den Vorjahren mit 74 Fällen (61 %) für die Mehrzahl der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen verantwortlich (Vorjahr: 43 [68 %]); gefolgt von der Serogruppe Y mit 29 (24 %) Fällen (Vorjahr: 2 [3 %]).

Die Serogruppe W wurde bei 7 (6 %) Fällen (Vorjahr: 9 [14 %]) und die Serogruppe C wurde bei 5 (4 %) Fällen (Vorjahr: 6 [9 %]) nachgewiesen. Bei 2 Fällen wurde keine Serogruppe aufgrund einer fehlenden Kapsel (NG, cnl) nachgewiesen. Für 2 Fälle wurde die Serogruppe X und in je einem Fall wurden Meningokokken der Serogruppen E und Z nachgewiesen. Aufgrund der geringen Fallzahlen kann ein Vergleich mit dem Vorjahr nur eingeschränkt vorgenommen werden. Jedoch fällt auf, dass der Wiederanstieg sich auf die Serogruppen B und Y beschränkt, während die Serogruppen W und C ein niedriges Niveau beibehielten.

Tab. 6.40.1: Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	0	0 %	2	1 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	72	97 %	133	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1	1 %	4	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	1	1 %
alle	74	100 %	141	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	74	100 %	141	100 %

Abb. 6.4o.1:
 Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2017 bis 2022 (n=1.194)

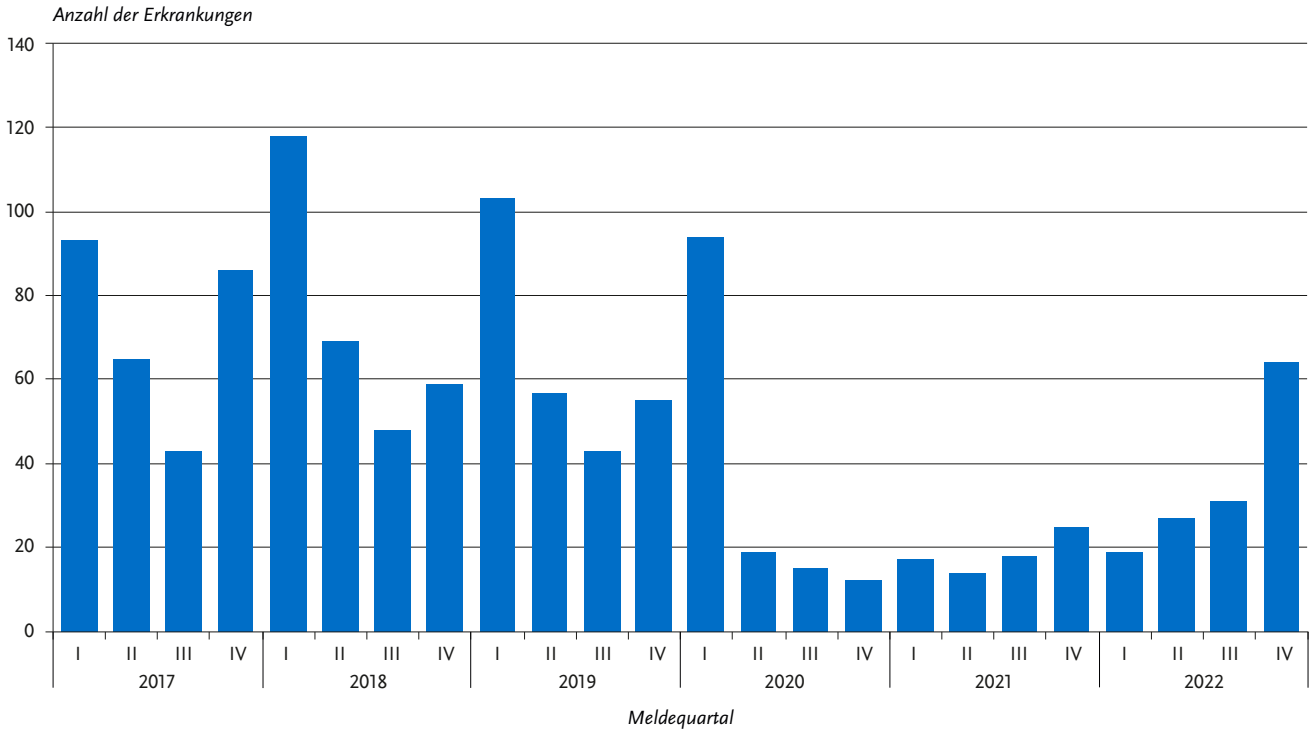


Abb. 6.4o.2:
 Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=141) im Vergleich mit den Vorjahren

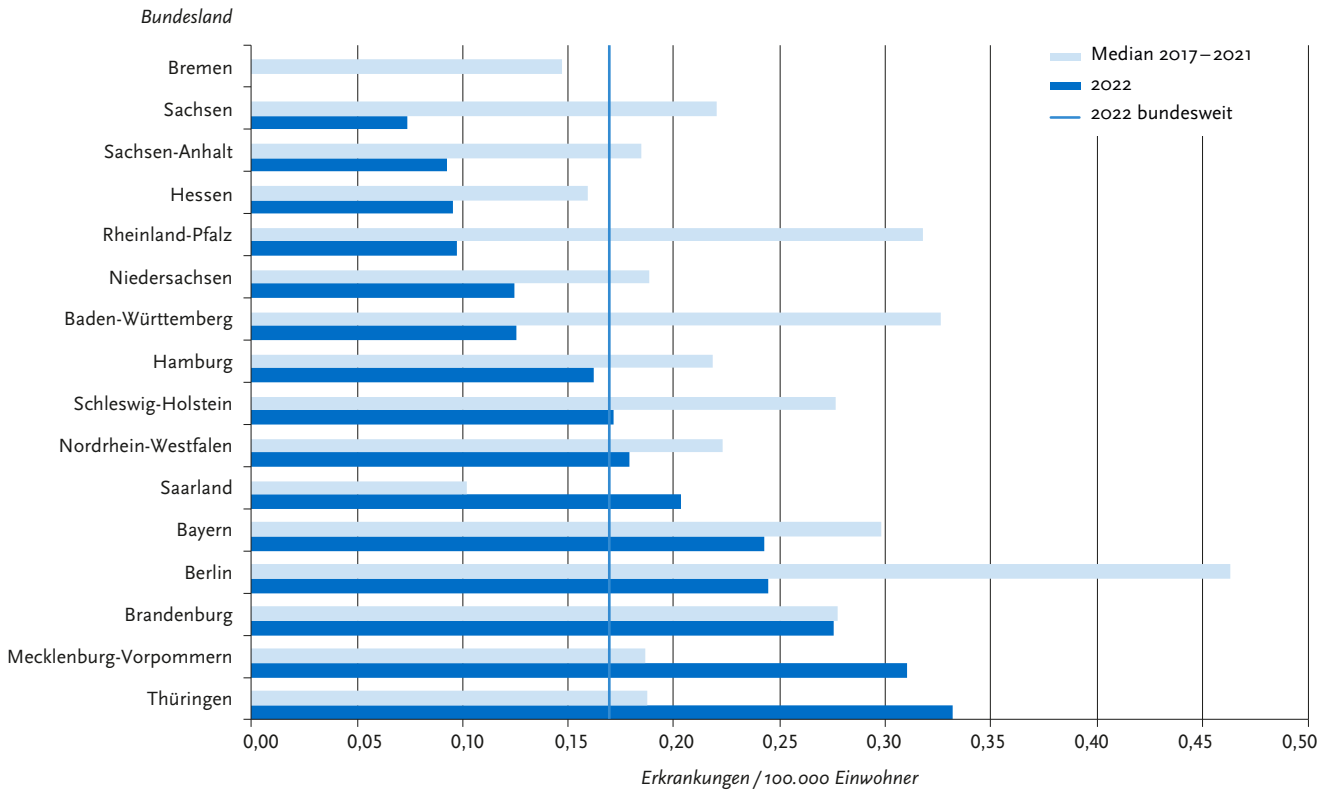
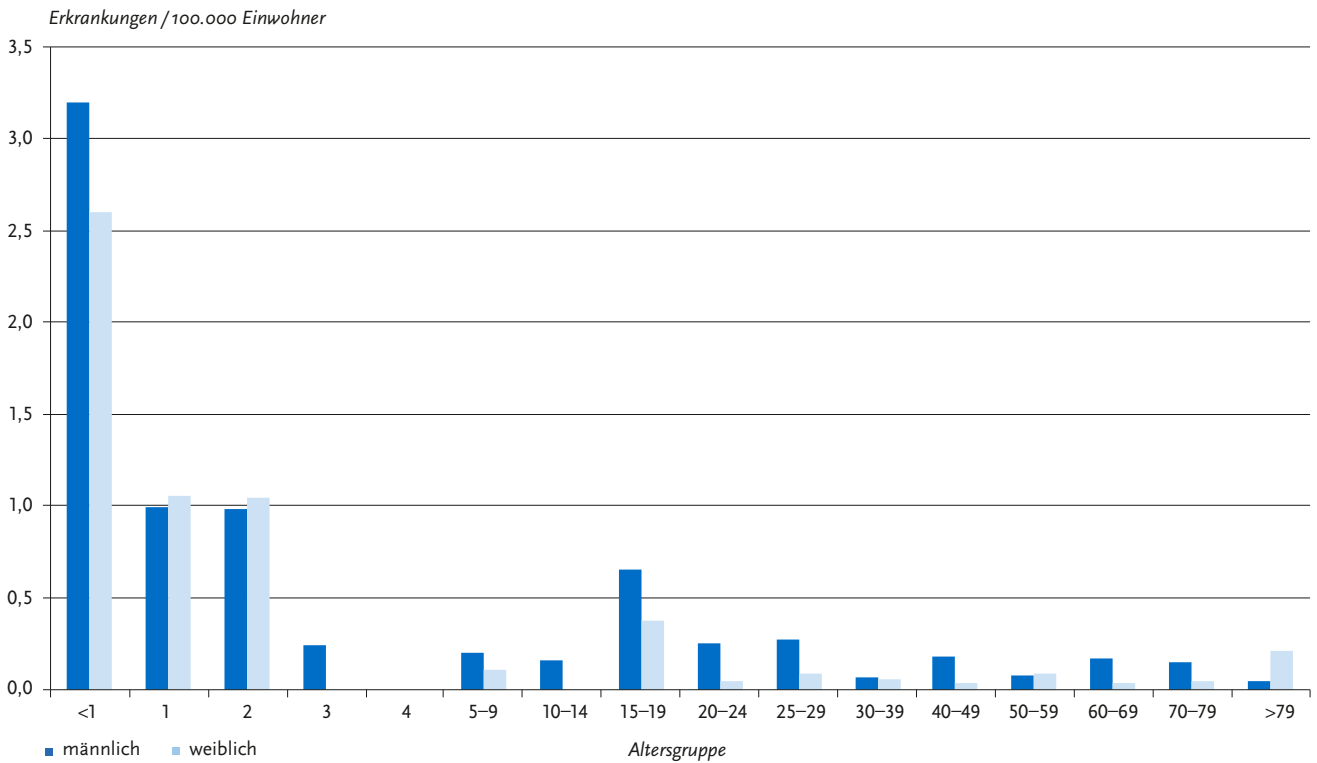


Abb. 6.40.3: Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=141)



Tab. 6.40.2: Serogruppenverteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2022 (n=118 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Prozent
Serogruppe B	74	61,7 %
Serogruppe Y	29	24,2 %
Serogruppe W	7	5,8 %
Serogruppe C	5	4,2 %
Serogruppe X	2	1,7 %
Serogruppe E	1	0,8 %
Summe	118	98,3 %

Seit 2006 wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C empfohlen. Die folgende Analyse bezieht sich auf die Altersgruppe der 1- bis 14-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Im Rahmen der Schuleingangsuntersuchung 2020 wurde bei den Kindern im Alter von 4 bis 7 Jahre im Bundesdurchschnitt eine Impfquote von 90 % verzeichnet. Im Jahr 2022 war bei 18 von den 26 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe die Serogruppe angegeben. Erstmals wurde bei keinem der 18 Fälle die Serogruppe C nachgewiesen (Vorjahr: 2 Fälle, seit 2017 ein bis 2 Fälle jährlich); jedoch ist der Anteil der Fälle ohne Information mit 31 % für diese Altersgruppe relativ hoch. Im Ver-

gleich zu dem Jahr 2006 [Zeitpunkt der STIKO-Empfehlung] nahmen die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C damit um 100 % (2022: 0 Fälle gegenüber 2006: 52 Fälle) ab. Im selben Zeitraum sind die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe allerdings auch stark zurückgegangen; insgesamt um 87 % (2022: 15 Fälle gegenüber 2006: 116 Fälle). Es liegt daher nahe, dass sich neben der Impfung auch weitere Faktoren auf das Infektionsgeschehen auswirken.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild wurden bei 140 der 141 invasiven Meningokokken-Infektionen (99 %) gemacht, wobei für 137 Fälle (97 %) Symptome im Sinne der Falldefinition berichtet wurden. Nach diesen Angaben lagen bei 69 Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 63 ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 26 Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das Waterhouse-Friderichsen-Syndrom bei 15 Fällen und Purpura fulminans bei 13 Fällen angegeben.

Insgesamt 13 Fälle mit invasiven Meningokokken-Infektionen wurden als verstorben übermittelt, davon sind 12 an der gemeldeten Krankheit verstorben, eine erkrankte Person aufgrund unbekannter Ursache. Die Letalität lag somit bei 9 %.

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im 2. Lebensjahr empfohlen. Dazu stehen 2 monovalente Konjugat-Impfstoffe zur Verfügung, die ab dem Alter von 2 Monaten zugelassen sind. Ab dem Alter von einem Jahr ist lediglich eine Impfdosis erforderlich. Wird bereits im Säuglingsalter geimpft, sind im ersten Lebensjahr 2 Impfdosen im Abstand von 2 Monaten erforderlich, mit einer Auffrischimpfung im 2. Lebensjahr. Drei Konjugat-Impfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sind zur Impfung ab dem Alter von 6 Wochen, 12 Monaten bzw. 2 Jahren zugelassen. In der Vergangenheit wurden zur Impfung gegen die Serogruppen A und C bzw. A, C, W und Y auch Polysaccharid-Impfstoffe verwendet, die jedoch im Alter unter 2 Jahren nur begrenzt wirksam sind. Die Grundimmunisierung besteht aus einer Impfdosis; Auffrischimpfungen werden für Konjugat-Impfstoffe bislang nicht, für Polysaccharid-Impfstoffe nach 3 bis 5 Jahren empfohlen. Die Impfung gegen die Serogruppe B wird von der STIKO bislang nur für Risikopersonen empfohlen; sie kann jedoch als zugelassener Impfstoff in Anspruch genommen werden und wird von der Sächsischen Impfkommision für Kinder in Sachsen bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 12 Monaten mindestens 2 Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten; bei allen anderen Altersgruppen insg. 2 Dosen. Bei dem Impfstoff Trumenba® (zugelassen ab 10 Jahren) besteht eine Grundimmunisierung wahlweise aus 2 oder 3 Dosen (Details s. Fachinformationen). Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 115 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 28 Fällen (24 %) die Angabe zum Impfstatus, in 18 Fällen (16 %) wurde mindestens eine Impfung berichtet. Auch bei 5 von 20 Fällen (25 %) ohne Angabe der Serogruppe bzw. mit der Angabe »andere/sonstige« war der Impfstatus unklar.

Von den 74 übermittelten Fällen der Serogruppe B lagen für 58 Informationen zum Impfstatus vor. Für 14 von diesen wurde eine Impfung angegeben; bei 11 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen die Serogruppe C und bei 2 Fällen lagen keine Informationen vor. Von den 5 Serogruppe C-Erkrankten hatten 3 eine Angabe zum Impfstatus; darunter hatte kein Fall eine Meningokokken-C-Impfung erhalten. Von den 7 Serogruppe-W-Erkrankten lag für 3 eine Angabe zum Impfstatus vor, wobei 2 keine Impfung erhalten hatten und einer eine Impfung gegen Meningokokken C. Von den 29 Fällen der Serogruppe Y lag für 23 eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon hatte ein Fall eine Meningokokken-C-Impfung und ein Fall eine Meningokokken-B-Impfung erhalten. Für einen Fall mit zusätzlichem Risikofaktor Immundefizienz waren zwei Impfungen mit Polysaccharid-Impfstoff gegen die Serogruppen ACWY (Impfung als Kind, > 5 Jahre vor Erkrankungsbeginn) ausgewiesen. Zudem war diese Person auch mit Konjugat-Impfstoff gegen Serogruppe C und einem Impfstoff gegen Serogruppe B (2 Dosen) geimpft worden. Die Person ist nicht verstorben. Bei 3 Fällen, bei denen die Serogruppe nicht ermittelbar war, wurde eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff angegeben.

Mit den vorhandenen Daten wurden daher im Jahr 2022 bei den übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen ein Fall identifiziert, der trotz zurückliegender Impfung gegen die entsprechende Serogruppe erkrankte.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 2 Häufungen mit zusammen 4 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Zum einen handelte es sich um 2 Fälle im gleichen Haushalt im Alter von ein und 4 Jahren, die im Abstand von 2 Tagen erkrankten. Ursächlich waren Meningokokken der Serogruppe B. Zum anderen handelte es sich um 2 Fälle im gleichen Haushalt im Alter von einem und 2 Jahren, die im Abstand von einem Tag erkrankten. Ursächlich waren auch hier Meningokokken der Serogruppe B.

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit eindeutigen Angaben zur Serogruppe lag bei 86 % – und entspricht damit dem Niveau des Vorjahres (85 %). Es fehlten zudem Angaben zum Impfstatus bei 24 % der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen mit impfpräventablen Serogruppen. Eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus ist zur Überwachung der Effekte durch die seit 2006 empfohlene Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich, auch für die Impfungen mit den neueren Impfstoffen gegen Meningokokken der Serogruppe B. Es ist bekannt, dass die Impfantikörper nach einer Impfung mit den Konjugatimpfstoffen gegen die Serogruppen ACWY mit der Zeit abnehmen, insbesondere wenn vor dem Alter von 10 Jahren geimpft wurde; sodass gelegentliche Impfdurchbrüche auftreten können. Ein diesbezüglicher Anstieg wäre ein wichtiger Hinweis für die Notwendigkeit einer Auffrischimpfung; er kann jedoch nur bei Vorliegen des Impfstatus sowie der Serogruppe erkannt werden. Gesundheitsämter sollten meldende Labore auf die Möglichkeit hinweisen, sowohl Isolate als auch Nativmaterial am NRZ für Meningokokken diesbezüglich unentgeltlich untersuchen zu lassen. Eine hohe Datenqualität vor allem in Bezug auf die zirkulierenden Stämme und die Erhebung der Impfangaben bei dieser schwerwiegend verlaufenden Infektion bleibt eine wesentliche Grundlage für die Prüfung und mögliche Anpassung zu den von der STIKO empfohlenen Impfungen gegen Meningokokken.

Fazit

Die Gesamtinzidenz invasiver Meningokokken-Infektionen nahm im Jahr 2022 im Vergleich zum Vorjahr zu. Diese Entwicklung wurde vor allem von den Serogruppen B und Y getragen und fiel im Dezember 2022 besonders deutlich aus. Die Rücknahme der implementierten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, wie das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und Kontaktbeschränkungen, sind hierfür eine wahrscheinliche Erklärung.

Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 nahm die Zahl der Fälle mit dieser Serogruppe in der primären Impfzielgruppe der ein- bis inzwischen 14-jährigen Kinder auf ein sehr niedriges Niveau ab (seit 2017 ein bis 2 Fälle jährlich), es wurde 2022 erstmals kein Fall berichtet. Der beobachtete Rückgang ist zudem weiterhin deutlich ausgeprägter als der Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe B.

Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der invasiven Meningokokken-Infektionen wie auch der Impfquoten in der Bevölkerung ist unerlässlich für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischungsimpfungen.

Literaturhinweise

- Brueggemann AB, Jansen van Rensburg MJ, Shaw D, et al.: *Changes in the incidence of invasive disease due to Streptococcus pneumoniae, Haemophilus influenzae, and Neisseria meningitidis during the COVID-19 pandemic in 26 countries and territories in the Invasive Respiratory Infection Surveillance Initiative: a prospective analysis of surveillance data.* The Lancet Digit Health 2021. [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(21\)00077-7](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(21)00077-7)
- Rieck T, FeigM, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance.* Epid Bull 2022; 48:3–259. DOI 10.25646/10838
- Tenenbaum T, Hellenbrand W, Schrotten H: *Impfstoffe gegen Meningokokken für das Kindesalter.* Monatsschr Kinderheilkd 2019. <http://dx.doi.org/10.1007/s00112-018-0635-7>
- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2022).* https://www.hygiene.uni-wuerzburg.de/fileadmin/0321-meningococcus/2023/Web-Bericht_Nm_2022_DE_20230424.pdf
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2023.* Epid Bull 2023; 4:3–68. <https://doi.org/10.25646/10829>
- AG Meningokokken B der STIKO: *Aktualisierte Stellungnahme der STIKO am RKI zum Stand der Bewertung einer Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe B (Stand 20.12.2017).* Epid Bull 2018; 3:35–44. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-003.2>
- RKI-Ratgeber (2021). www.rki.de/ratgeber

6.41 Middle East Respiratory Syndrome (MERS)

Kurzbeschreibung

Das Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) ist seit dem Jahr 2012 bekannt, als es erstmals bei einem in Jeddah, Saudi-Arabien, behandelten Patienten mit akuter Pneumonie und Nierenversagen identifiziert wurde. Vermutlich hat es seinen Ursprung in Fledermäusen und wurde danach auf dromedarische Kamele übertragen, die als Reservoir für Übertragungen auf den Menschen fungieren. Es kommen sowohl zoonotische als auch Mensch-zu-Mensch-Übertragungen vor. Eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bis jetzt jedoch nicht beobachtet.

Bis zum 31.12.2022 registrierte die Weltgesundheitsorganisation (WHO) 2.603 Fälle, entsprechend einer Zunahme von 20 Fällen im Vergleich zum Vorjahr. Trotz der seit 2015 weltweit rückläufigen Inzidenz, ist seit 2020 ein noch stärkerer Rückgang der neuen MERS-CoV-Fälle zu beobachten, der sich zeitlich mit der Ausbreitung der COVID-19-Pandemie überschneidet. Ein Grund für den starken Rückgang sind möglicherweise die durch die COVID-19-Pandemie bedingte Reduktion in der Surveillance und Testung von anderen Infektionskrankheiten, was auch den Rückgang der Übermittlungen von asymptomatischen oder milden MERS-CoV-Fällen erklären könnte. Möglicherweise hatten die im Rahmen der COVID-19-Pandemie getroffenen Maßnahmen bzw. Ereignisse auch einen dämpfenden Einfluss auf das Infektionsgeschehen von MERS. Da diese Maßnahmen jedoch wahrscheinlich wenig Einfluss auf die Ausbreitung von MERS-CoV unter dromedarischen Kamelen hat, bleibt das Risiko der zoonotischen Übertragung weiterhin bestehen.

Seit 2012 haben 27 Länder Fälle an die WHO gemeldet. Von den gemeldeten 2.603 Fällen starben 935, im Jahr 2022 verstarb eine Person (Fall-Verstorbenen-Anteil insgesamt bei 36 %; Fall-Verstorbenen-Anteil für die Fälle 2022: 13 % [1/8]). Unter den Primärfällen überwiegen Personen im Alter von 40 bis 80

Jahren mit einem höchsten Infektionsrisiko für die 50- bis 59-Jährigen. Sekundärfälle sind eher 20 bis 60 Jahre alt, mit einem höchsten Infektionsrisiko für die 30-bis 39-Jährigen. Die Mehrheit der bisherigen MERS-CoV-Fälle ist männlich (69 %). Der Fall-Verstorbenen-Anteil steigt mit zunehmendem Alter an.

Die Mehrheit aller MERS-CoV-Fälle stammt mit 2.194 Fällen (84 % [2.194/2.603]) und 854 Todesfällen aus Saudi-Arabien. Sämtliche bisherigen weltweiten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch ein großer Ausbruch in Südkorea im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien berichteten 26 weitere Länder von mindestens einem Fall. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

Eine typische Erkrankung beginnt mit Fieber und Husten, gefolgt von Atemnot. Häufig treten auch gastrointestinale Symptome auf. Die meisten betroffenen Personen entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der betroffenen Personen, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzkrankung.

Nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft sind Dromedare die wichtigste Wirtspezies für MERS-CoV und stellen die bisher einzige nachgewiesene Quelle für Infektionen beim Menschen dar. Aktuelle Studien konnten jedoch auch eine Empfänglichkeit gegenüber MERS-CoV ua. bei Baktrian-Kamelen, Hybrid-Kamelen und Neuweltkameliden (z. B. Alpakas und Lamas) nachweisen. Zoonotische Infektionen beim Menschen ereignen sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare und sind vermutlich auch der Ausgangspunkt für Häufungen (Cluster). Dennoch können infizierte Dromedare selbst völlig symptomlos sein. Sowohl ihre genaue Rolle bei der Übertragung des Virus als auch die genauen Übertragungswege sind noch unbekannt. Bei den meisten dokumentierten Fällen erfolgte die Übertragung jedoch von Mensch zu Mensch.

Übertragungen im Haushaltsbereich sind zwar dokumentiert, das weitaus wichtigste Setting ist jedoch der Krankenhausbereich, wo es immer wieder zu Ausbrüchen kam. Bei einigen dieser Ausbrüche waren mehr als 100 Personen betroffen. Nach 2 großen Krankenhaus-assoziierten Ausbrüchen in Südkorea und Riad (Saudi-Arabien) im Jahr 2015 ereigneten sich auch in den Folgejahren wieder – allerdings eher kleinere – Krankenhaus-assoziierte Ausbrüche. Sowohl die Zahl der außerhalb vom Gesundheitswesen erworbenen als auch die Zahl der im Krankenhaus erworbenen Fälle von MERS zeigt in den letzten Jahren eine rückläufige Tendenz. Bei einem nicht unerheblichen Teil der Infektionen war die Infektionsquelle unbekannt, da keiner der genannten Übertragungswege in Zusammenhang mit den Infektionen gebracht werden konnte. Wichtig für die globale Risikoeinschätzung – aber auch für Deutschland – ist, dass es bisher noch keine Hinweise auf eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch gibt, auch nicht in Ländern der arabischen Halbinsel.

Situation in Deutschland

Nach Deutschland importierte Infektionen sind jederzeit möglich, da ca. eine Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland reisen. Reisende, die die arabische Halbinsel besuchen, sind vor allem dann einem erhöhten Risiko ausgesetzt, wenn sie Kamelmärkte besuchen, Kamelmilch konsumieren oder auf andere Art und Weise Kontakt mit dromedarischen Kamelen, deren Produkten oder Ausscheidungen haben. Im Oktober 2012 und im März 2013 wurden 2 Personen, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt, davon verstarb eine Person. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab bei keinem der beiden Erkrankten einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal eine Person mit MERS diagnostiziert. Es handelte sich um einen 65 Jahre alten Deutschen, der sich vermutlich beim Besuch eines Kamelmarktes in den Vereinigten Arabischen Emiraten infiziert hatte und an den Spätfolgen der Erkrankung verstarb. Seit 2015 wurde kein MERS-Fall mehr in Deutschland übermittelt. Seit dem 01.03.2020 ist der direkte oder indirekte Nachweis von MERS-CoV gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 31a IfSG meldepflichtig, soweit der Nachweis auf eine akute Infektion hinweist.

Literaturhinweise

- WHO: MERS situation update, December 2022. <https://applications.emro.who.int/docs/WHOEMCSR630E-eng.pdf>
- WHO: Middle East respiratory syndrome: global summary and assessment of risk, Update 16 November 2022. <https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1479256/retrieve>
- Zhang A-R, Shi W-Q, Liu K, et al.: Epidemiology and evolution of Middle East respiratory syndrome coronavirus, 2012 – 2020. *Infect Dis Poverty* 2021. <https://doi.org/10.1186/s40249-021-00853-0>
- Adney DR, Letko M, Ragan IK, et al.: Bactrian camels shed large quantities of Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) after experimental infection. *Emerg Microbes Infect* 2019. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1618687>
- Corman VM, Lienau J, Witznath M: Coronaviren als Ursache respiratorischer Infektionen. *Internist* 2019. <https://doi.org/10.1007/s00108-019-00671-5>
- Reuss A, Litterst A, Drosten C, et al.: Contact investigation for imported case of middle East respiratory syndrome, Germany. *Emerg Infect Dis* 2014. <https://doi.org/10.3201/eid2004.131375>
- Buchholz U, Müller MA, Nitsche A, et al.: Contact investigation of a case of human novel coronavirus infection treated in a German hospital, October – November 2012. *Euro Surveill* 2013. <https://doi.org/10.2807/ese.18.08.20406-en>
- RKI: Informationen zu MERS. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/M/MERS_Coronavirus/MERS_Coronavirus.html

6.42 Milzbrand

Kurzbeschreibung

Milzbrand (auch als Anthrax bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Bacillus anthracis* verursacht. Am Anfang der Ansteckungskette stehen normalerweise pflanzenfressende Säugetiere (Nutz- oder Wildtiere). Abhängig vom Ansteckungsweg können beim Menschen die Haut (Hautmilzbrand), die Lunge (Lungenmilzbrand) oder der Darm (Darmmilzbrand) betroffen sein. Zusätzlich wurde das Krankheitsbild des Injektionsmilzbrandes beschrieben, bei dem es nach Injektion kontaminierter Substanzen

zu einer schweren Weichteilinfektion im Bereich der Injektionsstelle kommen kann. Unbehandelt verläuft Milzbrand häufig tödlich. Der Milzbrand-Erreger ist wegen seiner Eignung für bioterroristische Anschläge seit 2001 in das öffentliche Interesse gerückt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebrauchenden übermittelt; ein Patient verstarb. Diese 4 Erkrankungen standen, ebenso wie 2 Erkrankungen in den Jahren 2009/2010 in Deutschland, im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchenden. Davor war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

Literaturhinweise

- Keim P, Grunow R, Vipond R, et al.: Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years. *EBio Medicine* 2015. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2015.10.004>
- Berger T, Kassirer M, Aran AA: Injectional anthrax – new presentation of an old disease. *Euro Surveill* 2014. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.32.20877>
- Grunow R, Verbeek L, Jacob D, et al.: Injektionsmilzbrand – neu aufgetretene Fälle bei Heroinabhängigen. *Dtsch Arztebl Int* 2012. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2012.0843>
- RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

6.43 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.037
- ▶ Von 2012 bis 2020 deutliche Abnahme der Fallzahlen, seit 2020 nur noch geringer Rückgang der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern über 79 Jahren

Kurzbeschreibung

Staphylococcus aureus ist ein bakterieller Erreger, der natürlicherweise auf Haut und Schleimhäuten von Mensch und Tier vorkommen kann. Er verursacht ein weites Spektrum von Erkrankungen, das von Haut- und Weichteilinfektionen (z. B. Furunkel, Wundinfektionen), Abszessbildungen in nahezu allen Körperregionen, Lungenentzündung bis hin zu schweren systemischen Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika ausgebildet, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierten Tieren (z. B. Schweinen) auf den Menschen.

Meldepflichtig gemäß IfSG ist der direkte Nachweis von MRSA in Blutkultur oder Liquor. Die Meldepflicht wurde zum 01.07.2009 eingeführt. Übermittelt werden alle labor diagnostisch bestätigten Infektionen unabhängig vom klinischen Bild,

diese erfüllen gleichzeitig die Referenzdefinition. Der Nachweis von Krankheitserregern in der Blutkultur wird als Bakteriämie bezeichnet und ist nicht in jedem Fall mit einer Sepsis verbunden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.43.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 1.037 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 4 % weniger als im Vorjahr (1.079). Die Inzidenz in Deutschland betrug 1,2 Fälle pro 100.000 Einwohner und entspricht somit annähernd der Inzidenz des Vorjahres von 1,3 Fällen/100.000 Einw.. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten (s. Abb. 6.43.1). Während dieser Rückgang im Jahr 2020 besonders ausgeprägt war, zeigte sich in den Jahren 2021/22 nur eine geringe Verminderung.

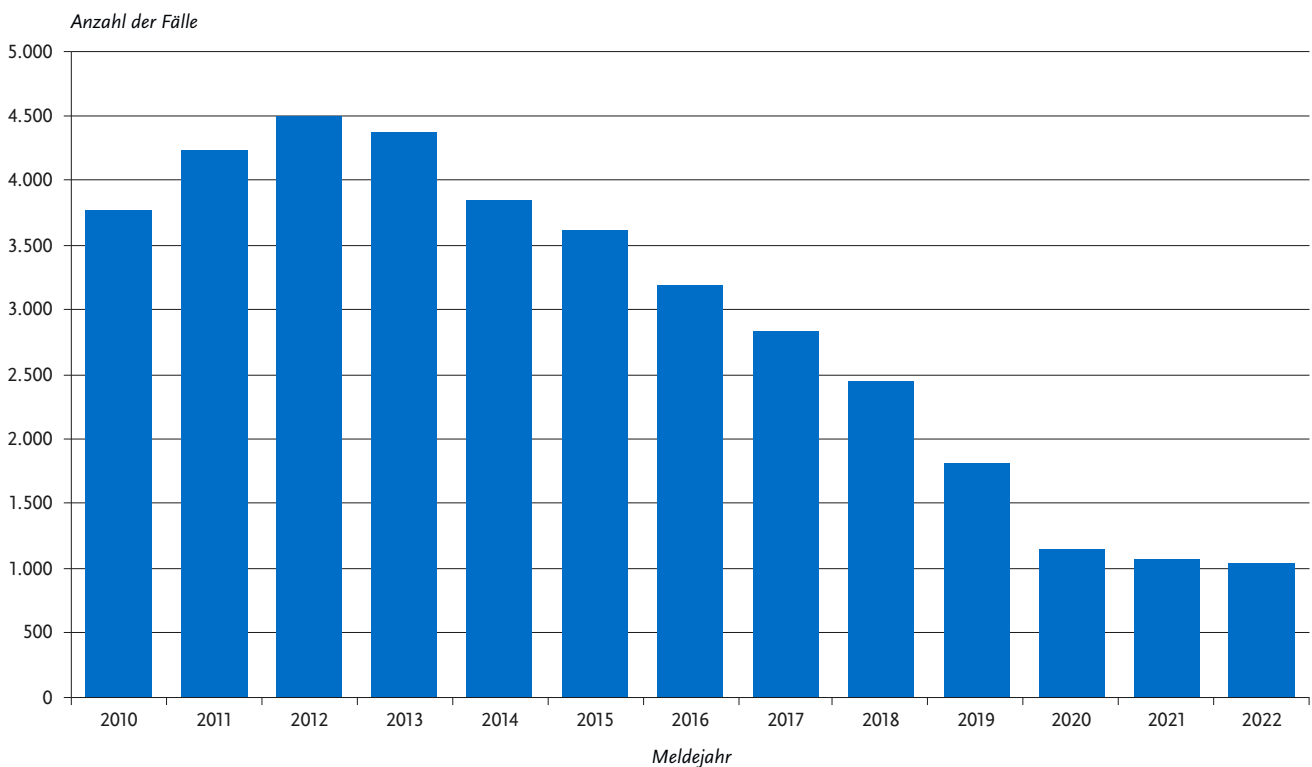
Geografische Verteilung

In den meisten Bundesländern unterschied sich die Anzahl der übermittelten MRSA-Infektionen im Gegensatz zum Vorjahr nicht wesentlich. Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,5 (Rheinland-Pfalz) und 2,6 (Sachsen-Anhalt) Infektionen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.43.2). Die Gründe für die regionalen Unterschiede können durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 5,7 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 3,3. Insgesamt 77 % der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (1,1) auf (s. Abb. 6.43.3). Mit einer Inzidenz von 1,7 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (0,8 Fälle/100.000 Einw.).

Abb. 6.43.1:
Übermittelte MRSA-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2010 bis 2022



Tab. 6.43.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	738	68 %	733	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	174	16 %	169	16 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	167	15 %	135	13 %
alle	1.079	100 %	1.037	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.079	100 %	1.037	100 %

Abb. 6.43.2:
 Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.037) im Vergleich mit den Vorjahren

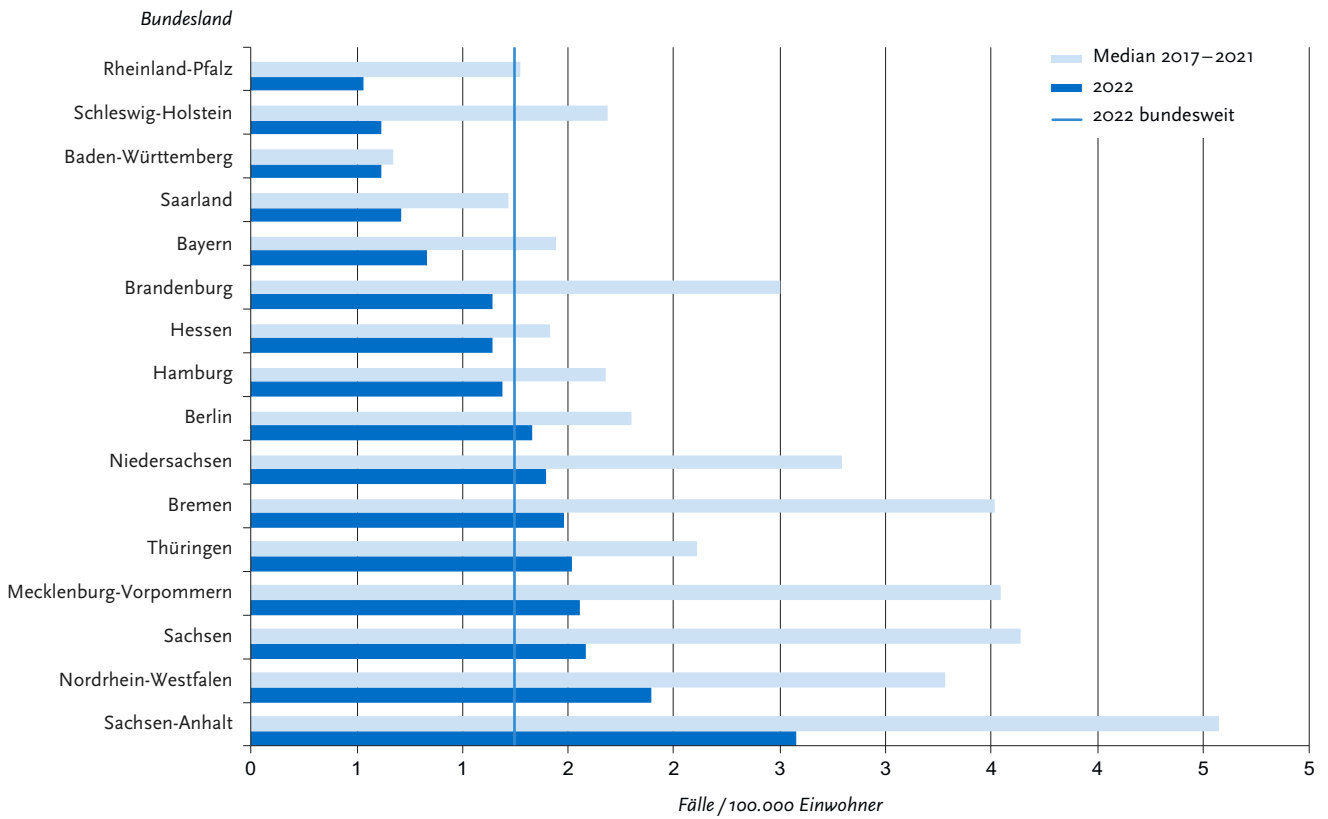
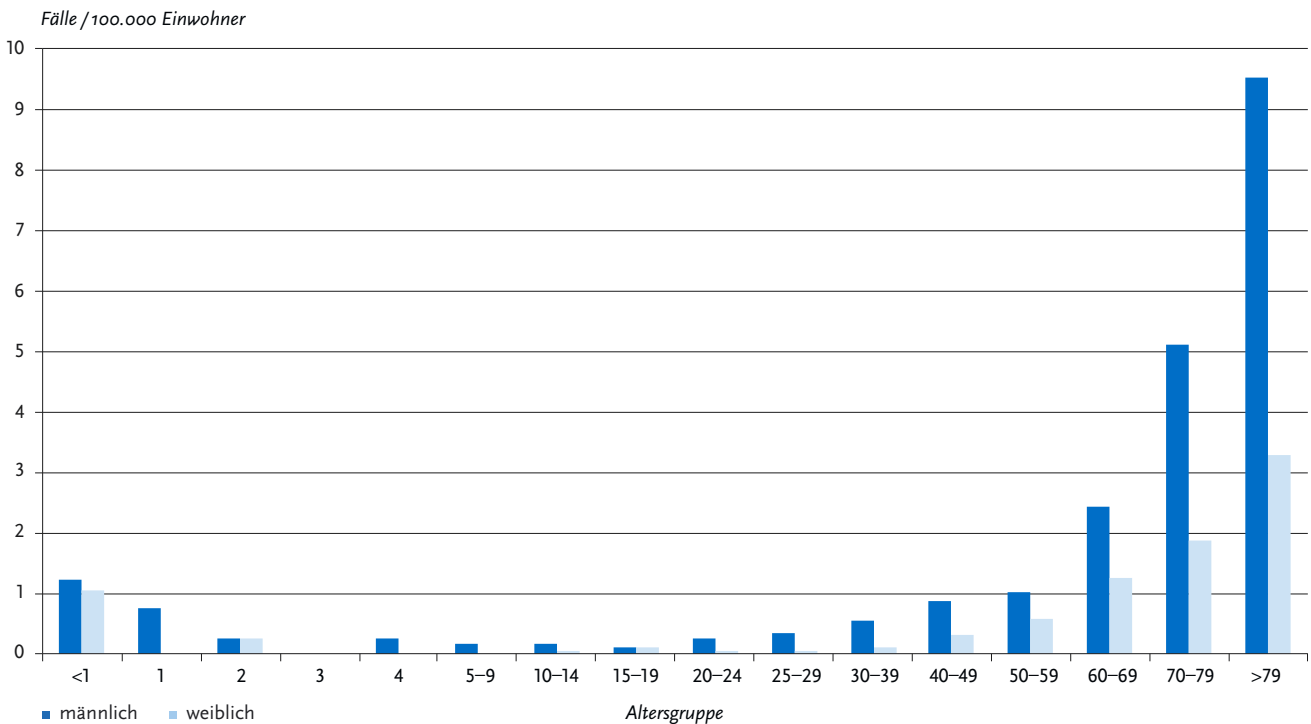


Abb. 6.43.3:
 Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.036)



Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen. Bei 19 (1,8 %) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 9 von diesen 19 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 820 der übermittelten Infektionen lagen Angaben zum klinischen Bild vor. Bei 485 (59 %) der Infektionen mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 535 (65 %) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 25 % der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt. Es wurden 84 Todesfälle (8,2 % von 1.029 Fällen mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Personen häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für die oder den behandelnden Arzt oder Ärztin nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob die Person an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist. Die Nachverfolgungszeit im Hinblick auf den klinischen Verlauf bzw. einer möglichen Todesfolge ist nicht bekannt, geht aber in der Regel nicht über den Krankenhausaufenthalt hinaus.

Datenqualität

Die MRSA-Melddaten erlauben eine bevölkerungsbezogene Abschätzung der schweren, invasiv verlaufenden MRSA-Infektionen. Mit MRSA-Bakteriämien als Indikator für die Gesamtbelastung durch MRSA-Infektionen können Entwicklungen und Trends in Häufigkeit und Verteilung im Krankenhaus aufgezeigt werden. Zu beachten ist aber, dass die Situation von weniger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wird auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Infektionen ist möglich, wenn z. B. keine adäquate Blutkultur-Diagnostik erfolgt oder bedingt durch eine empirisch durchgeführte antibiotische Therapie die kulturelle Isolierung des Erregers nicht gelingt. Hierbei ist zu beachten, dass die Anzahl der durchgeführten Blutkulturen pro Patiententage in Deutschland in den letzten Jahren angestiegen ist. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Fazit

Nach dem starken Rückgang der nachgewiesenen MRSA-Infektionen im Jahr 2020 im Vergleich zu den Vorjahren hat sich ein Plateau etabliert. In den Jahren 2021 und 2022 gab es nur einen geringen Rückgang. Diese Entwicklung muss weiter beobachtet werden, Änderungen bei Einflussfaktoren wie Krankenhausbelegungszahlen und Hygienemanagement im Verlauf der Pandemie erschweren die Interpretation von Trends.

Literaturhinweise

Glasner C, Berends MS, Becker K, et al.: *A prospective multicentre screening study on multidrug-resistant organisms in intensive care units in the Dutch–German cross-border region, 2017 to 2018: the importance of healthcare structures*. Euro Surveill 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.5.2001660>

Brandl M, Hoffmann A, Willrich N, et al.: *Bugs that can resist antibiotics but not men: gender-specific differences in notified infections and colonisations in Germany, 2010 – 2019*. Microorganisms 2021. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9050894>

Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:696 – 732.

Layer F, Strommenger B, Cuny C, Noll I, Eckmanns T, Werner G: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2019/2020*. Epid Bull 2021; 40:3 – 12. <https://doi.org/10.25646/9007>

Reuss A, Klingenberg A, Schmidt N, Eckmanns T, Zacher B: *Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8 – 11. <https://doi.org/10.25646/8026>

RKI: *Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit S. aureus und Enterokokken*. Epid Bull 2016; 22:191 – 193. RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.44 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 260
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 114 bis 835 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- ▶ 52 % der Mumps-Erkrankten sind 15 Jahre und älter
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung. Die Wirksamkeit der Impfung nimmt jedoch mit der Zeit ab (»waning immunity«).
- ▶ Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (35 Erkrankungen)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (35 %), die die Referenzdefinition aufgrund fehlender oder unzureichender Angaben zum klinischen Bild nicht erfüllen

Kurzbeschreibung

Mumps (Parotitis epidemica), umgangssprachlich auch Ziegenpeter genannt, ist eine akute, hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20 bis 30 %) oder doppelseitige (70 bis 80 %) entzündliche Schwellung der Ohrspeicheldrüse (Parotitis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung können eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach einer Mumps-Infektion besteht in der Regel eine lebenslange Immunität. 1976 wurde erstmalig eine Empfehlung zur Mumps-Impfung von der STIKO ausgesprochen. Nach aktuell gültiger STIKO-Impfempfehlung sollen 2 Impfstoffdosen verabreicht werden: Die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 Monaten, die 2. Impfstoffdosis im Alter von 15 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß IfSG für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.44.1).

Zeitlicher Verlauf

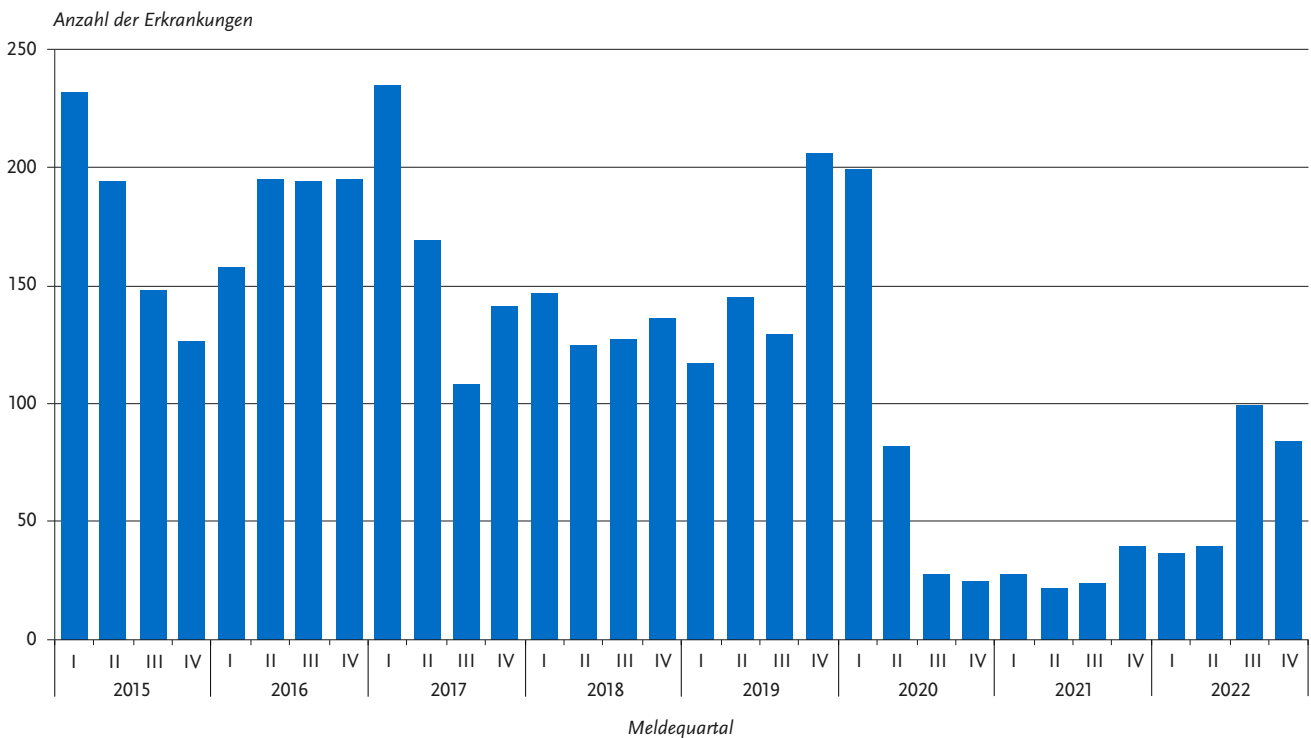
Für das Jahr 2022 wurden 260 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Die Zahl der Mumps-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr (114 Erkrankungen), deutlich zugenommen (+128 %). Trotz des deutlichen Anstiegs handelt es sich um die zweitniedrigste gemessene Fallzahl, die seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 registriert wurde. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 bei 835 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten im gesamten Jahr 2022 auf. Obwohl die Fallzahl der Mumps Erkrankungen in der zweiten Jahreshälfte doppelt so hoch war wie in der ersten, wurde das Niveau der präpandemischen Jahre nicht erreicht. Pro Quartal des Jahres 2022 wurden zwischen 37 und 99 Mumps-Erkrankungen über-

mittelt. Es ist zu vermuten, dass die weiterhin niedrige bundesweite Mumps-Fallzahl im Jahr 2022 maßgeblich durch die während der COVID-19-Pandemie empfohlenen Infektionsschutzmaßnahmen bedingt ist, die die Übertragung und Ausbreitung von Mumps verhindert haben (s. Abb. 6.44.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,31 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und ist damit im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (0,6 Erkr./100.000 Einw.) weiterhin deutlich niedriger. Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden mit abnehmender Höhe in den folgenden Bundesländern verzeichnet: Mecklenburg-Vorpommern (0,68), Thüringen (0,62), dem Saarland (0,51), Baden-Württemberg (0,46), Schleswig-Holstein (0,44), Bremen (0,44), Niedersachsen (0,40) Rheinland-Pfalz (0,34) und Sachsen-Anhalt (0,32) (s. Abb. 6.44.2). Einen besonders deutlichen Rückgang der Inzidenz um $\geq 50\%$

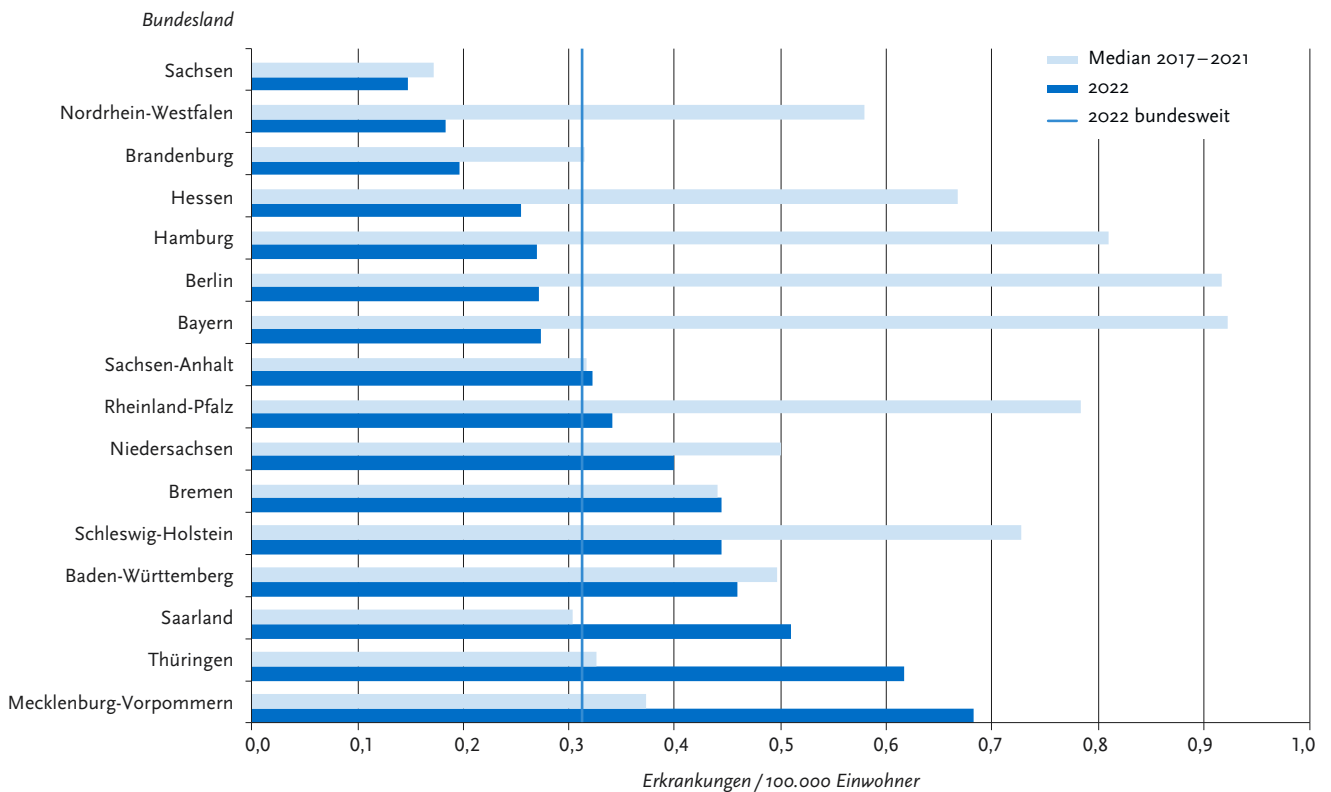
Abb. 6.44.1: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2015 bis 2022



Tab. 6.44.1: Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	46	19 %	83	21 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	15	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	68	27 %	162	40 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	49	20 %	62	15 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	85	34 %	80	20 %
alle	248	100 %	402	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	114	46 %	260	65 %

Abb. 6.44.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=260)



im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man in Bayern, Berlin und Hamburg. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 149 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (mit 141 von 153 [92 %] Nennungen).

Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf, allerdings zeigt sich eine zweigipflige Altersverteilung mit hohen Fallzahlen im Kindes- und Jugendalter und im Alter von 30 bis 59 Jahren. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den < 10-Jährigen (1,2 Erkr./100.000 Einw.) und den 10- bis 14-Jährigen (0,8 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. In allen übrigen Altersgruppen ist die Inzidenz weniger als halb so hoch ($\leq 0,3/100.000$ Einwohner). Etwas mehr als die Hälfte (52 %) der Erkrankten waren 15 Jahre und älter. Ab einem Alter von 70 Jahren traten Mumps-Erkrankungen nur selten auf (s. Abb. 6.44.3). Die Mumps-Inzidenz in Deutschland ist im Jahr 2022 bei Mädchen und Frauen nahezu gleich hoch wie bei Jungen und Männern (0,35 bzw. 0,28). Während im Kindes- und Jugendalter etwas mehr Jungen betroffen sind, sind im Erwachsenenalter überwiegend Frauen betroffen.

Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 237 (91 %) Erkrankungen angegeben. Folgende Symptome, die zum unspezifischen klinischen Bild der Mumps-Erkrankung gehören und nur in Zusammenhang mit dem labordiagnostischen Nachweis die Referenzdefinition erfüllen, wurden mit abnehmender Häufigkeit

angegeben: Fieber 102mal (39 %), Pankreatitis 6mal (2 %), Hörverlust 3 mal (1 %), Meningitis 2 mal (0,7 %) und Orchitis 6 mal (5 % der Jungen und Männer).

Im Jahr 2022 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff; MMR) erfolgen.

Nach der aktuellen STIKO-Empfehlung, sollen 2 Impfstoffdosen verabreicht werden: Die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 Monaten, die 2. Impfstoffdosis im Alter von 15 Monaten. Zwischen den Impfstoffdosen soll ein Mindestabstand von 4 Wochen eingehalten werden. Fehlende Impfstoffdosen sollen bis zum 18. Geburtstag nachgeholt werden. Wird die Mumps-Impfung im Erwachsenenalter nachgeholt, ist eine einmalige Impfung ausreichend. Für die beruflich indizierte MMR-Impfung, ist bei Personal in medizinischen Einrichtungen, Einrichtungen der Pflege, Gemeinschaftseinrichtungen, Einrichtungen zur gemeinschaftlichen Unterbringung von Asylbewerbern, Ausreisepflichtigen, Geflüchteten und Spätaussiedelnden sowie in Fach-, Berufs- und Hochschulen eine zweimalige Impfung empfohlen. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung 78 % (95 %-Konfidenzintervall (KI) 49 – 92) und nach einer 2-maligen Impfung 88 % (95 %-KI 66 – 95).

Von den 260 übermittelten Mumps-Erkrankungen war der Impfstatus bei 181 (70 %) bekannt. Von diesen wurden 109 (60 %) als geimpft und 72 (40 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.44.4). Bei 61 (56 %) der 109 geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung

Abb. 6.44.3: Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=259)

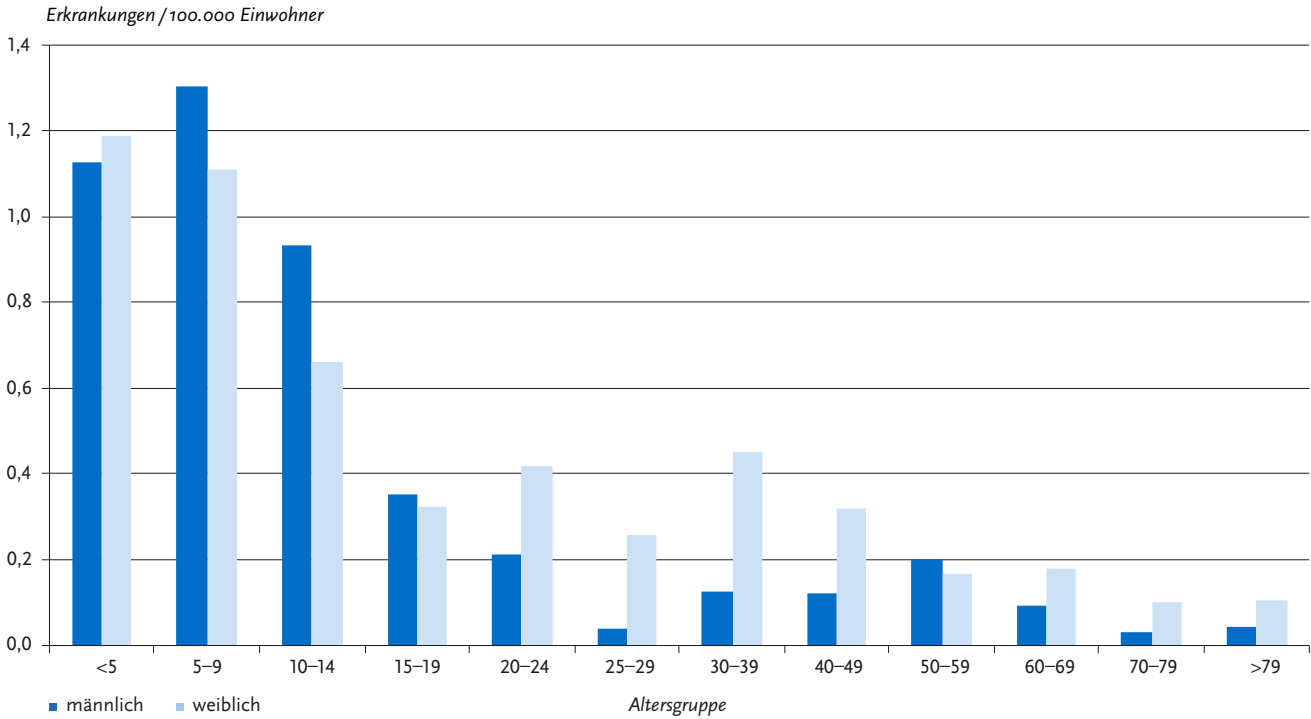
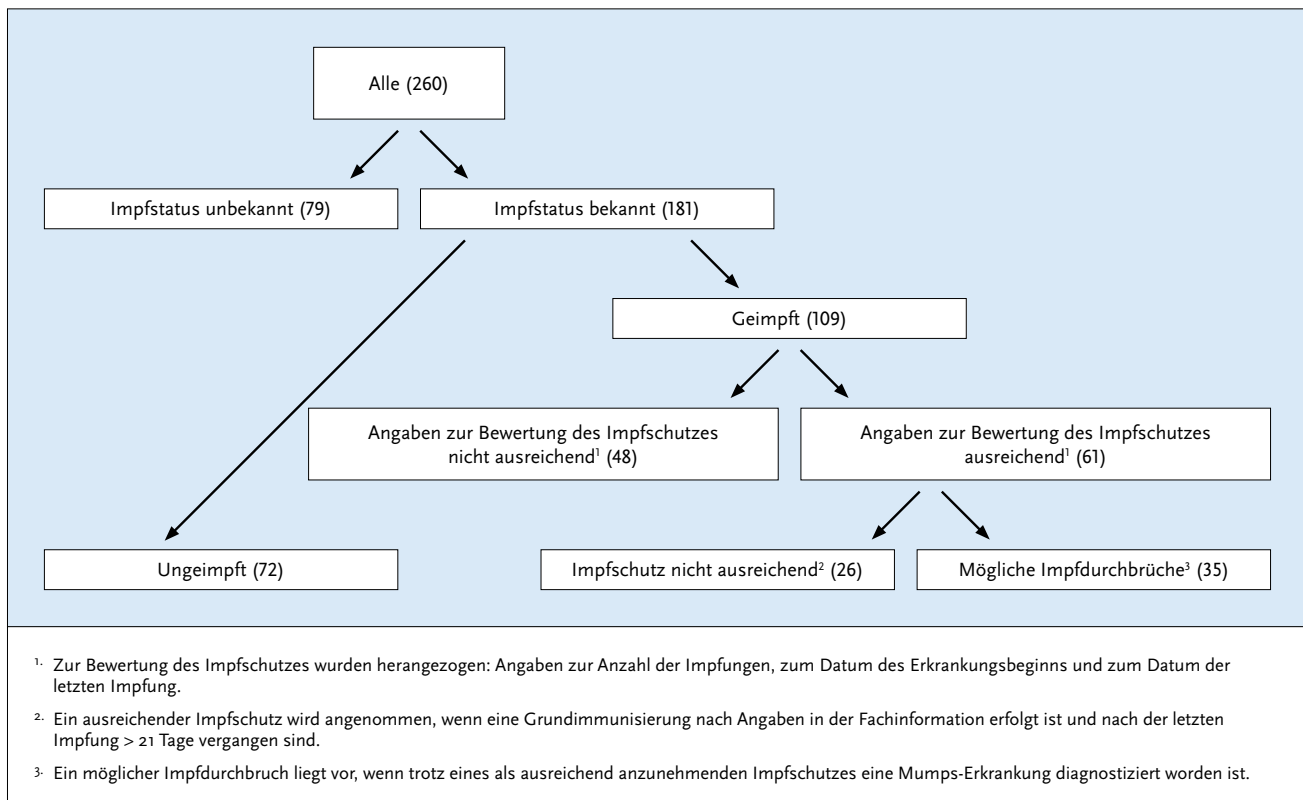


Abb. 6.44.4: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=260)



des Impfstatus vor: Es wurden davon 26 Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet; 24 Erkrankte die zum Zeitpunkt der Erkrankung < 18 Jahre alt waren und nur einmal geimpft waren sowie 2 Erkrankte im Alter \geq 18 Jahre, welche ebenfalls nur einmal geimpft waren und bei denen die Impfung im Kindesalter erfolgt war. Es wurden 35 Mumps-Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung als »ausreichend geimpft« beurteilt. Darunter waren 26 Mumps-Erkrankte, die im Alter < 18 Jahren 2-mal geimpft worden waren und bei denen der Impf- abstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betragen hat, 6 Mumps-Erkrankte, die im Alter \geq 18 Jahre 2-mal geimpft worden waren, bei denen der Impf- abstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betrug und 3 Erkrankte, die im Alter \geq 18 Jahre einmalig geimpft worden waren und einen ausreichenden Impf- abstand zwischen Impfung und Erkrankung aufwiesen. Bei den 35 Mumps-Erkrankten, die gemäß den Angaben zum Impfstatus als ausreichend geimpft eingestuft worden sind, muss von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden. Alle Mumps-Erkrankten die 2-mal geimpft waren und bei denen Angaben zum Alter bei Impfung vorlagen (32 Fälle), waren zum Zeitpunkt der letzten Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mittel lag die letzte Impfung der als ausreichend geimpft eingestuften Erkrankten unabhängig von der Anzahl der erhaltenen Impfungen etwa 8,4 Jahre zurück (Median: 3,6 Jahre).

Ausbrüche

Nachdem im Vorjahr 2021 keine Mumps-Ausbrüche übermit- telt worden waren, wurden 2022 8 Mumps-Ausbrüche mit ins- gesamt 50 Fällen übermittelt. Dies entsprach etwa 19 % der 2022 übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (6) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den beiden Ausbrüchen mit \geq 5 Fällen waren 2 Ausbrüche in Asylbewerberheimen in Baden-Württemberg und Niedersachsen. Der Ausbruch in Niedersachsen mit 8 klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fällen erstreckte sich über den Zeitraum von einem Monat und der Ausbruch in Baden- Württemberg mit 13 klinisch labordiagnostisch und 11 klinisch epidemiologisch bestätigten Fällen erstreckte sich über einen Zeitraum von 3 Monaten.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (35 %) von labordiagnostisch bestätigten Fällen bemerkenswert, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 15 %) oder unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitions-kategorie E; 20 %) die Referenzdefinition nicht erfüllen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass pandemiebedingt die zusätzlich notwendigen Recherchen zur Klärung des Sachverhalts auf- grund der außergewöhnlichen Arbeitslast in den Gesundheits- ämtern nicht immer durchgeführt werden konnten. Zudem ist es möglich, dass auf Grund des unspezifischen Labornachwei- ses (IgM) keine Mumps-Infektion vorliegt. Ferner fällt auf, dass nur wenige Mumps-Erkrankungen Ausbrüchen zugeordnet werden konnten und die überwiegende Anzahl an Mumps-Er- krankungen als Einzelfälle übermittelt wurden. Zur besseren Darstellung der Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte zukünftig versucht werden Infektionsketten umfassender auf- zuklären und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Um fortlaufend einen Überblick über die molekularepidemiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu erhalten, sollten

möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das Nationale Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 260 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer niedrigen Fallzahl < 500 Fällen/Jahr. Bedenklich ist die hohe Anzahl (n=35) an möglichen Impfdurchbrüchen bei den an Mumps Erkrankten. Dieser Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht ausreichenden Schutz nach vollständiger und zeitgerechter Impfung verant- wortlich sind.

Literaturhinweise

- Takla A, Böhmer MM, Klinc C, et al.: *Outbreak-related mumps vaccine effectiveness among a cohort of children and of young adults in Germany* 2011. Hum Vaccin Immunother 2014. <https://doi.org/10.4161/hv.26642>
- Koch J, Takla A: *Effekte der Masern-Mumps-Röteln (MMR)-Impfung auf die Epidemiologie von Mumps in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1305–1312.
- Takla A, Wichmann O, Klinc C, Hautmann W, Rieck T, Koch J: *Mumps epidemiology in Germany 2007–11*. Euro Surveill 2013. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2013.18.33.20557>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 48:3–25. DOI 10.25646/10838
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3–66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020; 2:1–22. <http://dx.doi.org/10.25646/64473>
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

6.45 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 45.455
- ▶ Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbe- stätigter Erkrankungen
- ▶ Inzidenz niedriger als in den Jahren vor der Pandemie, Tendenz wieder steigend
- ▶ Höchste Inzidenz bei einjährigen Kindern mit 617 Erkan- kungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 10 verschiedene Genogruppen (GI-GX) unterschieden, wobei für den Menschen die Gruppen GI, GII, GIV, GVIII und GIX relevant sind. Noroviren sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich. Die charakteristische Symptomatik besteht vor allem aus schwallartigem Erbrechen. Erkrankungen treten überwiegend saisonal mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten auf. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral (z. B. Kontakt mit kontaminierten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen

des Erbrechens entstehen. Infektionen können auch über kontaminierte Lebensmittel erfolgen. Häufig sind Noroviren Ursache von Ausbrüchen in Altenheimen, Krankenhäusern und Gemeinschaftseinrichtungen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.45.1).

Zeitlicher Verlauf

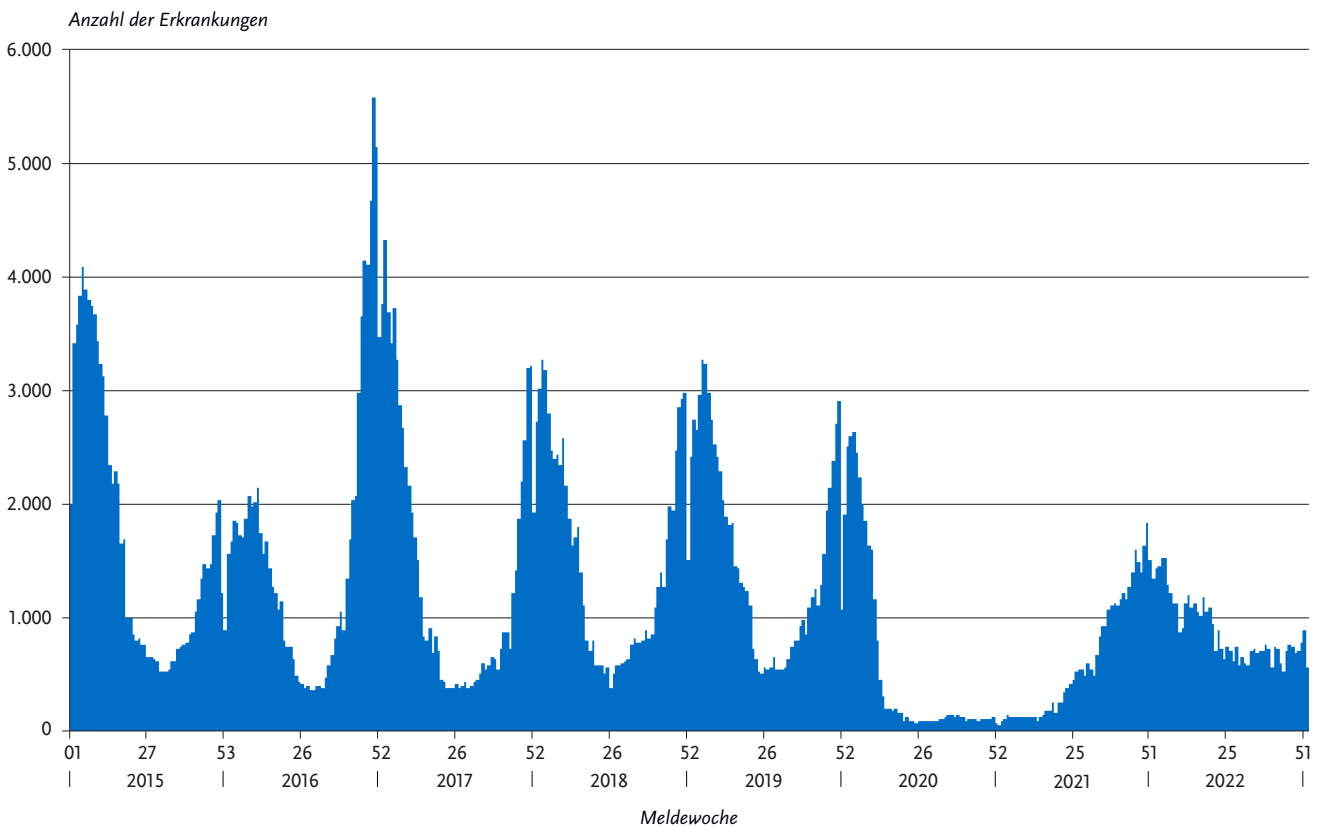
Im Jahr 2022 wurden dem RKI 45.455 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (37,3 % mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 54,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (39,8 Erkr./100.000 Einw.) angestiegen, liegt aber noch immer deutlich unter dem Median der letzten 5 Jahre (88,5 Erkr./100.000 Einw.).

Die höchsten Fallzahlen wurden im I. Quartal des Jahres 2022 verzeichnet. Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde mit 1.523 Erkrankungen in der 4. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 44. Meldewoche mit 530 Erkrankungen. Im Vergleich zu den Jahren vor der Covid-19-Pandemie war die Saisonalität im Jahr 2022 deutlich weniger ausgeprägt (s. Abb. 6.45.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern außer Thüringen wurde ein zum Teil deutlicher Anstieg der Norovirus-Gastroenteritiden im Vergleich zum Jahr 2021 verzeichnet. Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Sachsen-Anhalt (159 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (125), Mecklenburg-Vorpommern (101), Thüringen (97) sowie Brandenburg (84) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Bremen (23), Baden-Württemberg (29), Schleswig-Holstein (33), Hessen (39) und Niedersachsen (41)

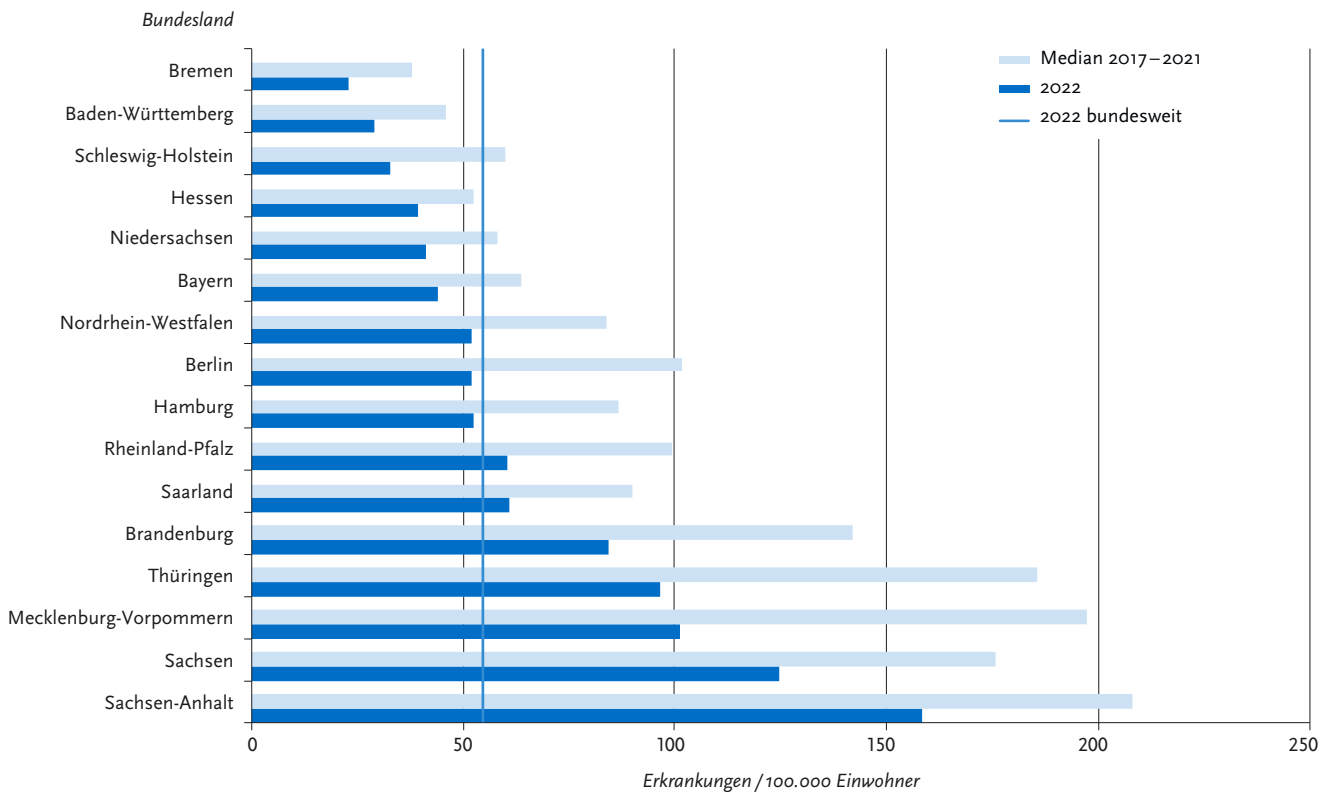
Abb. 6.45.1: Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2022



Tab. 6.45.1: Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	33.099	83 %	45.455	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.118	3 %	1.461	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5.450	14 %	9.141	16 %
alle	39.667	100 %	56.057	100 %
Referenzdefinition (C)	33.099	83 %	45.455	81 %

Abb. 6.45.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=45.455) im Vergleich mit den Vorjahren



ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.45.2). Bei 26.207 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (26.259 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 98 % der Nennungen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den unter 3-Jährigen (444 Erkr./100.000 Einw.) mit einem Häufigkeitsgipfel bei den einjährigen Kindern verzeichnet. Neben den Kindern war auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (154 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.45.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 14 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei Kindern ab 15 Jahren sowie bei Erwachsenen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Eine Ausnahme bildeten hierbei die Altersgruppen der 60- bis 79-Jährigen. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (57), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (51) (s. Abb. 6.45.3).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 17 Norovirus-Fälle übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,04 % (Vorjahr: 0,05 %).

Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf

eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität). Insgesamt wurden 6.872 (15 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 1.669 höher als im Vorjahr (2021: 1.433). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 2. Meldewoche 2022 übermittelt (94), die niedrigste in der 40. Meldewoche (10) (s. Abb. 6.45.4). Für 1.570 Ausbrüche (94 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (34 %), Alten- und Pflegeheime (26 %), Kindergärten, Horte (20 %) sowie private Haushalte (7 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche (n=115) des Jahres 2022 wurden nicht rekombinante Viren der Genogruppe GI in 7 % der Ausbrüche (n=8) als auslösendes Agens identifiziert. Nicht rekombinante Viren der Genogruppe GII wurden in 14 %, rekombinante Viren hingegen in 79 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig steigt, im Vergleich zum Vorjahr (94 %) im Jahr 2022 leicht gefallen.

Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante (GII.P16-GII.4 Sydney) war für 35 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigsten nachgewiesene Norovirus-Variante. Insgesamt wurden 19 verschiedene Norovirus-Varianten im Jahr 2022 detektiert.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epide-

Abb. 6.45.3:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=45.075)

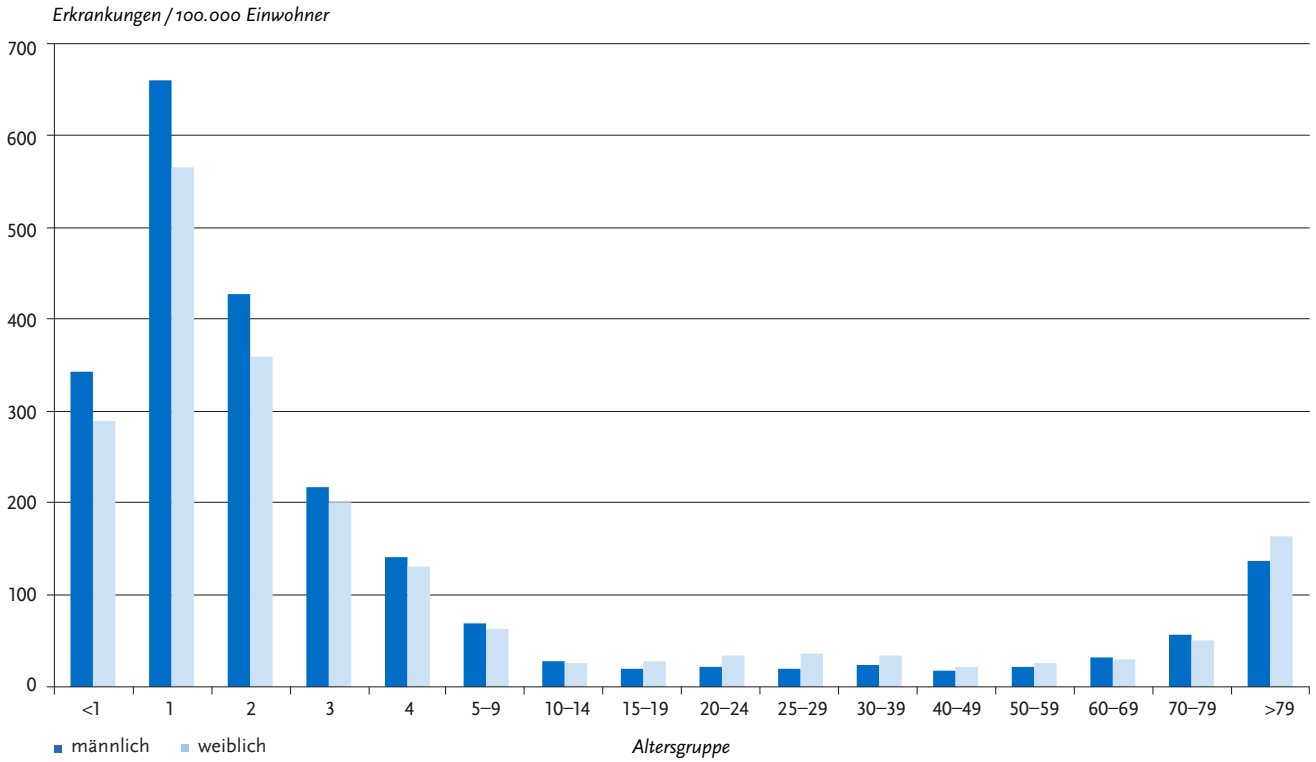
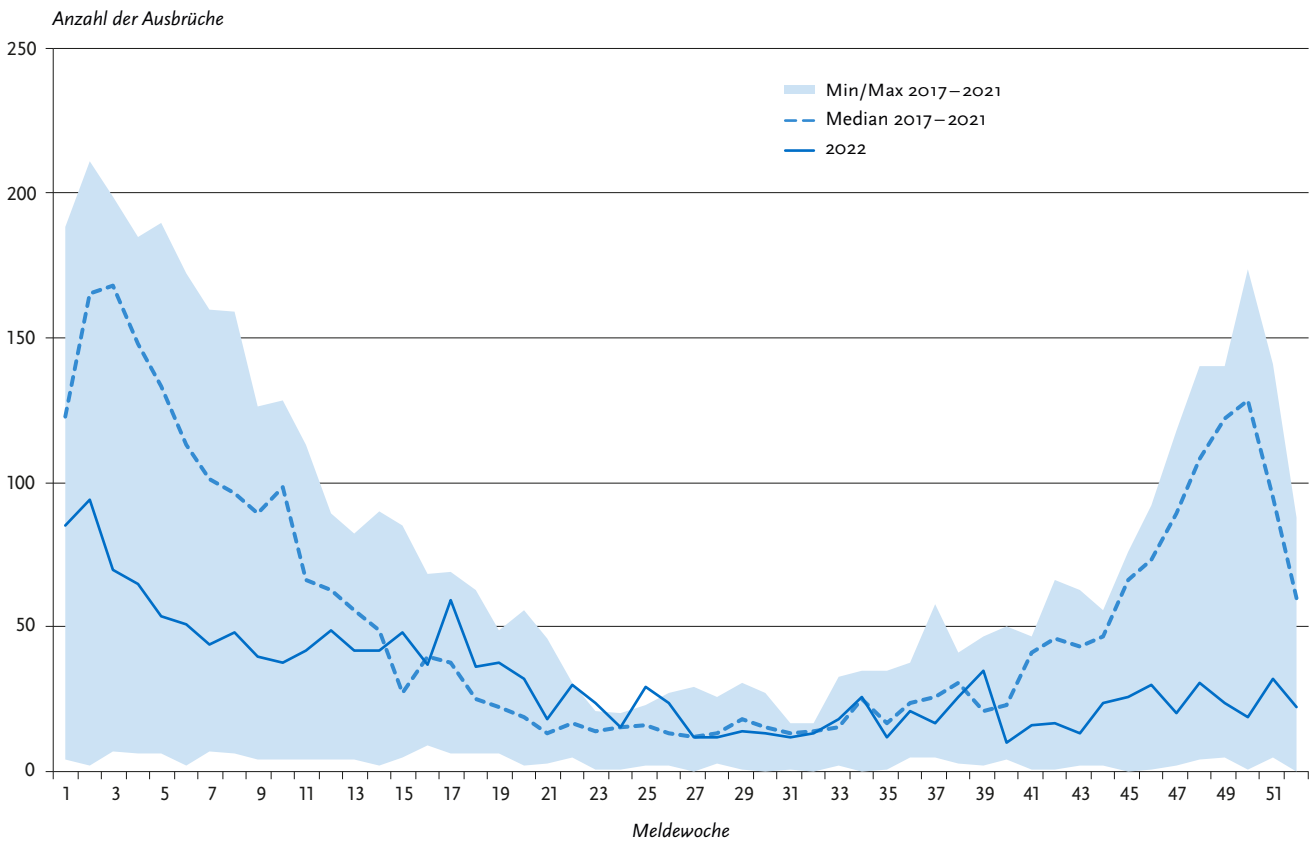


Abb. 6.45.4:
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2022 (n=1.669) im Vergleich mit den Vorjahren



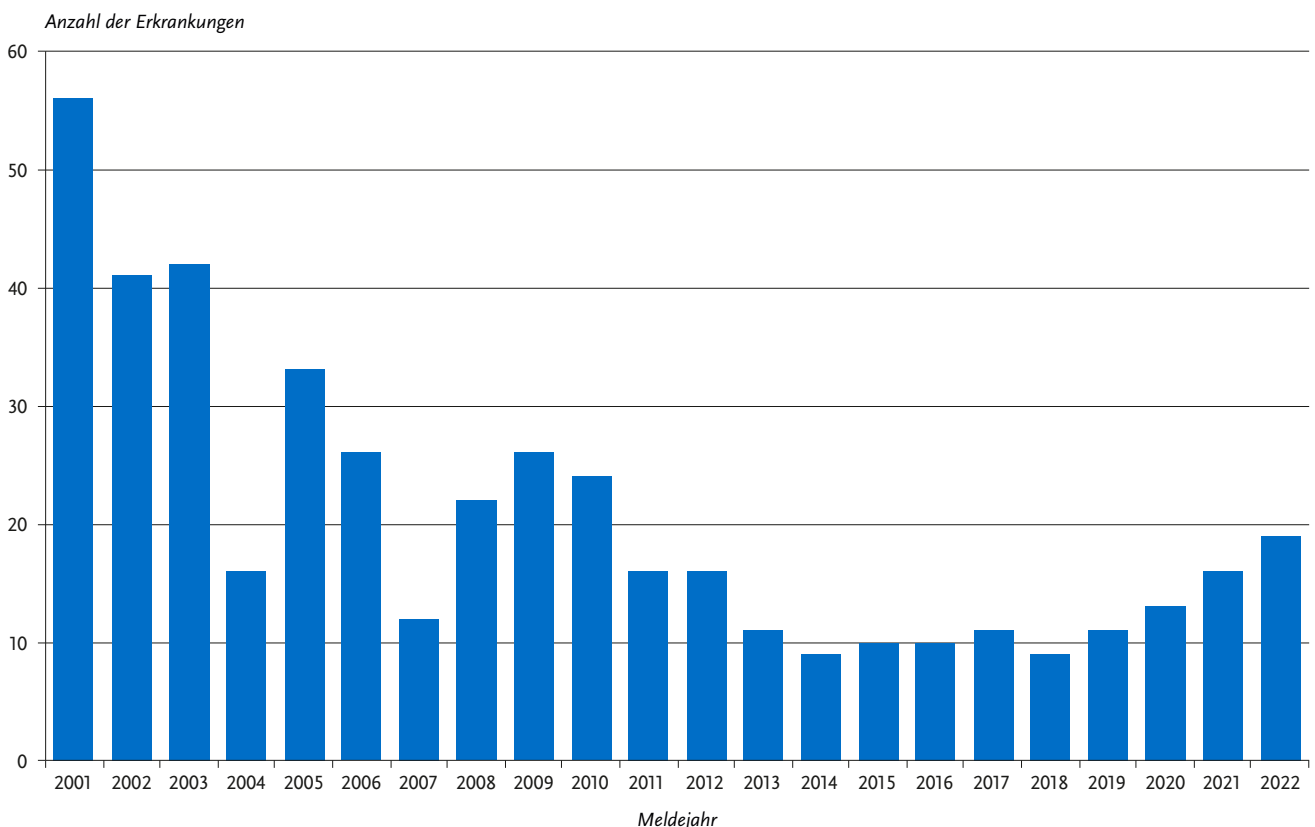
miologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlichen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus. Erfahrungsgemäß variiert der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres und zwischen den Bundesländern und ist bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchsetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labordiagnostisch bestätigt.

Fazit

Die Inzidenz übermittelter Norovirus-Gastroenteritiden befand sich 2022 im Vergleich zu den Jahren vor der Pandemie noch immer auf einem niedrigen Niveau. Dennoch wird, wie auch im Jahr 2021, ein leichter Anstieg im Vergleich zum Vorjahr verzeichnet.

Abb. 6.46.1: Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Literaturhinweise

- Chhabra P, de Graaf M, Parra GI, et al.: *Updated classification of norovirus genogroups and genotypes*. J Gen Virol 2019. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001318>
- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M, et al.: *Steep rise in norovirus cases and emergence of a new recombinant strain GII.P16–GII.2, Germany, winter 2016*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30447>
- Bernard H, Faber M, Wilking H, et al.: *Large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis associated with frozen strawberries, Germany, 2012*. Euro Surveill 2014. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20719>
- Niendorf S, Faber M, Tröger A, Noack C, Jacobsen S: *Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019*. Epid Bull 2020; 24:3–9. <https://doi.org/10.25646/6885>
- RKI: *Norovirus-Ausbruch im Landkreis Amberg-Weilburg, Bayern, September 2016*. Epid Bull 2016; 47:531–534. RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.46 Ornithose

Kurzbeschreibung

Die Ornithose (auch als Papageienkrankheit oder Psittakose bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Chlamydia psittaci* (früher auch als *Chlamydophila psittaci* bezeichnet) verursacht. Der in Vogelexkrementen und -sekreten lange überlebende Erreger wird durch Einatmen von kontaminierten Staubpartikeln aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch wurde beschrieben, kommt jedoch nur sehr selten vor. Das

Krankheitsbild ist variabel und reicht von klinisch unauffälligen Erkrankungen bis zu einer schweren Systemerkrankung. Vorherrschend ist eine fieberhafte Lungenentzündung. Daneben können Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen, eine Leber- und Milzvergrößerung sowie Entzündungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 19 Ornithosen nach Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den Vorjahren mit leicht ansteigendem Trend (s. Abb. 6.46.1). Aus Niedersachsen und Sachsen wurden jeweils 4 Erkrankungen übermittelt, aus Brandenburg 3 Erkrankungen, aus Hessen, Nordrhein-Westfalen und Thüringen jeweils 2 Erkrankungen und aus Baden-Württemberg und Mecklenburg-Vorpommern wurde jeweils eine Erkrankung übermittelt. Für 10 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben.

Die Mehrheit der erkrankten Personen (74 %) war älter als 60 Jahre. Unter den Erkrankten waren 6 Frauen und 13 Männer. Bei 13 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert, bei einem Erkrankten wurde eine Myokarditis (Herzmuskelerkrankung) übermittelt. Zwei Personen sind an der Krankheit verstorben.

Es wurde kein Ornithose-Ausbruch übermittelt.

Literaturhinweise

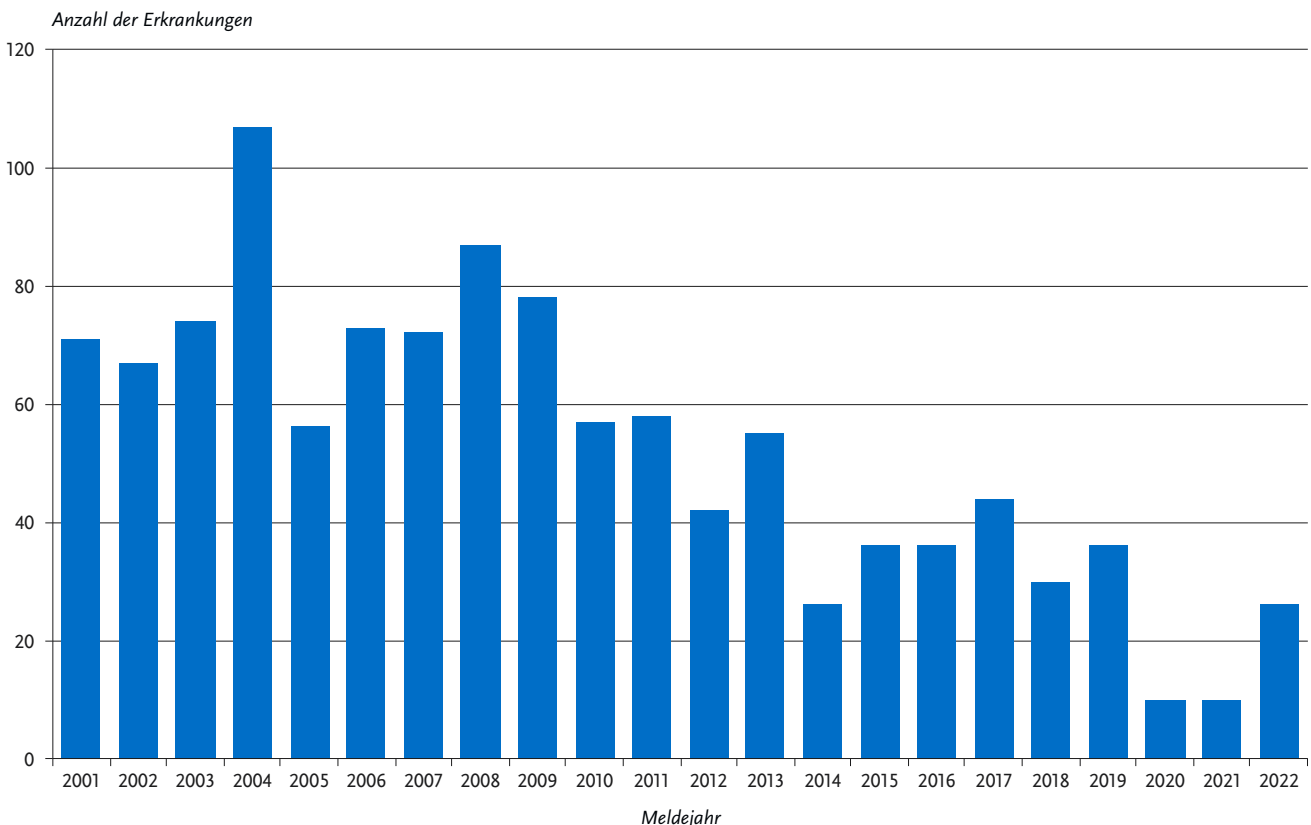
- Nieuwenhuizen AA, Dijkstra F, Notermans DW, van der Hoek W: *Laboratory methods for case finding in human psittacosis outbreaks: a systematic review*. BMC Infect Dis 2018. <https://doi.org/10.1186/s12879-018-3317-0>
- Hogerwerf L, Roof I, de Jong MJK, Dijkstra F, van der Hoek W: *Animal sources for zoonotic transmission of psittacosis: a systematic review*. BMC Infect Dis 2020. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-4918-y>
- Lugert R, Groß U, Masanta WO, Linsel G, Heutelbeck A, Zautner AE: *Seroprevalence of Chlamydochlamydia psittaci among employees of two German duck farms*. Eur J Microbiol Immunol 2017. <https://doi.org/10.1556/1886.2017.00024>
- RKI-Ratgeber (2010). www.rki.de/ratgeber

6.47 Paratyphus

Kurzbeschreibung

Paratyphus wird durch die Serotypen Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Der Serotyp Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serotypen Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern vorkommen. Erkrankungen durch Infektion mit dem enteritischen Pathovar von *S. Paratyphi B*, vormals *S. Java*, die bis 2005 noch als Paratyphus-Infektionen zu werten waren, werden gemäß Falldefinition in der Kategorie der Salmonellosen übermittelt.

Abb. 6.47.1: Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Hauptansteckungsquelle ist der Mensch, der den Erreger mit dem Stuhl ausscheidet. Die Aufnahme erfolgt oral durch verunreinigte Nahrungsmittel, verunreinigtes Trinkwasser oder direkten Kontakt. Das Krankheitsbild ähnelt dem des Typhus abdominalis.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 26 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt, 16 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.47.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen erstmals seit Beginn der COVID-19-Pandemie wieder angestiegen. In den Jahren 2020 und 2021 wurden vermutlich vor allem durch die verminderte (Fern-) Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie deutlich weniger Erkrankungen übermittelt.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2022 aus den 8 Bundesländern Hessen (8), Nordrhein-Westfalen (7) Berlin (4), Bayern (3) und Brandenburg, Rheinland-Pfalz, Niedersachsen und Baden-Württemberg (je ein Fall) übermittelt. Für 25 Erkrankungen wurden 28 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland übermittelt (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden Indien (8 Nennungen), Deutschland und Pakistan (je 4 Nennungen) genannt.

Es erkrankten 9 weibliche und 17 männliche Personen im Alter zwischen 1 und 66 Jahren (Median 27,5 Jahre). Informationen zum Serotyp lagen für 23 Erkrankungen vor, davon wurden 13 (57 %) durch *S. Paratyphi A* und 10 (43 %) durch *S. Paratyphi B* ausgelöst. Die meisten Erkrankungen aufgrund von *S. Paratyphi A* (11 von 12 [92 %] mit Angaben zum Infektionsland) wurden aus Asien importiert. Es wurden keine Ausbrüche oder Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung übermittelt.

Literaturhinweise

- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. *Epid Bull* 2023; 14:1 – 194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. *Epid Bull* 2021; 48. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI-Ratgeber (2019) www.rki.de/ratgeber

6.48 Pest

Kurzbeschreibung

Die Pest wird durch die Bakterienart *Yersinia pestis* hervorgerufen. In Gegenden, in denen die Pest vorkommt, wird der Erreger typischerweise durch Flöhe von befallenen Nagetieren auf den Menschen übertragen. Unterschieden wird zwischen Beulenpest (Befall von Lymphknoten), bei der i. d. R. keine Übertragung von Mensch zu Mensch stattfindet, und Lungenpest mit einer potenziell schnellen Ausbreitung von Mensch zu Mensch. Im Herbst 2017 kam es auf Madagaskar, eingebettet in die jährlich wiederkehrende Beulenpestsaison im Hochland, zu einem großen Ausbruch von Lungenpest, der auch die Großstädte und Teile der Küstenebene betraf. Es wurden jedoch keine mit diesem Ausbruch assoziierten Fälle in anderen Ländern registriert.

Situation in Deutschland

In den letzten Jahrzehnten sind keine Pest-Fälle in Deutschland aufgetreten.

Literaturhinweise

- Mead PS: *Plague in Madagascar – a tragic opportunity for improving Public Health*. *N Engl J Med* 2018. <https://doi.org/10.1056/NEJMp1713881>
- Bonds MH, Ouenzar MA, Garchitorena A, et al.: *Madagascar can build stronger health systems to fight plague and prevent the next epidemic*. *PLoS Negl Trop Dis* 2018. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006131>
- Bogoch II, Maxim T, Acosta H, et al.: *Potential plague exportation from Madagascar via international air travel*. *Lancet Infect Dis* 2018; 18:247 – 248.
- Tsuzuki S, Lee H, Miura F, et al.: *Dynamics of the pneumonic plague epidemic in Madagascar, August to October 2017*. *Euro Surveill* 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.46.17-00710>
- Riehm JM, Löscher T: *Pest und Lungenpest*. *Bundesgesundheitsbl* 2015; 58:721 – 729.
- RKI-Ratgeber (2017) www.rki.de/ratgeber

6.49 Poliomyelitis

Kurzbeschreibung

Die Poliomyelitis, auch spinale Kinderlähmung genannt, betrifft nicht nur Kinder, sondern auch Erwachsene. Sie wird durch Polioviren hervorgerufen, die von infizierten Menschen in großer Zahl mit dem Stuhl ausgeschieden werden. Die Übertragung erfolgt vorwiegend fäkal-oral. Es gibt eine wirkungsvolle Schutzimpfung mit einem Totimpfstoff: In Deutschland wurde 1998 OPV (orale Polio-Lebendvakzine) durch IPV (inaktivierte Polio-Vakzine) ersetzt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde in Deutschland kein Fall einer Poliomyelitis übermittelt. Die letzte in Deutschland erworbene Poliomyelitis durch ein Wildvirus wurde 1990 erfasst. Importierte Fälle (aus Ägypten und Indien) wurden zuletzt 1992 registriert. Eine Impfquote von > 95 % kann eine Ausbreitung des Virus und somit größere Ausbrüche verhindern. Beim Unterschreiten dieser Quote besteht auch in als poliofrei zertifizierten Ländern das Risiko eines erneuten Auftretens von Erkrankungsfällen. Das jüngste Beispiel einer akuten schlaffen Lähmung bei einem jungen Mann aus dem Bundesstaat New York vom Juli 2022 verdeutlicht dies. Es bestand keine Reiseanamnese und es konnte der ursächliche Nachweis von impfstoffabgeleiteten Polioviren erbracht werden.

Literaturhinweise

- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. *Epid Bull* 2023; 14:1 – 194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- Kling K, Keeren K, Beyrer K, et al.: *Wo steht die weltweite Polioeradikation und welche Rolle spielt die Impfung?* *Epid Bull* 2022; 41:3 – 8. <https://doi.org/10.25646/10688>

6.50 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 65
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr 34 % geringer
- ▶ Häufigstes Infektionsland ist Deutschland

Kurzbeschreibung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf der Wild- und Nutztiere. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt jedoch in der Regel auf dem Luftweg über die erregerbelastrten getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte)

infizierter Haus- und Nutztiere sowie bei der durch infektiösen Zeckenkot belasteten Schafschur. In etwa der Hälfte der Fälle kommt es zu einer grippeähnlichen Erkrankung, die durch die Entzündung von Lunge, Leber, Herzmuskel oder Gehirn kompliziert werden kann. Chronische Krankheitsverläufe (hauptsächlich Herzklappenentzündungen) sind sehr selten, aber wegen ihrer Krankheitschwere gefürchtet.

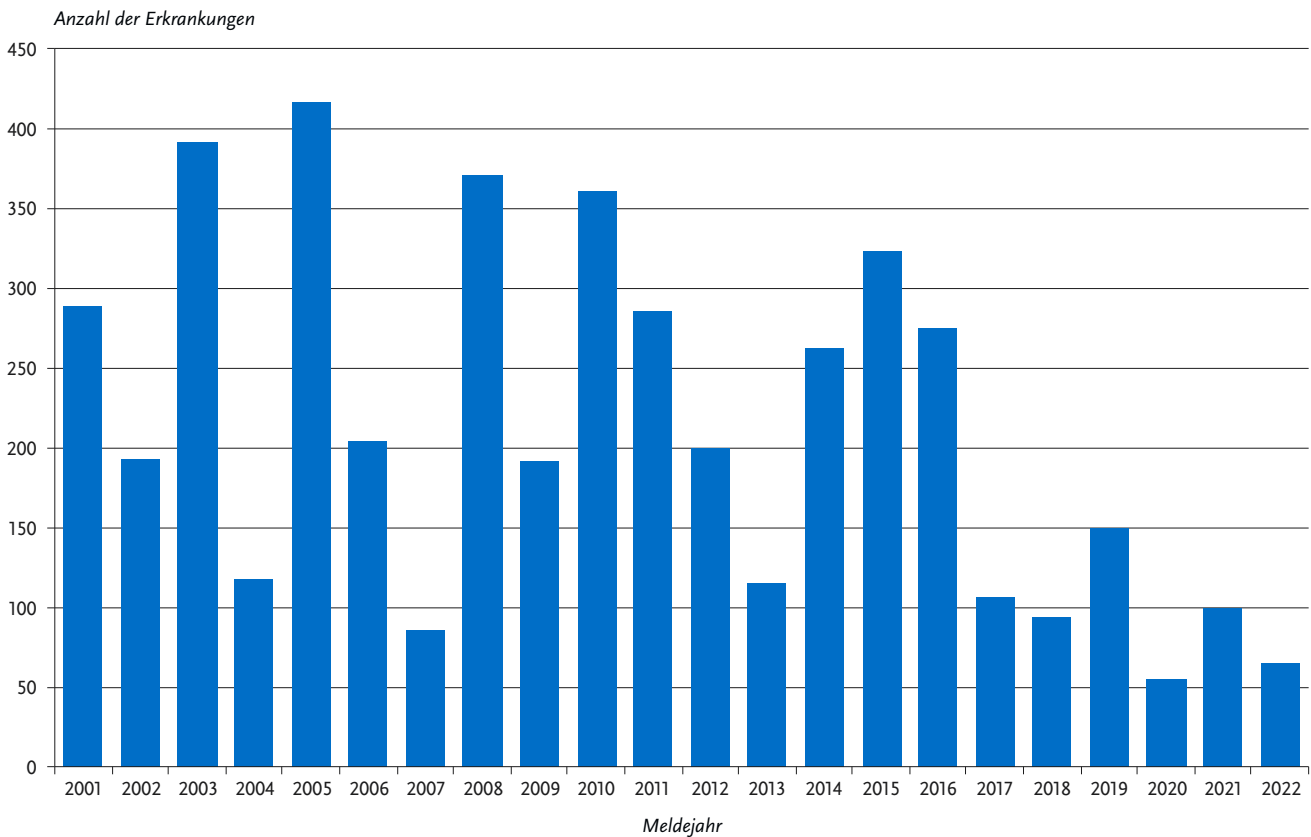
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 65 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (99) ist die

Abb. 6.50.1: Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.50.1: Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	99	68 %	65	59 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	21	14 %	20	18 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	18 %	26	23 %
alle	146	100 %	111	100 %
Referenzdefinition (B+C)	99	68 %	65	59 %

Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 34 % geringer (s. Abb. 6.50.1) und liegt weiterhin unter dem Median der Vorjahre (2001 – 2021: 200 Erkrankungen).

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Brandenburg, Hamburg, dem Saarland und Sachsen-Anhalt sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Die höchsten Inzidenzen wurden dabei in Hessen und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils 0,2 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet.

Für 37 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (57 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) genannt. Bei 31 Erkrankungen (84 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden in allen Altersgruppen zwischen 15 und 79 Jahren übermittelt. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 60- bis 69-jährigen Männern (0,3 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Wie in den Vorjahren waren Männer (39 Erkrankungen) stärker betroffen als Frauen (26 Erkrankungen) (s. Abb. 6.50.2).

Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 130 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 82 % aller Erkrankungen) und Fieber (bei 68 % aller Erkrankungen). Bei 13 Erkrankungen (20 %) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurden 6 Erkrankungen in 2 Ausbrüchen mit jeweils 3 Fällen aus Baden-Württemberg und Hessen übermittelt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass sowohl bei sporadischen Q-Fieber-Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland erhebliche Schwankungen auftreten (seit 2001 zwischen 55 und 416 Erkrankungen pro Jahr; Median 200 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

Literaturhinweise

Ankert J, Frosinski J, Weis S, Boden K, Pletz MW: *Incidence of chronic Q fever and chronic fatigue syndrome: A 6 year follow-up of a large Q fever outbreak*. *Transbound Emerg Dis* 2022.

<https://doi.org/10.1111/tbed.14224>

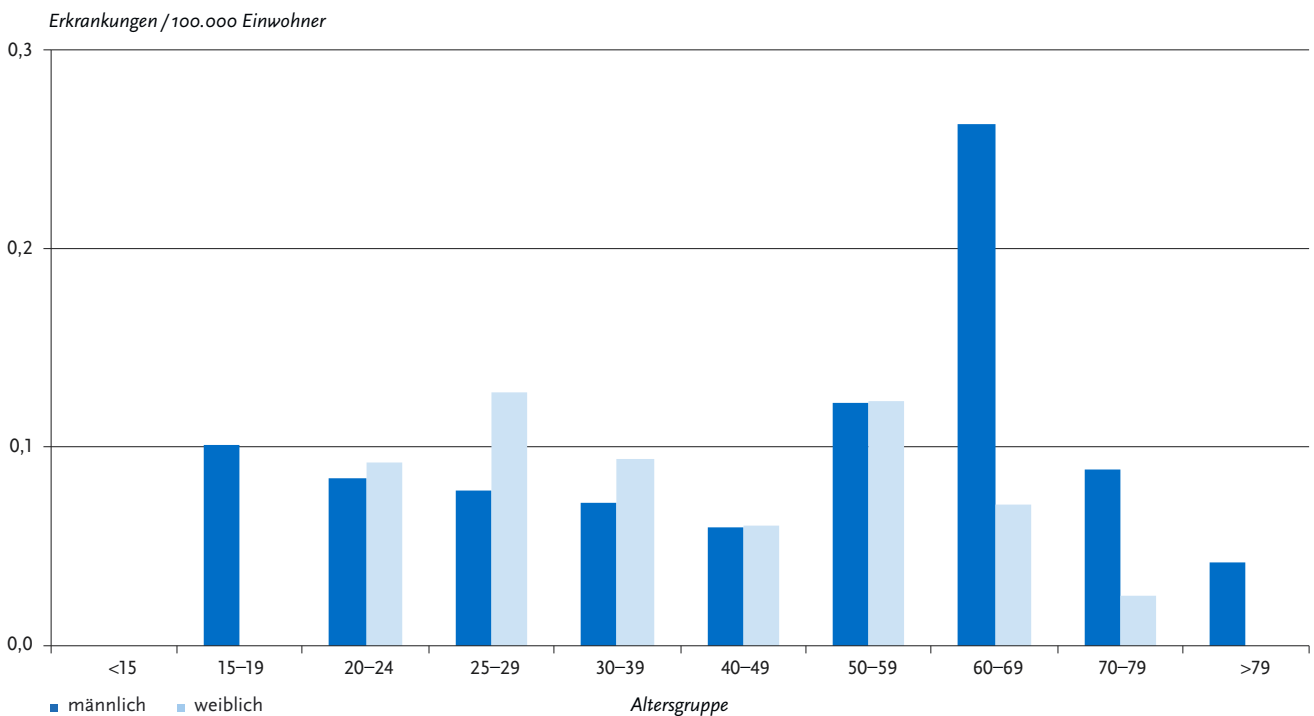
George M, Reich A, Cussler K, Jehl H, Burckhardt F: *Live cell therapy as potential risk factor for Q fever*. *Emerg Infect Dis* 2017.

<https://dx.doi.org/10.3201/eid2307.161693>

RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.50.2:

Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=65)



6.51 Rotavirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 23.148
- ▶ Nach dem deutlichen Rückgang während der COVID-19-Pandemie sind die Erkrankungszahlen mit dem präpandemischen Niveau vergleichbar
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- ▶ 695 Ausbrüche mit 4.196 Erkrankungen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Daneben erkranken Personen im Seniorenalter häufiger an einer Rotavirus-Gastroenteritis als andere Erwachsene. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektionen, selten aber auch durch verunreinigtes Wasser und verunreinigte Lebensmittel übertragen. Hauptansteckungsquelle ist der Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für die Impfung von Säuglingen sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit August 2013 die Impfung von Säuglingen gegen Rotavirus-Gastroenteritis.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.51.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2022 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis (45.455) und der *Campylobacter*-Enteritis (43.601) (s. Abb. 6.51.1). Man kann davon ausgehen, dass die Infektionsschutzmaßnahmen, die zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie im Frühjahr 2020 eingeführt worden waren, maßgeblich dazu beigetragen haben, dass die Rotavirus-Gastroenteritiden im Jahr 2020 und 2021 markant zurückgegangen waren (z. B. durch Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln sowie Kita- und Schulschließungen). Lässt man den pandemiebedingten Rückgang der Rotavirus-Gastroenteritis-Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 unberücksichtigt, lässt sich feststellen, dass sich der seit 2008 beobachtete rückläufige Trend der Fallzahlen

fortsetzt. Im Jahr 2022 wurden mit 23.148 Fällen nur etwa 500 Fälle mehr als im Jahr 2016 (22.647), dem präpandemischen Minimum, übermittelt.

Eine nahezu kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden zeigte sich ab Beginn des Jahres 2022. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2022 im Mai. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.333 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief mit weniger als 200 Fällen proWoche begann Ende September 2022 in der 38. Meldewoche. Einen Anstieg der Erkrankungszahlen als Beginn der nächsten Rotavirus-Saison zeigt sich bis zum Ende 2022 nicht. Somit scheint sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison in das folgende Kalenderjahr zu verschieben.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 28 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit auf dem Niveau des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (28 Erkr./100.000 Einw.). Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenzen wurden in abnehmender Höhe in den östlichen Bundesländern Sachsen, Brandenburg, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt sowie in den Stadtstaaten Hamburg und Berlin registriert. Die Inzidenzwerte lagen hier zwischen 33 und 82 Erkr./100.000 Einw., während in den übrigen Bundesländern Werte zwischen 13 und 23 Erkr./100.000 Einw. beobachtet wurden. Ein besonders deutlicher Rückgang im Vergleich zum Median der Vorjahre um mehr als 25 Erkr./100.000 Einw. wurde in Thüringen, Sachsen und Sachsen-Anhalt beobachtet. Einen besonders ausgeprägten Anstieg mit mehr als 20 Erkr./100.000 Einw. zeigte sich in Brandenburg. (s. Abb. 6.51.2).

Bei 13.342 (58 %) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 97 % der Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 43 % der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde bei ein- und 2-jährigen Kindern (298 – 300 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.51.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Im Jahr 2022 lag die Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-jährigen Personen bei 38 Erkr./100.000 Einw., insgesamt wurden 2.300 (10 %) Erkrankungen in dieser Altersgruppe übermittelt.

Tab. 6.51.1: Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	376	5 %	2.680	10 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	5.251	74 %	20.468	73 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	274	4 %	623	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.151	16 %	4.137	15 %
alle	7.052	100 %	27.908	100 %
Referenzdefinition (B+C)	5.627	80 %	23.148	83 %

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022

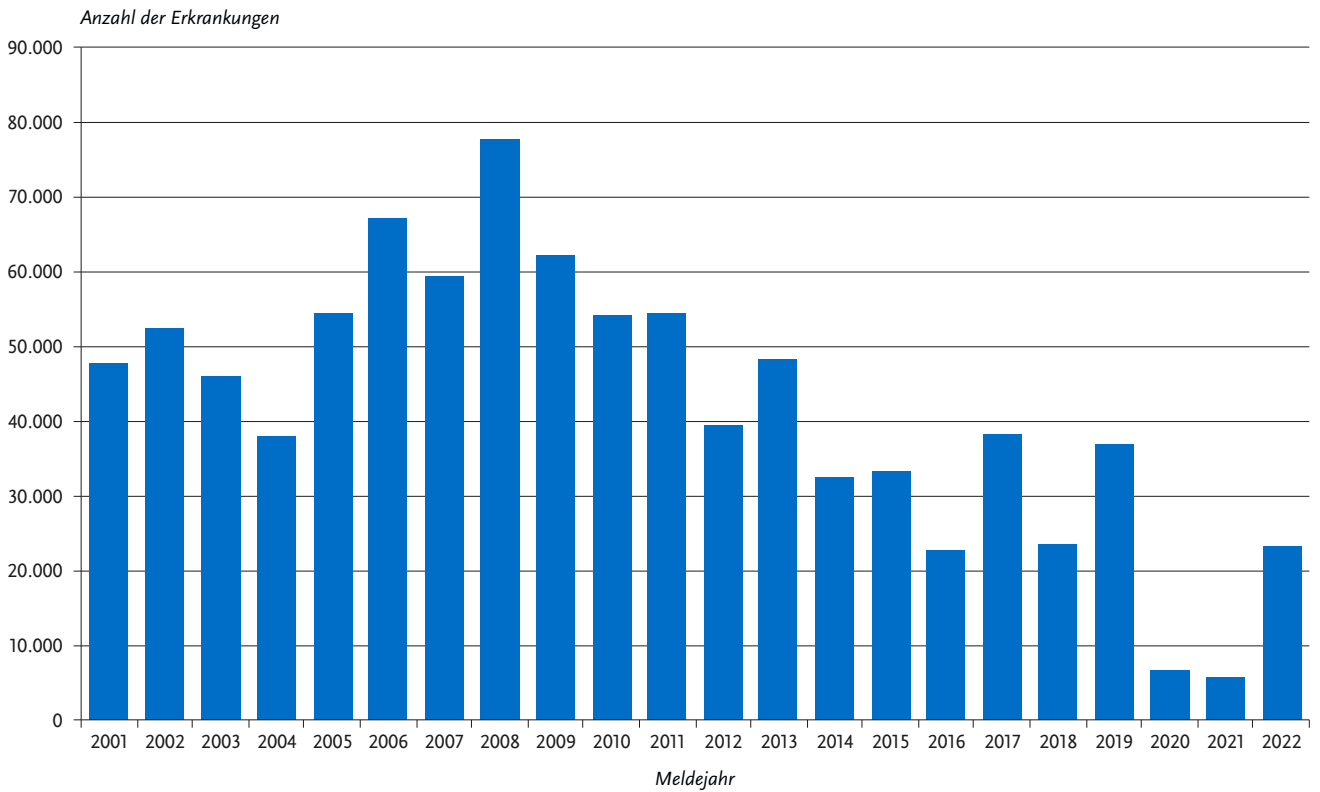
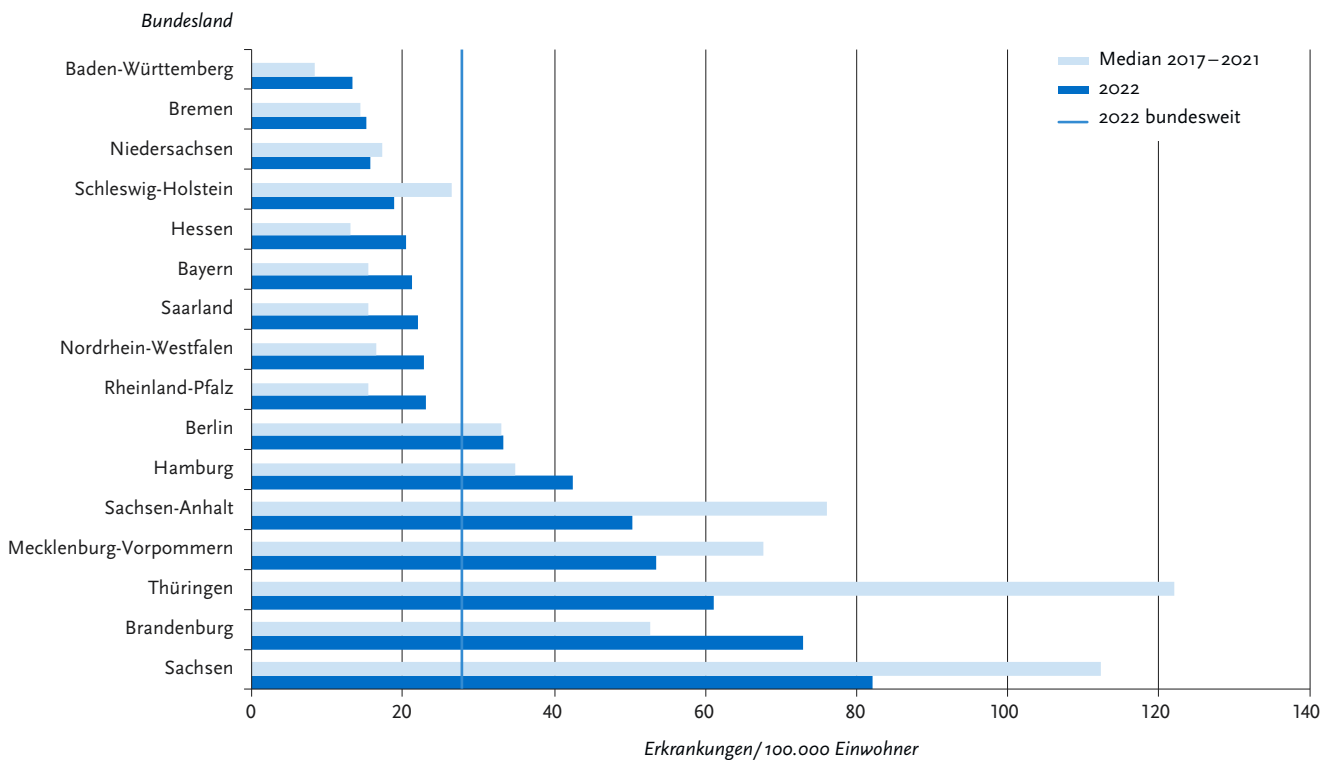


Abb. 6.51.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=23.148) im Vergleich mit den Vorjahren



Im Vergleich zum Vorjahr ist die Inzidenz in allen Altersgruppen deutlich angestiegen. Eine ausgeprägte Zunahme um das 7,5- bis 10-fache zeigte sich bei den 1- bis 9-jährigen Kindern. Es fällt auf, dass im Säuglingsalter Jungen häufiger betroffen sind als Mädchen.

Klinische Aspekte

Bei 19.087 Erkrankungen (82 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 11.151 Erkrankungen (58 %) wurde eine stationäre Behandlung angegeben. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war am höchsten in den Altersgruppen der unter 14-Jährigen (64 %) sowie der über 69-Jährigen (64 %); bei den 30- bis 49-Jährigen war der Anteil mit 27 % am geringsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99 % der Erkrankungen vor. Es wurden 5 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 89 und 99 Jahren (Altersmedian 92 Jahre). Der Fall-Verstorbenen-Anteil der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,02 %.

Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzine für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® (Rota-A) und RotaTeq® (Rota-B). Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säuglingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rota-A) bzw. 32 Wochen (Rota-B) indiziert. Die Impfschritte bestehen aus 2 (Rotarix®) bzw. 3 (RotaTeq®) Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Impfstoffdosen ist ein Zeitabstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfschritte sollten vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rotarix®) bzw. 22 (RotaTeq®) Wochen verabreicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rotarix®) bzw. 32 (RotaTeq®) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfschritte.

Seit August 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfeempfehlung ist schwere Rotavirus-Erkrankungen und insbesondere die dadurch erforderlichen Krankenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern zu reduzieren. Die Rotavirus-Impfung ist seit 2006 in Deutschland verfügbar. Sachsen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein hatten die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfeempfehlungen aufgenommen. Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2020 basierend auf den Daten der KV-Impfsurveillance betrug 70 %; sie war regional sehr unterschiedlich und reichte von 62 % in Bayern bis 83 % in Mecklenburg-Vorpommern.

Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter von unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 9.875 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 4.686 (47 %) bekannt. Von diesen wurden 1.109 (24 %) Kinder als geimpft und 3.577 (76 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.51.4). Von den geimpften Kindern waren bei 678 (61 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 9 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, sodass der anzunehmende Impfschutz bewertet werden konnte. Von diesen 678 Kindern waren 341 (50 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfschritte an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 341 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 246 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung, 84 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung und 11 Erkrankungen

Abb. 6.51.3: Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=22.965)

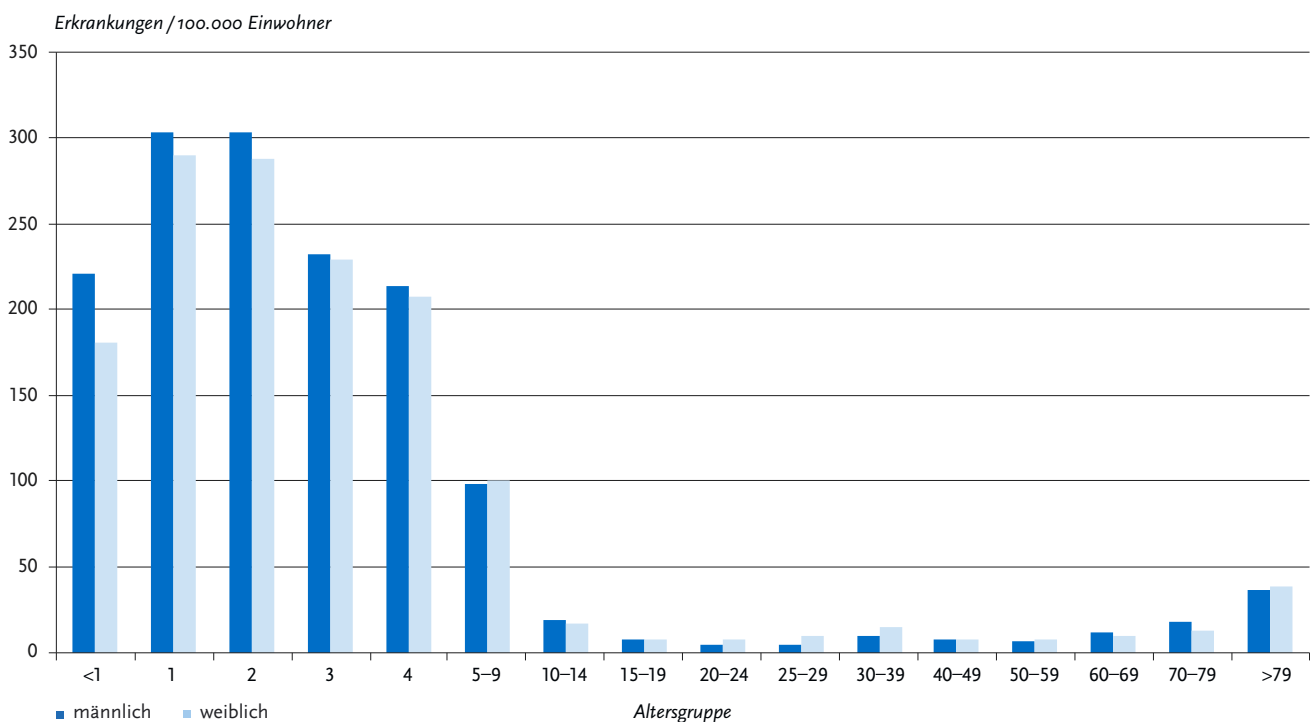
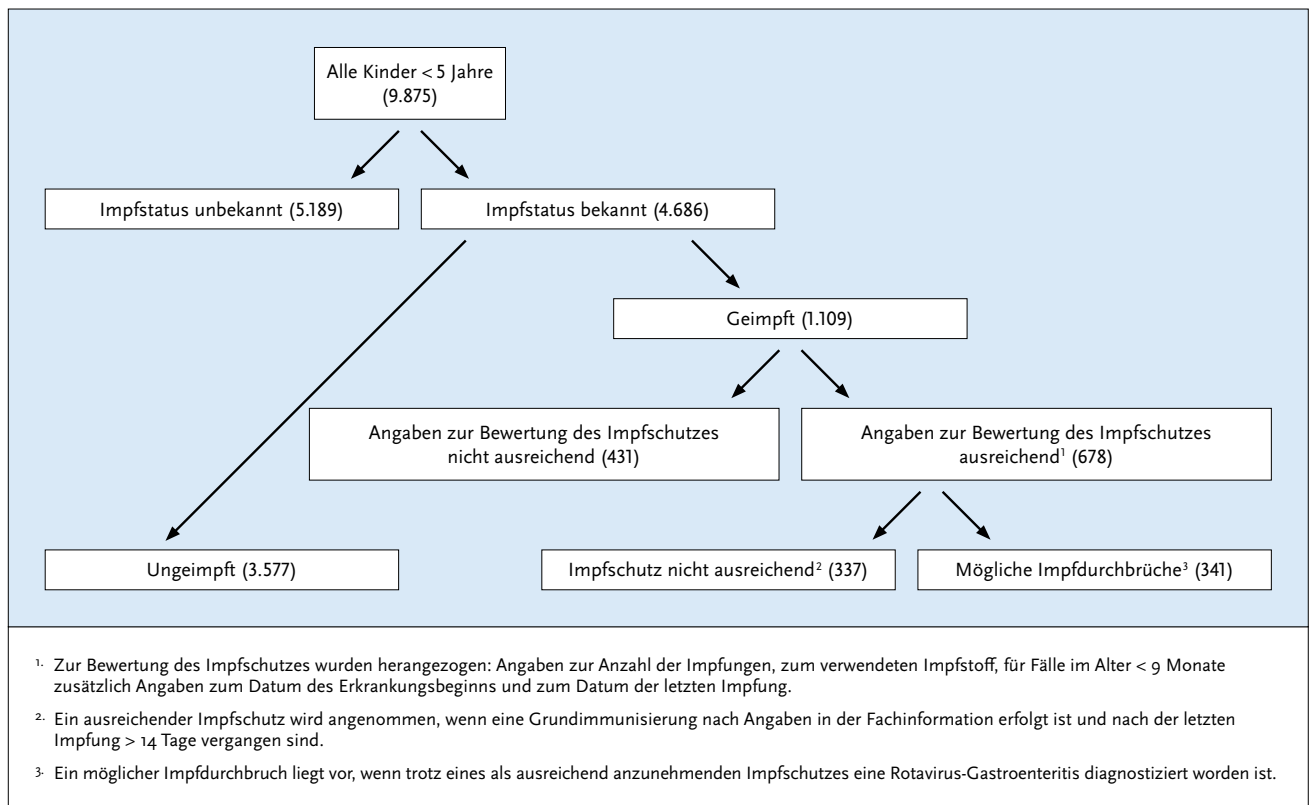


Abb. 6.51.4: Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus bei Kindern < 5 Jahren, Deutschland, 2022 (n=9.875)



Tab. 6.51.2: Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2021 und 2022

	2021		2022	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	74	184	456	1.135
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	32	446	239	3.061
Alle Ausbrüche	106	630	695	4.196

nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates. Die Diagnose war bei 329 (96 %) der 341 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 341 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 38 (11 %) unter einem Jahr, 91 (27 %) ein Jahr, 91 (27 %) 2 Jahre, 58 (17 %) 3 Jahre und 63 (18 %) 4 Jahre alt. 147 (43 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 8 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 695 Ausbrüche mit insgesamt 4.196 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.51.2). Nach dem deutlichen Rückgang der Rotavirus-bedingten Ausbrüche in den Pandemie-jahren 2020 und 2021 hat die Zahl der Ausbrüche wieder deutlich zugenommen und liegt auf dem präpandemischen Niveau. Insgesamt sind

18 % aller Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 456 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.135 Erkrankungen) und 239 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 3.061 Erkrankungen) auf. Für 97 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 61 % dieser Ausbrüche in Kindergärten, 20 % in Pflege- und Altenheimen, 6 % in privaten Haushalten und 4 % in Krankenhäusern.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betrifft vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter unter 5 Jahren. Höhere Inzidenzen waren auch bei Personen über 79 Jahren zu beobachten; in dieser Altersgruppe verstarben auch vereinzelt Personen an einer Rotavirus-

Gastroenteritis. In den Jahren 2020 und 2021 hatten die Infektionsschutzmaßnahmen, die aufgrund der COVID-19-Pandemie eingeführt wurden, erhebliche Auswirkungen auf die Rotavirus-Epidemiologie. Insbesondere die Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln sowie die Kita- und Schulschließungen haben wie bei vielen anderen Infektionserregern vermutlich dazu geführt, dass die Zahl der Rotavirus-Fälle und -Ausbrüche in diesem Zeitraum im Vergleich zu den Vorjahren um ein Vielfaches zurückgegangen war. Im Jahr 2022 zeigte die Rotavirus-Epidemiologie wieder ihren typischen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im späten Frühjahr und einem intersaisonalen Tief im Herbst. Auch die Fallzahlen erreichten wieder das präpandemische Niveau, wobei allerdings die bisher zweitniedrigste Fallzahl seit Einführung der Rotavirus-Impfung für Säuglinge im Jahr 2013 beobachtet wurde.

Literaturhinweise

- Marquis A, Koch J: *Impact of routine rotavirus vaccination in Germany: evaluation five years after its introduction*. *Pediatr Infect Dis* 2020; 39:e109 – e116.
- Verberk J, Pijnacker R, Bruijning-Verhagen P, et al.: *Biennial pattern of rotavirus gastroenteritis in The Netherlands and a shifting age distribution after a low rotavirus season, 2010 – 2016*. *Pediatr Infect Dis J* 2018; 37:e248 – e250.
- Koch J, Harder T, von Kries R, Wichmann O: *Risk of intussusception after Rotavirus vaccination*. *Dtsch Arztebl Int* 2017. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2017.0255>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022; 48:3 – 25. DOI 10.25646/10838
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. *Epid Bull* 2022; 4:3 – 66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. *Epid Bull* 2015; 1:1 – 10.
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.52 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 3
- ▶ Inzidenz 0,004 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion
- ▶ Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labordiagnostisch mit einer PCR bestätigt werden
- ▶ Hohe Impfquoten haben dazu geführt, dass Deutschland den Status der Elimination der Röteln erreicht hat

Kurzbeschreibung

Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft ein Großteil der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinfleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1 bis 3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen und retroaurikulären Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien, Arthritiden und Enzephalitiden. Im Falle einer Infektion der Mutter während der Schwangerschaft verursacht eine über die Plazenta erfolgte Infektion beim sich entwickelnden Fetus schwere Schäden, deren Häufigkeit und Schweregrad vom Infektionszeitpunkt während der Schwangerschaft abhängen (konnatale Röteln-Embryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Embryopathie bei einer Röteln-Infektion der Mutter extrem hoch. Sie kann zu einer Fehl- oder Totgeburt oder einer Vielzahl von Missbildungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistiger Behinderung, Herzmissbildungen und Knochendefekten führen.

Die Elimination der Röteln ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Diese liegt vor, wenn in Deutschland die Unterbrechung einer endemischen Übertragung der Röteln über mindestens 36 Monate durch eine hohe Qualität der Surveillance bewiesen werden kann. Den Status der Elimination der Röteln hat Deutschland im Dezember 2020 von der WHO erhalten.

Tab. 6.52.1: Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	4	2 %	5	2 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	5	2 %	3	1 %
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	90	45 %	121	49 %
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	103	51 %	120	48 %
alle	202	100 %	249	100 %
Referenzdefinition (B+C)	5	2 %	3	1 %

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 249 im Jahr 2022 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 3 (1 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.52.1).

Nach der aktuellen Falldefinition werden Mütter von Neugeborenen mit Röteln-Embryopathie als klinisch-epidemiologische Fälle erfasst, auch wenn sie selbst keine weiteren klinischen Kriterien für die Röteln aufwiesen oder aufweisen und bei ihnen kein labordiagnostischer Nachweis vorliegt. Alle 3 Fälle nach Referenzdefinition waren labordiagnostisch durch eine Serologie bestätigt worden, eine PCR wurde bei keinem der Fälle durchgeführt.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden insgesamt 3 Röteln-Erkrankungen übermittelt (2021: n=5). Die höchste Fallzahl wurde im Jahr der Einführung der bundesweiten Meldepflicht verzeichnet und lag bei 58 übermittelten Erkrankungen im Jahr 2013. Seitdem nahm die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen mit erfüllter Referenzdefinition kontinuierlich ab. Die im Jahr 2022 übermittelten Erkrankungen traten im März, Juni und Dezember auf. Es ist zu vermuten, dass ein weiterer Rückgang der übermittelten Fälle in den Jahren 2020 bis 2022 durch die während der COVID-19-Pandemie empfohlenen Infektionsschutzmaßnahmen bedingt ist, die die Übertragung und Ausbreitung von Röteln verhindert haben.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,004 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit weit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Die 3 akuten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition waren in Bayern, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen aufgetreten. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für eine Erkrankung vor, die Röteln waren aus Griechenland oder Italien importiert, bei den 2 weiteren blieb der Expositionsort für die Röteln-Infektion unbekannt.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Alle 3 nach Referenzdefinition übermittelten Fälle traten bei Erwachsenen im Alter von 20 Jahren oder älter auf (je ein Fall in den Altersgruppen 30 bis 39, 50 bis 59 und 60 bis 69 Jahre).

Bei 2 der 3 übermittelten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition war ein weibliches und bei einem Fall ein männliches Geschlecht angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 3 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu aufgetretenen Symptomen vor. Bei 2 Erkrankten war ein generalisiertes Exanthem aufgetreten. Bei je einer Person waren Lymphknotenschwellungen sowie Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) beschrieben worden. Ein Fall wurde aufgrund der akuten Röteln-Erkrankung hospitalisiert. Röteln-assoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2022 nicht berichtet.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnvirus-haltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern,

Mumps und Röteln [MMR]) erreicht. Bereits nach der 1. Impfung entwickeln über 95 % der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln-(Mumps-Masern) Impfung im Alter von 11 Monaten und eine 2. Impfung im Alter von 15 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. Alle Kinder sollten somit vor ihrem 2. Geburtstag 2-mal geimpft worden sein. Ferner empfiehlt die STIKO, dass alle Frauen im gebärfähigen Alter insgesamt 2-mal gegen Röteln geimpft sein sollten, um vor einer Röteln-Infektion in der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 3 Erkrankungen im Jahr 2022 wurden 2 Erkrankungen als ungeimpft und ein Fall als geimpft übermittelt. Bei letzterem Fall blieben der Impfzeitpunkt und die Anzahl der Impfungen unbekannt.

Ausbrüche

Im Jahr 2022 wurde, wie schon im Vorjahr, kein Ausbruch übermittelt.

Datenqualität

Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Röteln-Infektionen verlaufen subklinisch. Es ist somit zu erwarten, dass viele Erkrankungen klinisch nicht der Falldefinition entsprechen, auch wenn eine Labordiagnostik auf eine akute Infektion hinweist. Diese finden sich ggf. in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.52.1). Darüber hinaus können andere Viruserkrankungen eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist es sehr schwierig, Röteln-Erkrankungen eindeutig zu erkennen und Infektionsketten sicher nachzuverfolgen. Daher werden Erkrankungen vorwiegend als sporadisch eingestuft und wenige Ausbrüche erkannt.

Auch der in den letzten Jahren erstaunlich hohe Anteil der Röteln-Fälle, die nach den Angaben der zuständigen Behörden aufgrund der Röteln-Erkrankung hospitalisiert worden waren (2022: ein von 3 Fällen, 2020: ein von 7 Fällen, 2019: 6 von 18 Fällen, 2018: 3 von 16 Fällen), spricht dafür, dass es sich bei diesen Erkrankungen nicht unbedingt um eine akute Röteln-Infektion gehandelt hatte. Hier könnte es sich um einen Krankenhausaufenthalt zur Abklärung entzündlicher Prozesse des Zentralen Nervensystems gehandelt haben, zu deren Abklärung die sogenannte MRZ-Reaktion (Nachweis einer intrathekalen Synthese von Antikörpern gegen Masern, Röteln und Varicella-Zoster-Viren) herangezogen wird. Ein positiver Befund der MRZ-Reaktion ist Ausdruck einer chronischen Aktivierung des Immunsystems im zentralen Nervensystem, kann aber als akute Röteln-Infektion fehlgedeutet werden.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion sollte deshalb **immer eine labordiagnostische Abklärung** erfolgen, insbesondere wenn keine epidemiologischen Informationen über eine mögliche Übertragung der Röteln von einem laborbestätigten Fall vorliegen.

Für eine Laborbestätigung der Röteln werden in erster Linie Serologien oder PCR-Untersuchungen durchgeführt. Bei Durchführung **einer Serologie** ist zu bedenken, dass nach

Impfung ein positives IgM über Jahre persistieren kann. Ferner können beim Nachweis von IgM-Antikörpern falsch positive Befunde auftreten, die durch Kreuzreaktionen mit anderen Viren (u. a. Parvovirus B19, Epstein-Barr-Virus [EBV]) oder Rheumafaktoren verursacht werden können. Der positive prädiagnostische Wert der Serologie ist bei den selten auftretenden Röteln extrem niedrig.

Es wird daher empfohlen, insbesondere bei Kindern mit einem Exanthem und Fieber und bei allen sporadisch auftretenden Erkrankungen, einen Rachenabstrich für einen **direkten Virusnachweis mittels PCR** vorzunehmen. Die RT-PCR bietet insbesondere bei Kindern eine nicht-invasive, zuverlässige Methode, um den Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion sicher zu bestätigen und unzureichend geimpfte, schwangere Kontaktpersonen gut beraten zu können.

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Masern, Mumps, Röteln (MMR) am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Rötelnvirus-Genotypisierungen durch, falls die RT-PCR ein positives Ergebnis ergab. Die durch die Genotypisierung gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen es, im Rahmen der molekularen Surveillance Übertragungsketten auf nationaler wie internationaler Ebene zu verfolgen.

Eine angegebene positive PCR-Untersuchung bei Fällen, die der Kategorie D und E zugeordnet werden (unbekannte oder nicht erfüllte Klinik) sollte immer eine weitere Begutachtung des Falles zur Folge haben, um zu klären, ob es sich um eine Fehlangebe oder tatsächlich um einen positiven PCR-Befund als Goldstandard der labordiagnostischen Erhebung handelt.

Zusammenfassend wird empfohlen, dass

- ▶ bei jedem klinischen Röteln-Verdachtsfall der Nachweis des Rötelnvirus-Genoms in Rachen-Abstrich und Urin über die RT-PCR erfolgen sollte (Probenentnahme möglichst unverzüglich nach Einsetzen des Exanthems);
- ▶ nach jedem positiven IgM-Nachweis (Serologie) und Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion ein Probenversand (Serum, Rachenabstrich) an das NRZ MMR am RKI erfolgen sollte, um diesen Befund durch weitere Untersuchungen (Immunoblot, IgG-Avidität, RT-PCR) zu bestätigen;
- ▶ nach einem durch ein Labor gemeldeten positiven Befund – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache der Gesundheitsämter mit der betroffenen Person und ggf. dem/der einsendenden Arzt/Ärztin erfolgen sollte, ob ein Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion vorliegt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Röteln-Fälle im Jahr 2022 ist auf einem historischen Tiefpunkt. Die Röteln-Inzidenz ist extrem niedrig und hat die WHO-Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner unterschritten. Eine endemische Transmission der Rötelnviren ist unwahrscheinlich. Untersuchungen des NRZ für MMR am RKI haben in den letzten Jahren den Eindruck bestätigt, dass die Röteln in Deutschland kaum noch zirkulieren. Die Röteln gelten seit 2020 in Deutschland als eliminiert.

Die übermittelten Daten von 2022 ermöglichen allerdings keine eindeutige Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Die Anzahl der Fälle der Kategorien D und E ist hoch. Hier können sich aufgrund des unspezifischen Krankheitsbildes durchaus noch weitere akute Röteln-Fälle verbergen. Eine labordiagnostische Bestätigung durch eine PCR und ggf.

weiterer feindiagnostischer Untersuchungen erleichtert die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen).

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensitiver das Surveillancesystem ist, desto schneller kann eine Übertragung auf schwangere Frauen im Falle des Vorliegens der Röteln verhindert werden. Ein Nachweis Röteln-spezifischer IgM-Antikörper in der Schwangerschaft bedarf immer vor therapeutischen Entscheidungen einer Überprüfung des Befundes durch eine weitere Diagnostik (z. B. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2022 wurde dem RKI keine konnatale Röteln-Infektion übermittelt. Der letzte konnatale Röteln-Fall war dem RKI im Jahr 2015 bekannt geworden. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Rötelnfälle mehr auftreten sollen. Dieses Ziel hat Deutschland erreicht.

Literaturhinweise

- ECDC: *Monthly measles and rubella monitoring reports*.
<https://ecdc.europa.eu/en/rubella>
- Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland.
www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. *Epid Bull* 2023; 14:1–194.
<https://doi.org/10.25646/11201>
- Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022; 49:3–23.
<https://doi.org/10.25646/9436>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzingimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022; 48:3–2529.
[DOI 10.25646/10838](https://doi.org/10.25646/10838)
- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland – erste erfreuliche Ergebnisse*. *Epid Bull* 2021; 15:3–7.
<https://doi.org/10.25646/8109>
- Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. *Epid Bull* 2020; 2:1–22.
<https://doi.org/10.25646/6447>
- RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. *Epid Bull* 2010; 32:322–325.
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.53 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 9.141
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Infektionen überwiegend in Deutschland erworben
- ▶ 121 Ausbrüche mit 812 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Salmonellosen sind durch Bakterien der Gattung *Salmonella* verursachte Erkrankungen. Beim Krankheitsbild steht Durchfall im Vordergrund. Daneben sind Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber möglich. Die Symptome dauern in der Regel nur wenige Stunden oder Tage an, führen bei einem Teil der Betroffenen aber auch zu mehrtägigen Krankenhausaufenthalten.

Enteritis-Salmonellen kommen weltweit u. a. in Geflügel, Schweinen, Rindern, aber auch in Reptilien und pflanzlichen Lebensmitteln vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovare *Salmonella (S.) Typhi* und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.61 und 6.47) behandelt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.53.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 9.141 (2021: 8.203) Salmonellosen übermittelt. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. Von 2001 bis 2015 wurde ein rückläufiger Trend beobachtet (von etwa 77.000 auf 14.000 Erkrankungen pro Jahr). Von 2015 bis 2019 lagen die Zahlen relativ konstant im Bereich von etwa 13.000 bis 14.300 Erkrankungen jährlich. In den Jahren 2020 und 2021 sank die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen im Vergleich zum Jahr 2019 auf ein deutlich niedrigeres Niveau (Rückgang um 36 % bzw. 40 %), was wahrscheinlich mit der

seit 2020 andauernden COVID-19-Pandemie in Zusammenhang stand. Im Jahr 2022 ist die Inzidenz wieder leicht auf 11 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gestiegen (+11 % im Vergleich zum Vorjahr), hat aber bisher nicht wieder das Niveau der Jahre 2015–2019 erreicht.

Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (3.515; 38 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.53.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2022 unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.53.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Hamburg (–56 %), Schleswig-Holstein (–53 %) und Mecklenburg-Vorpommern (–49 %) zu verzeichnen. Auch in Nordrhein-Westfalen (–36 %) lag der Rückgang über dem bundesweiten Durchschnitt (–33 %). Der geringste Rückgang war in Thüringen (–6 %) zu verzeichnen. Wie in den 5 Vorjahren war die Inzidenz in Thüringen (27 Erkr./100.000 Einw.) am höchsten.

Bei 5.678 Salmonellosen (62 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (5.765 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich); 4.321 der Nennungen entfielen auf Deutschland (75%; 2021: 89 %; vor der COVID-19-Pandemie im Jahr 2019: 72 %). Andere Länder wurden insgesamt deutlich seltener genannt, am häufigsten die Türkei (393 Nennungen), Ägypten (194) und Spanien (62).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigten sich die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren. Die niedrigsten Inzidenzen waren in den Altersgruppen zwischen 40 und 59 Jahren zu verzeichnen (s. Abb. 6.53.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 53 %; weiblich 47 %).

Nachgewiesene Erreger

Bei 6.136 Fällen (67 %; 2021: 67 %) wurde beim Erreger ein Serovar angegeben. Bei 1.223 Fällen (13 %) wurde nur die Serogruppe oder Subspezies des Erregers übermittelt; 1.782 Fälle (19 %) waren ohne entsprechende Angaben. Die am häufigsten genannten Serovare waren *S. Enteritidis* (2.322 Nennungen; 38 % der Fälle mit Serovar-Angaben) und *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante 1.849 Nennungen; 30 %). Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (208 Nennungen), *S. Newport* (80), *S. Chester* (75), *S. Derby* (69) und *S. Agona* (60). Andere Serovare wurden seltener als je 50-mal genannt. Die am häufigsten genannten Serogruppen waren Gruppe B (551), Gruppe D (209) und Gruppe C (206).

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	42	0 %	80	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8.161	82 %	9.061	80 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	405	4 %	413	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.385	14 %	1.706	15 %
alle	9.993	100 %	11.260	100 %
Referenzdefinition (B+C)	8.203	82 %	9.141	81 %

Abb. 6.53.1:
 Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2022 (n=9.141) im Vergleich mit den Vorjahren
 (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)

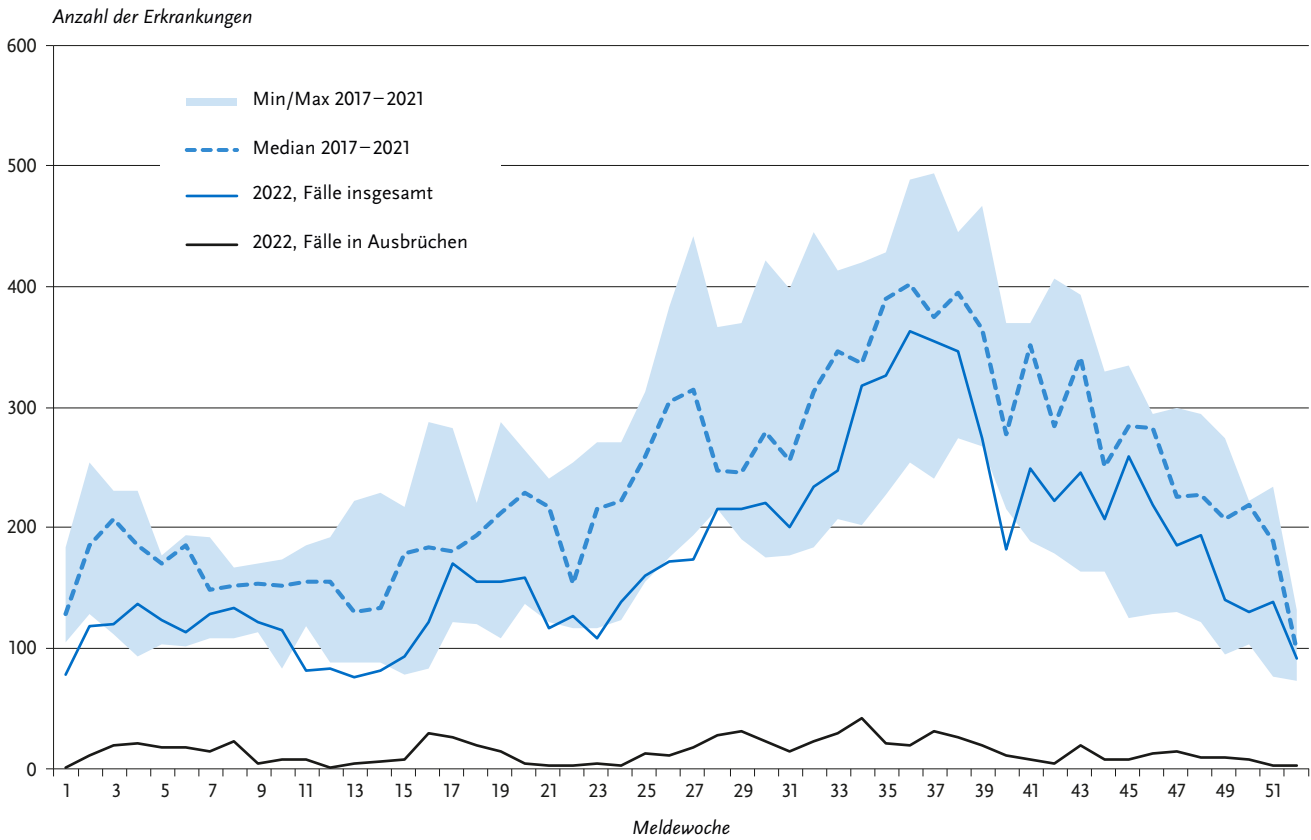


Abb. 6.53.2:
 Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=9.141) im Vergleich mit den Vorjahren

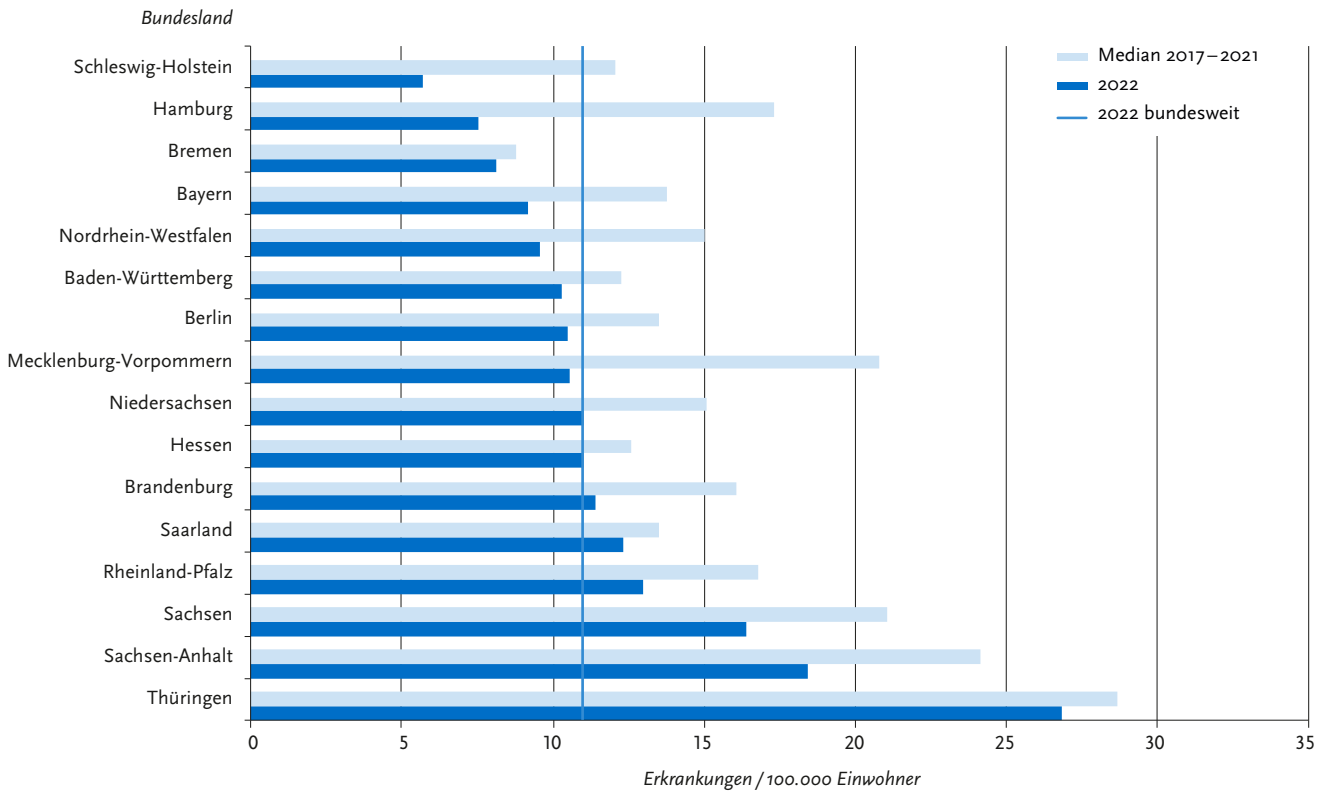
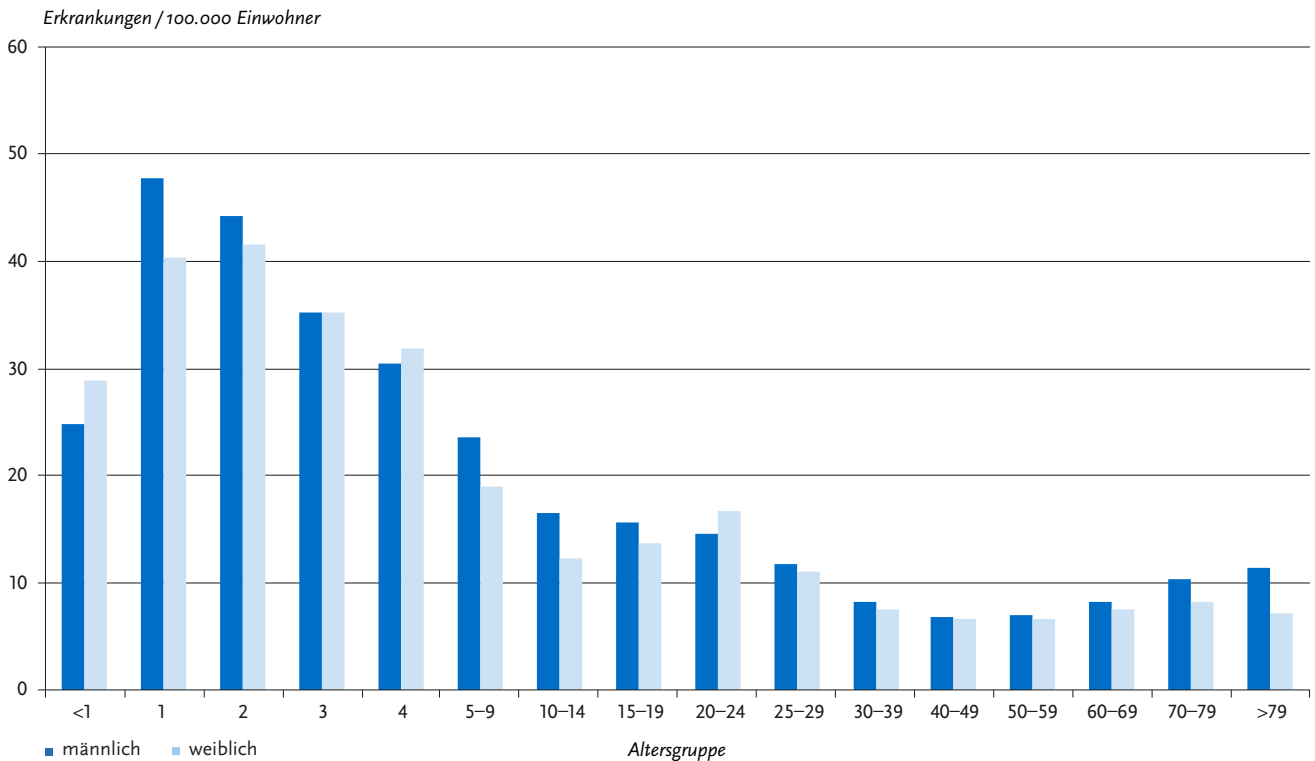


Abb. 6.53.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=9.098)



Tab. 6.53.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2021 und 2022

	2021		2022	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	90	204	82	180
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	22	413	39	632
Alle Ausbrüche	112	617	121	812

Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (9.136) wurden ein oder mehrere Symptome angegeben (20.363 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Durchfall (95 % der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (65 %), Fieber (40 %) und Erbrechen (23 %). Es wurden 13 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermitteln (2021: 20). Betroffen waren ein Mann mit 32 Jahren sowie 6 Männer und 6 Frauen im Alter zwischen 63 und 91 Jahren (Altersmedian insgesamt bei 80 Jahren). Bei 10 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 3-mal *S. Enteritidis* und je einmal *S. Typhimurium*, *S. Bovismorbificans*, *S. Infantis*, *S. Meleagridis*, *S. Muenchen*, *S. Newport* und *S. Senftenberg*. Bei einem Todesfall wurde nur die Serogruppe übermitteln (Gruppe B). Bei 2 Todesfällen wurden keine Angaben zum Serovar übermitteln.

Ausbrüche

Es wurden 121 (2021: 112; 2020: 113) Ausbrüche mit insgesamt 812 Erkrankungen (9 % aller Salmonellosen) übermitteln (s. Tab. 6.53.2), davon 39 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Die zwei größten Ausbrüche umfassten je 46 übermittelte Erkrankungen und wurden beide durch *S. Enteritidis* ausgelöst und standen in Zusammenhang mit einem Restaurant bzw. einem Seniorenheim. Weitere relativ große Ausbrüche wurden durch *S. Chester* (40 übermittelte Erkrankungen, Zusammenhang mit einem Restaurant) und *S. Typhimurium* (37 übermittelte Erkrankungen) verursacht. Ein Ausbruchsvehikel konnte in keinem dieser Ausbrüche mit Sicherheit ermittelt werden. 31 Fälle mit monophasischen *S. Typhimurium* gehörten zu einem internationalen Ausbruch durch Schokoladenprodukte im Frühjahr 2022 mit europaweit 450 Fällen.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose war bis 2015 von einer deutlichen Abnahme der Erkrankungszahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Erkrankungen durch *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet war. Von 2017 bis 2019 hat sich der rückläufige Trend nicht weiter fortgesetzt. Erst 2020 und 2021 kam es während der COVID-19-Pandemie erneut zu einem deutlichen Rückgang. Im Jahr 2022 stieg die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zu den beiden Vorjahren wieder leicht an; es wurde aber bisher nicht das Niveau der Jahre 2017–2019 erreicht. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* machten zusammen 68 % der Erkrankungen mit Nennung eines Serovars aus. Da diese beiden Serovare zu den ebenfalls häufig übermittelten Serogruppen D bzw. B gehören, liegt ihr tatsächlicher Anteil an allen Fällen möglicherweise noch höher. Es treten immer wieder zum Teil große lebensmittelbedingte Ausbrüche auf, die auch in einem internationalen Zusammenhang stehen können.

Literaturhinweise

- ECDC (2022): 15 July update: Monophasic *Salmonella* Typhimurium outbreak linked to chocolate products. <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/15-july-update-monophasic-salmonella-typhimurium-outbreak-linked-chocolate-products>
- Larkin L, Pardos de la Gandara M, Hoban A, et al.: Investigation of an international outbreak of multidrug-resistant monophasic *Salmonella* Typhimurium associated with chocolate products, EU/EEA and United Kingdom, February to April 2022. *Euro Surveill* 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.15.2200314>
- ECDC/EFSA (2021): Multi-country outbreak of *Salmonella* Braenderup ST22, presumed to be linked to imported melons 20 July 2021. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/ROA_S_Braenderup-ST22_UI-719_2021.pdf
- Uelze L, Becker N, Borowiak M, et al.: Toward an integrated genome-based surveillance of *Salmonella enterica* in Germany. *Front Microbiol* 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.626941>
- Enkelmann J, von Laer A, Simon S, et al.: Disentangling outbreaks using whole-genome sequencing: concurrent multistate-outbreaks of *Salmonella* Kottbus in Germany, 2017. *Epidemiol Infect* 2020. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000394>
- Meinen A, Simon S, Banerji S, et al.: Salmonellosis outbreak with novel *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serotype (11:z41:e,n,z15) attributable to sesame products in five European countries, 2016 to 2017. *Euro Surveill* 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.36.1800543>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.54 Shigellose

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 343
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 137 % gestiegen
- ▶ Männer häufiger betroffen als Frauen (57 % zu 43 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 20 und 59 Jahren
- ▶ 47 % der Erkrankungen in Deutschland erworben; weitere wichtige Infektionsländer sind Ägypten, Tunesien und Spanien

Kurzbeschreibung

Die Shigellose ist eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Shigella* ausgelöst wird und mit wässrige bis blutigen Durchfällen, Bauchkrämpfen und Fieber einhergeht. Es werden 4 Spezies mit unterschiedlicher geographischer Verteilung und Virulenz unterschieden. In Mitteleuropa dominiert *S. sonnei*. In Länder mit geringem Entwicklungsstand kommen hauptsächlich *S. flexneri*, *S. dysenteriae* und *S. boydii* vor.

Die Übertragung erfolgt vor allem über Kontakt von Mensch zu Mensch, aber auch über verunreinigtes Trinkwasser und verunreinigte Lebensmittel. Auch sexuelle Übertragungen über oroanale Kontakte sind möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.54.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 343 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Vorjahr um 137 % gestiegen. Im zeitlichen Verlauf ist zwischen 2001 und 2008 insgesamt eine deutliche Abnahme der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.54.1). Zwischen 2009 und 2019 schwankte die Zahl der jährlichen Erkrankungen zwischen 424 und 731. Die Fallzahlen lagen im Jahr 2022 zwar höher als in den COVID-19-Pandemie-Jahren 2020 und 2021, haben aber noch nicht das Niveau der Vorpandemie-Jahre erreicht (Median 2015–2019: 572).

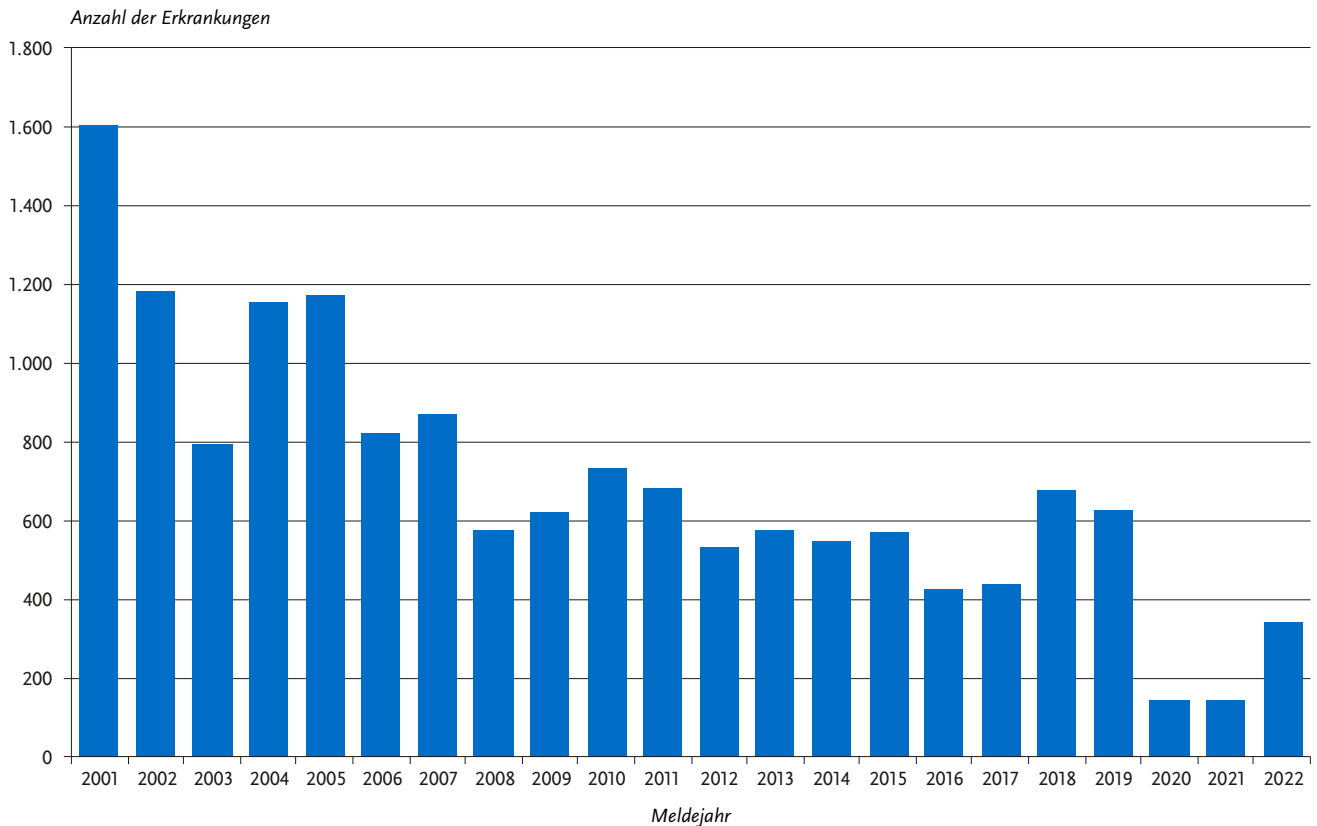
Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit geringfügig niedriger als der Median der 5 Vorjahre (0,5).

Tab. 6.54.1: Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	2 %	4	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	142	83 %	339	88 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	4 %	9	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	20	12 %	35	9 %
alle	172	100 %	387	100 %
Referenzdefinition (B+C)	145	84 %	343	89 %

Abb. 6.54.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Tab. 6.54.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2022 (Mehrfachnennungen möglich, 279 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	136	47 %
Ägypten	26	9 %
Tunesien	17	6 %
Spanien	13	5 %
Cabo Verde	6	2 %
Mexiko	6	2 %
Tansania	6	2 %
Marokko	4	1 %
Südafrika (Staat)	4	1 %
Nordostafrika	4	1 %
Kenia	4	1 %
Ghana	4	1 %
Andere	57	20 %
Summe	287	100 %

In 10 von 16 Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2022 niedriger als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. Die höchste Inzidenz wurde im Jahr 2022 in Hamburg (1,4 Erkr./100.000 Einw.) und Berlin (1,2) registriert (s. Abb. 6.54.2). Bei 279 Erkran-

kungen (81 %) lagen insgesamt 287 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 136 Nennungen (47 %) wurde Deutschland am häufigsten als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (9 %), Tunesien (6 %) und Spanien (5 %) (s. Tab. 6.54.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen zeigte jeweils einen Gipfel bei Kindern und jungen Erwachsenen. Bei Kindern lag die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen (0,4 Erkr./100.000 Einw.; n=15). Bei Erwachsenen wurde die höchste Inzidenz in den Altersgruppen der 20- bis 59-Jährigen registriert (20–49 Jahre: jeweils 0,6; n=178; 50–59 Jahre: 0,5; n=69). Insgesamt waren mehr männliche (57 %) als weibliche Personen (43 %) betroffen. In den Altersgruppen der 30- bis 49-Jährigen und der 60- bis 69-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen (s. Abb. 6.54.3).

Nachgewiesene Erreger

Bei 240 Erkrankungen (70 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (72 %), *S. flexneri* (20 %), *S. boydii* (4 %) und *S. dysenteriae* (2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2021: 37 %) und *S. boydii* (2021: 8 %) abgenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2021: 53 %) und *S. dysenteriae* (2021: 0,8 %) zugenommen hat.

Klinische Aspekte

Für alle 343 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (99 %) auf, gefolgt

Abb. 6.54.2:
 Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=343) im Vergleich zu den Vorjahren

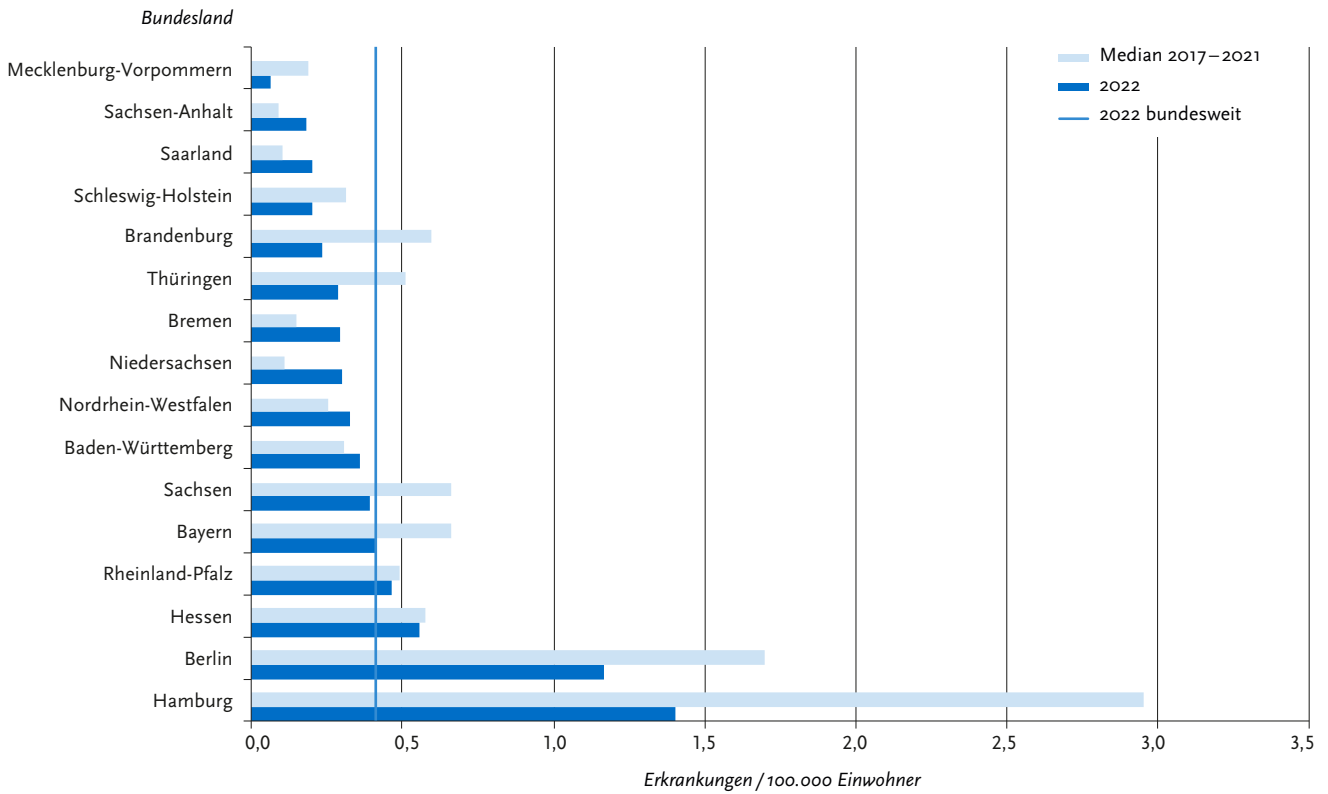
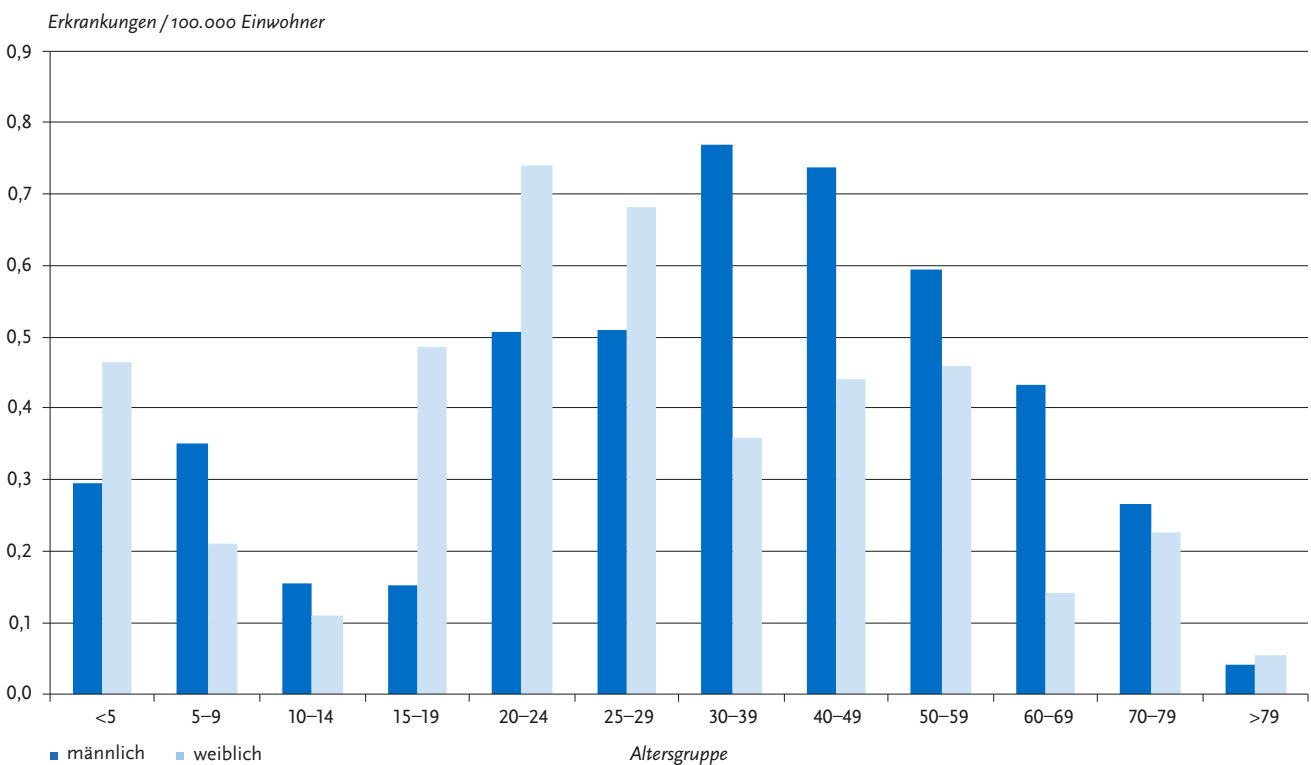


Abb. 6.54.3:
 Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=342)



von Bauchschmerzen (72 %), Fieber (43 %) und Erbrechen (20 %). Im Jahr 2022 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 8 Ausbrüche mit insgesamt 24 Erkrankungen (7 % aller Shigellosen) übermittelt (2021: 4 Ausbrüche mit 11 Erkrankungen). Der größte Ausbruch wurde durch *S. sonnei* verursacht und umfasste 9 Erkrankungen. Der Ausbruch ereignete sich im Umfeld »Restaurant/Gaststätte« und wurde als lebensmittelbedingt übermittelt. Ein verdächtiges Lebensmittel wurde nicht angegeben. Von den übrigen 7 Ausbrüchen wurden 6 mit jeweils 2 und einer mit 3 Erkrankungen übermittelt. Für 4 der 7 Ausbrüche wurde als Umfeld »Hotel, Pension, Herberge« angegeben; die zugehörigen Erkrankungsfälle waren im Ausland exponiert gewesen (Ägypten bzw. Tunesien).

Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland labor diagnostisch nachgewiesen wurden. Entsprechend werden Infektionen, die von Reisenden aus Deutschland im Ausland erworben und dort noch vor der Rückkehr erfolgreich behandelt wurden, in der Regel nicht erfasst.

Fazit

Die Anzahl der Shigellose-Erkrankungen stieg im Jahr 2022 im Vergleich zu den COVID-19-Pandemie-Jahren 2020 und 2021 deutlich an. Die Fallzahlen haben jedoch noch nicht das Niveau der Vorpandemie-Jahre erreicht.

Literaturhinweise

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1*. Nature Microbiol 2016; 1:16027.
Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48. <https://doi.org/10.25646/9319>
RKI-Ratgeber (2021). www.rki.de/ratgeber

6.55 Syphilis



- ▶ Fälle 2022: 8.305
- ▶ starker Anstieg im Vergleich zum Vorjahr, höchste jemals gemeldete Fallzahl
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

Kurzbeschreibung

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und intrauterin von der Mutter auf das Kind übertragbar ist. Sie verläuft typischerweise in drei Stadien: ein so genannter Primäraffekt (ein meist schmerzloses Geschwür an der Eintrittsstelle) bildet sich wenige Tage bis Wochen nach der Infektion, im Sekundärstadium macht sich die Erkrankung durch Allgemeinsymptome und

Hauterscheinungen bemerkbar und im Tertiärstadium (Jahre nach der Erstinfektion) kann es zur Schädigung des Gehirns und der Blutgefäße kommen.

Symptomfreie Phasen werden als Latenz bezeichnet. In Abhängigkeit von der seit der Infektion vergangenen Zeitspanne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *Treponema pallidum* direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach Fallkriterien bewertet. Alle Fälle sind labor diagnostisch bestätigt, es liegen aber nicht zwingend Angaben zur klinischen Symptomatik vor. Folgende Meldungen werden ausgeschlossen: Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermutete Doppelmeldungen und vermutete Fälle von nicht ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*).

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

Die Syphilis-Meldungen werden seit 2017 mit Hilfe eines elektronischen Algorithmus geprüft und die Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisiert zu einem Fall zusammengeführt. Die Regeln des Algorithmus beruhen auf den S2k-Leitlinien zur Diagnostik und Therapie der Syphilis.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden dem RKI 8.305 Syphilis-Fälle gemeldet, 1.560 (23,1 %) mehr als im Vorjahr. Damit war 2022 die höchste jemals gemeldete Fallzahl zu verzeichnen (s. Abb. 6.55.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit betrug die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2022 10,0 Fälle pro 100.000 Einwohner und lag damit über dem Median der 5 Vorjahre (8,9). Die Inzidenz stieg in 13 Bundesländern an. Der Anstieg im Vergleich zum Vorjahr war prozentual besonders ausgeprägt in Bayern (von 6,9 auf 10,6 Fälle pro 100.000 Einw.; +52 %), Baden-Württemberg (von 4,7 auf 6,8; +43 %), Thüringen (von 4,9 auf 6,4; +29 %) und Bremen (von 7,8 auf 10,1; +28 %). In den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (von 5,1 auf 4,9 Fälle pro 100.000 Einw.; -4 %), Sachsen-Anhalt (von 5,5 auf 5,2; -6 %) und Hamburg (von 24,7 auf 23,1; -6 %) fiel die Inzidenz ab, wenn auch in geringerem Ausmaß.

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (41,3) und Hamburg (23,1) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Bayern (10,6), Sachsen (10,5) und Bremen (10,1); am niedrigsten in Sachsen-Anhalt (5,2), Mecklenburg-Vorpommern (4,9) und Brandenburg (4,4) (s. Abb. 6.55.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 25 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg in den Städten Köln (42,9), München (38,9), Nürnberg (29,2), Frankfurt/M. (27,8) und Düsseldorf (25,5) zu verzeichnen (s. Abb. 6.55.3).

Für 5.959 Fälle (72 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (5.540; 92 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (68 Nennungen), Thailand (33), Brasilien (26), Polen (22) sowie Rumänien, die Türkei und die Ukraine (je 20).

Abb. 6.55.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022

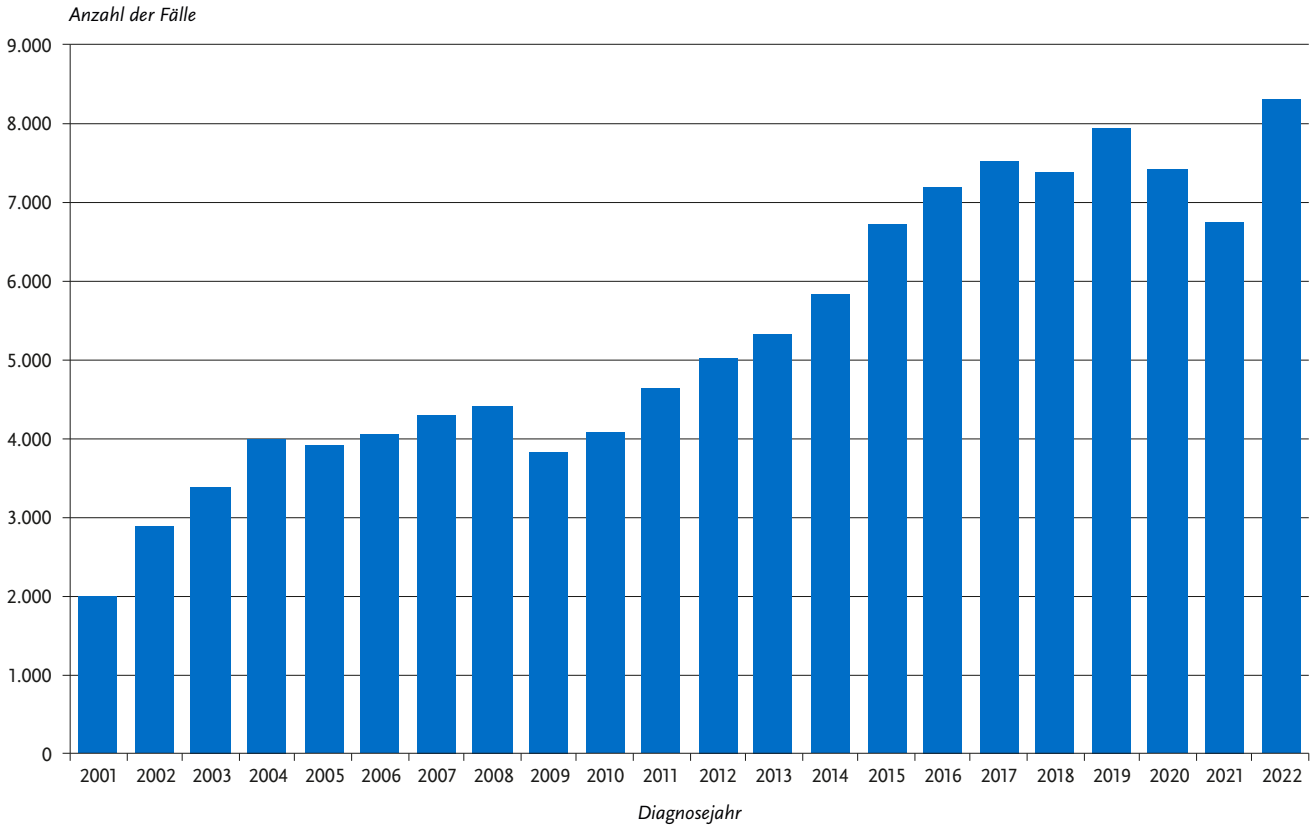


Abb. 6.55.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=8.305) im Vergleich mit den Vorjahren

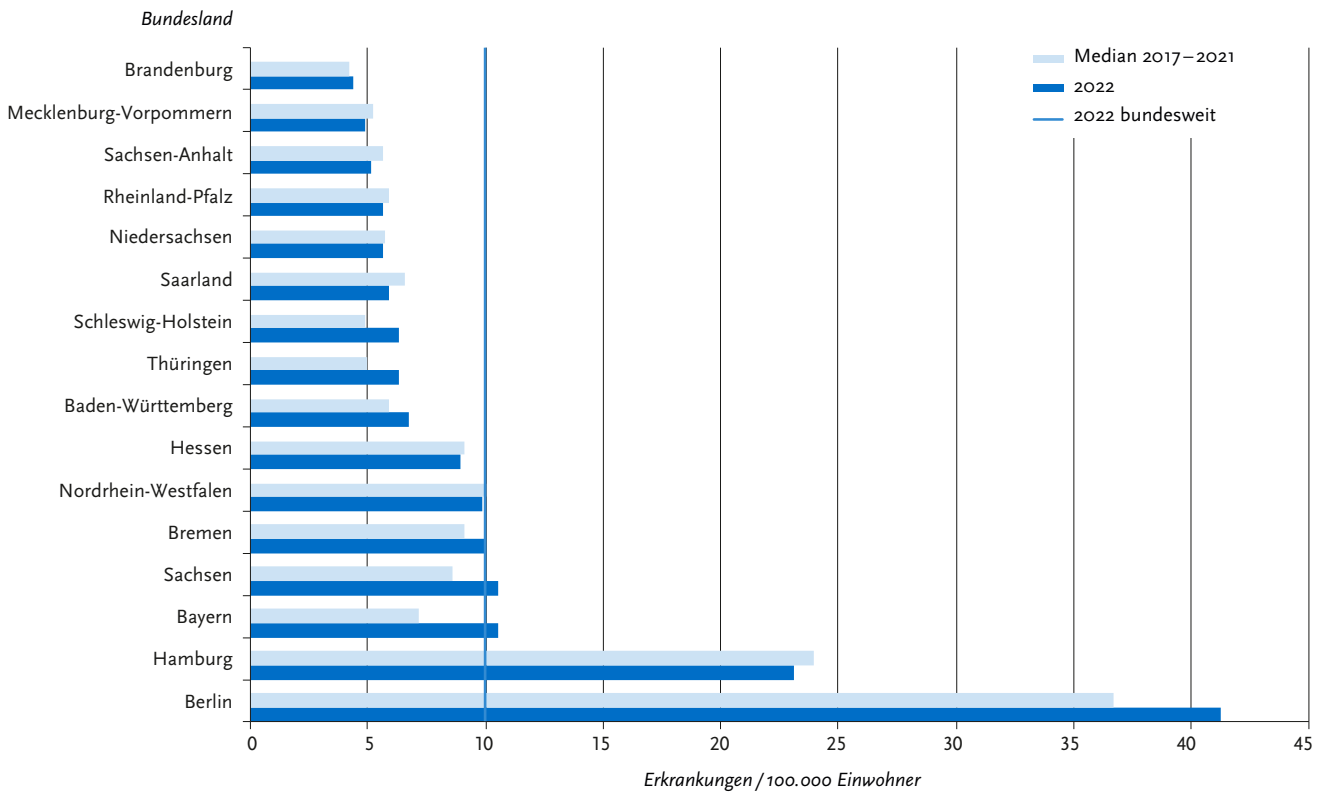
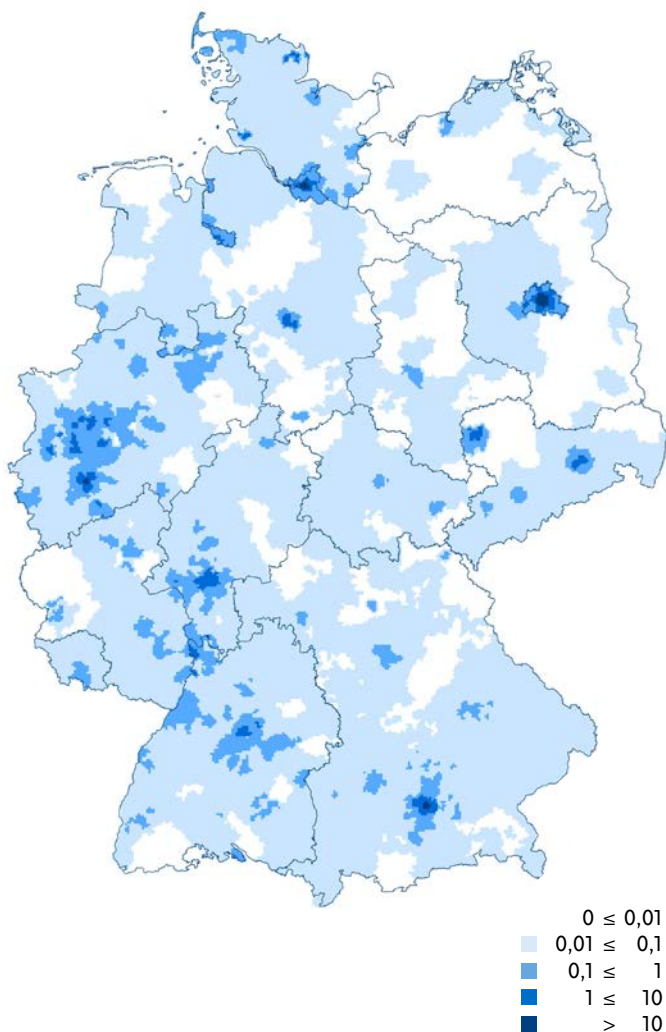


Abb. 6.55.3:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich
(geglättet), Deutschland, 2022 (n=8.305)



Demografische Verteilung

Im Jahr 2022 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 5,7 % und damit annähernd auf dem Niveau des Vorjahres (6,1 %). Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen lag leicht über der des Vorjahres (2021: 415, 2022: 467). Die Anzahl der Fälle unter Männern (7.769) stieg um 23,2 %. Mit 18,9 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,1 Fälle/100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (41,8) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (37,6) und der 40- bis 49-Jährigen (33,9) waren ebenfalls stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (3,2) die höchste Inzidenz auf, gefolgt von den 25- bis 29-Jährigen (3,1) sowie den 30- bis 39-Jährigen (2,5) (s. Abb. 6.55.4).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 77 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Infektionen, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) erworben wurden, 85 % aus und lag damit leicht über dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 14 %.

Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2021 deutschlandweit um 18,4 %. Der stärkste prozentuale Anstieg war dabei in Bremen (+73,3 %) zu verzeichnen, gefolgt von Thüringen (+53,1 %), Bayern (+50,6 %), Baden-Württemberg (+49,2 %), Sachsen (+28,1 %), Niedersachsen (+19,2 %), Nordrhein-Westfalen (+16,1 %), Berlin (+12,2 %) und Brandenburg (+3,2 %). In 7 Bundesländern nahm die Anzahl der Fälle unter MSM hingegen ab, am stärksten in Mecklenburg-Vorpommern (-28,0 %), gefolgt von Sachsen-Anhalt (-15,0 %), Rheinland-Pfalz (-11,1 %), Hamburg (-6,2 %), dem Saarland und Schleswig-Holstein (je -3,0 %) sowie Hessen (-2,5 %).

Im Vergleich zum Vorjahr stieg die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden, an (n=82; +90,7 %). Auch die Anzahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden, stieg an (n=95; +50,8 %). Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2019 zwischen ein und 7 Fällen pro Jahr. Im Jahr 2022 wurden drei Fälle gemeldet.

Bei einem Viertel der Fälle aus dem Jahr 2022 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (25 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 36 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (8 %).

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 8.612 im Jahr 2021 auf 10.454 im Jahr 2022. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu Doppelmeldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil. Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und wird auf Grundlage des oben genannten Algorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, labordiagnostischer und klinischer Merkmale die eingehenden Meldungen dahingehend prüft, ob sie sich auf einen bereits gemeldeten Fall beziehen.

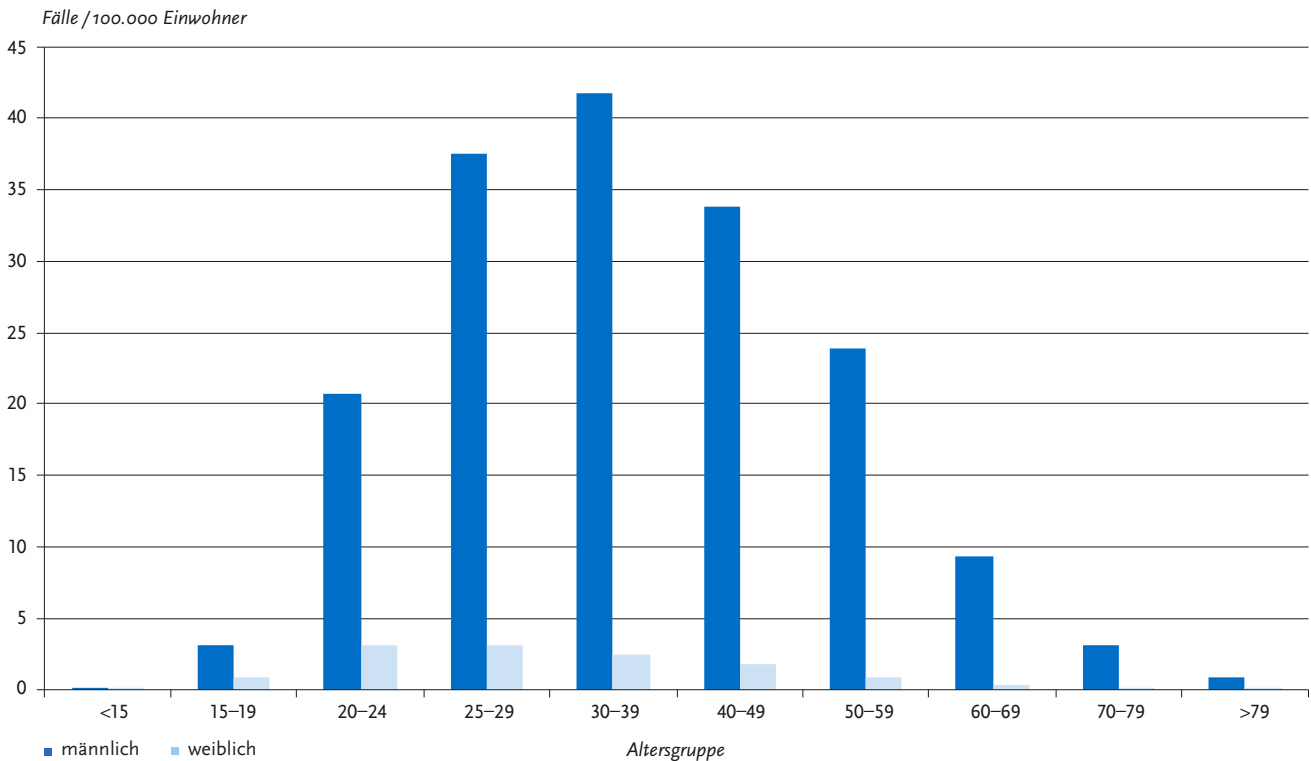
Fazit

Nach einem seit 2010 zu beobachtenden Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland und einem deutlichen Abfall der Meldungen nach dem Beginn der COVID-Pandemie stieg deren Anzahl im Jahr 2022 auf einen neuen Höchststand seit Einführung des IfSG im Jahr 2001. Insbesondere städtische Balneozentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffenengruppe sind nach wie vor MSM, mit Anstiegen in etwa der Hälfte der Bundesländer in unterschiedlichem Ausmaß.

Es ist möglich, dass es nach dem Ende von Kontaktbeschränkungen aufgrund der COVID-19-Pandemie auch generell zu einem Wiederanstieg von sexuellen Kontakten kam, der den deutlichen Anstieg der Syphilis-Meldezahlen erklären könnte. Weiterhin ist denkbar, dass die nach Leitlinie empfohlene regelmäßige Lues-Serologie bei sexuell aktiven Personen, die eine HIV-Prä-Expositionsprophylaxe (PREP) einnehmen, zu einem Anstieg von Diagnosen geführt haben könnte. Allerdings kann der Einfluss dieser möglichen Effekte anhand der Meldedaten nicht genau beziffert werden.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschaftsvorsorgeuntersuchungen in Deutschland ist von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle, mit nur 3 gemeldeten Fällen im Jahr 2022. Die Ausübung sowie die Inanspruchnahme von Sexarbeit scheint für die Syphilis-Epide-

Abb. 6.55-4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=8.202)



mie in Deutschland auf Grundlage der Meldedaten trotz des prozentualen Anstiegs in absoluten Zahlen eine untergeordnete Rolle zu spielen, allerdings ist eine Untererfassung dieser Merkmale im Rahmen der Meldung möglich.

Der neue Höchststand der Fallzahlen im Jahr 2022 unterstreicht die Bedeutung, einer frühzeitigen Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen, um Infektionsketten möglichst frühzeitig zu unterbrechen. Das Bewusstsein für die Syphilis sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen weiter gestärkt werden. Darüber hinaus ist es wichtig, insbesondere für Gruppen mit hohen Inzidenzen wie MSM ausreichende und niedrigschwellige Beratungs-, Test- und Therapieangebote vorzuhalten. Laut Leitlinien der Deutschen STI-Gesellschaft sollte MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis, aber auch andere STI wie Chlamydien, Gonorrhö, Hepatitis C und HIV alle 3 bis 12 Monate angeboten werden. Bei der Einnahme einer HIV-Präexpositionsprophylaxe sind regelmäßige STI-Tests inklusive Syphilis vorgesehen. Diese Möglichkeit sollte Risiko-adaptiert allen sexuell aktiven MSM offenstehen.

Literaturhinweise

- Crane MA, Popovic A, Stolbach AI, Ghanem, K.G.: *Reporting of sexually transmitted infections during the COVID-19 pandemic*. Sex Transm Infect 2021. <https://doi.org/10.1136/sextrans-2020-054805>
- Ullrich A, Schranz M, Rexroth U, et al.: *Impact of the COVID-19 pandemic and associated non-pharmaceutical interventions on other notifiable infectious diseases in Germany: An analysis of national surveillance data during week 1–2016 – week 32–2020*. Lancet Reg Health Eur 2021. <https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100103>

ECDC (2020): *Syphilis – Annual epidemiological report for 2018*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-annual-epidemiological-report-2018

ECDC (2019): *Syphilis and congenital syphilis in Europe – A review of epidemiological trends (2007 – 2018) and options for response*. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-and-congenital-syphilis-europe-review-epidemiological-trends-2007-2018

Deutsche STI-Gesellschaft (2021): *Szk-Leitlinie: Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html>

RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.56 Tollwut

Kurzbeschreibung

Tollwut ist eine weltweit verbreitete Zoonose, verursacht durch neurotrope Lyssaviren. Die verschiedenen Lyssaviruspezies, wie z. B. das Rabiesvirus, werden typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt dabei durch einen Biss oder durch Kontamination von Wunden oder Hautabschürfungen mit Speichel. Tollwut kann – theoretisch auch noch nach der Übertragung – durch Impfung und Gabe von Immunglobulinen verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen aufgetreten sind. Klinisch können z. B. folgende Symptome auftreten: erhöhte Erregbarkeit, Parästhesien, Lähmungen, vermehrter Speichelfluss, Spasmen, Krämpfe, Atemlähmung. Es wird geschätzt, dass weltweit jährlich ca. 60.000 Menschen an Tollwut sterben.

Situation in Deutschland

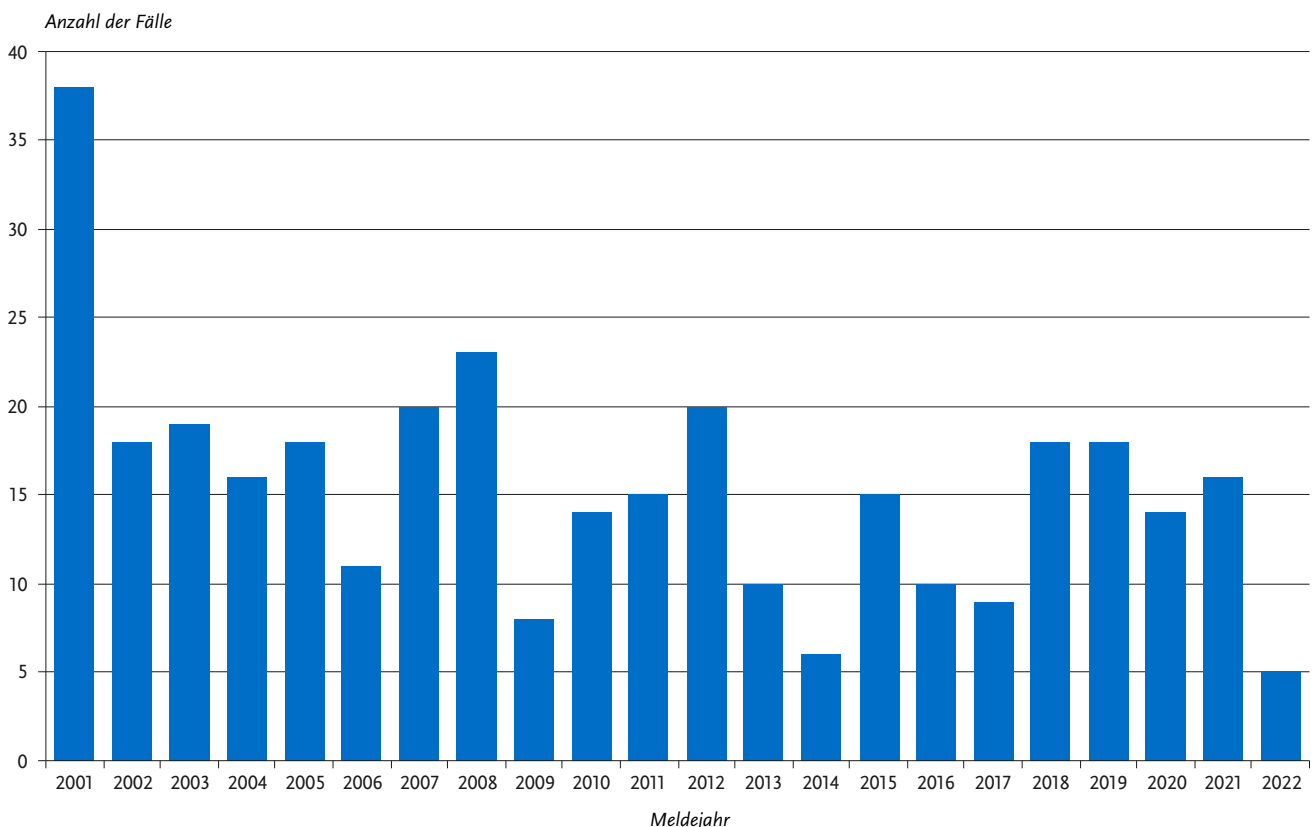
Im Jahr 2022 wurde dem RKI keine Erkrankung an Tollwut übermittelt.

In Deutschland sind seit dem Jahr 2005 insgesamt 5 Tollwuterkrankungen übermittelt worden. Zuletzt verstarb im Jahr 2007 ein 55-jähriger Mann an Tollwut, nachdem er in Marokko von einem streunenden Hund gebissen worden war. Im Jahr 2005 wurden insgesamt 4 miteinander in Zusammenhang stehende Erkrankungen an Tollwut übermittelt. Betroffen waren eine 26-jährige Frau, die sich in Indien aufgehalten hatte und nach deren Hirntod Organe zur Transplantation entnommen worden waren. Drei Organempfänger verstarben ebenfalls, da zu diesem Zeitpunkt kein Anhalt für eine Tollwuterkrankung bei der Organspenderin vorgelegen hatte.

Literaturhinweise

- Whitehouse ER, Mandra A, Bonwitt J, Beasley EA, Taliano J, Rao AK: *Human rabies despite post-exposure prophylaxis: a systematic review of fatal breakthrough infections after zoonotic exposures*. Lancet Infect Dis 2022. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(22\)00641-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(22)00641-7)
- WHO: *Expert Consultation on Rabies, Third report*. World Health Organ Tech Rep 2018. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/272364>
- WHO: *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018*. <https://www.who.int/publications/i/item/who-wer9316>
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: *Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull 2023; 14:1 – 194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.57.1: Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



6.57 Toxoplasmose, konnatale Infektion

Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gegartes kontaminiertes Fleisch oder den Umgang mit infizierten Katzen erfolgen. Beim gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein direkter Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelt – als konnatale Toxoplasmose gewertet. Für eine konnatale Infektion sprechen auch die mittels vergleichendem Immunoblot (parallele Testung von mütterlichem und kindlichem Serum) nachgewiesenen IgG-Antikörper des Neugeborenen oder die Persistenz oder Konzentrationserhöhung von IgG-Serumantikörpern im postnatalen Verlauf.

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2022 wurden dem RKI 5 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.57.1). Die Meldungen kamen aus 4 Bundesländern, davon 2 Fälle aus Bayern, jeweils ein Fall aus Sachsen, Baden-Württemberg und Mecklenburg-Vorpommern. Für alle 5 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Dieses war in allen 5 Fällen Deutschland.

Datenqualität

Die Anzahl der gemeldeten Diagnosen ist von der Durchführung einer erregerspezifischen Diagnostik abhängig. Es ist daher von einer sehr hohen Untererfassung der konnatalen Toxoplasmose durch das Meldesystem auszugehen. Darüber hinaus ist bei der Bewertung der gemeldeten Angaben zu berücksichtigen, dass mögliche später auftretende Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nichtnamentlich an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

Literaturhinweise

- Krings A, Jacob J, Seeber F, et al.: *Estimates of Toxoplasmosis Incidence Based on Healthcare Claims Data, Germany, 2011 – 2016*. Emerg Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.3201/eid2708.203740>
- Pleyer U, Gross U, Schlüter D, Wilking H, Seeber F: *Toxoplasmosis in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2019. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2019.0435>
- Wilking H, Thamm M, Stark K, Aebischer T, Seeber F: *Prevalence, incidence estimations, and risk factors of Toxoplasma gondii infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study*. Sci Rep 2016. <https://doi.org/10.1038/srep22551>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.58 Trichinellose

Kurzbeschreibung

Die Trichinellose (oder Trichinose) wird durch einen Nematoden (Fadenwurm) der Spezies *Trichinella* hervorgerufen. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend durcherhitztem kontaminiertem Fleisch, insbesondere vom Wildschwein oder Schwein. Die aufgenommenen Larven werden im Darm freigesetzt und wandern bevorzugt in Muskelzellen, wo sie sich verkapseln. Das kann zunächst mit Bauchbeschwerden, später mit Muskelschmerzen und Schwellungen im Augenbereich einhergehen. Aufgrund der weitverbreiteten modernen Haltungsformen in der Schweinemast und der im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung durchgeführten Trichinenuntersuchungen tritt die Erkrankung in Deutschland selten auf.

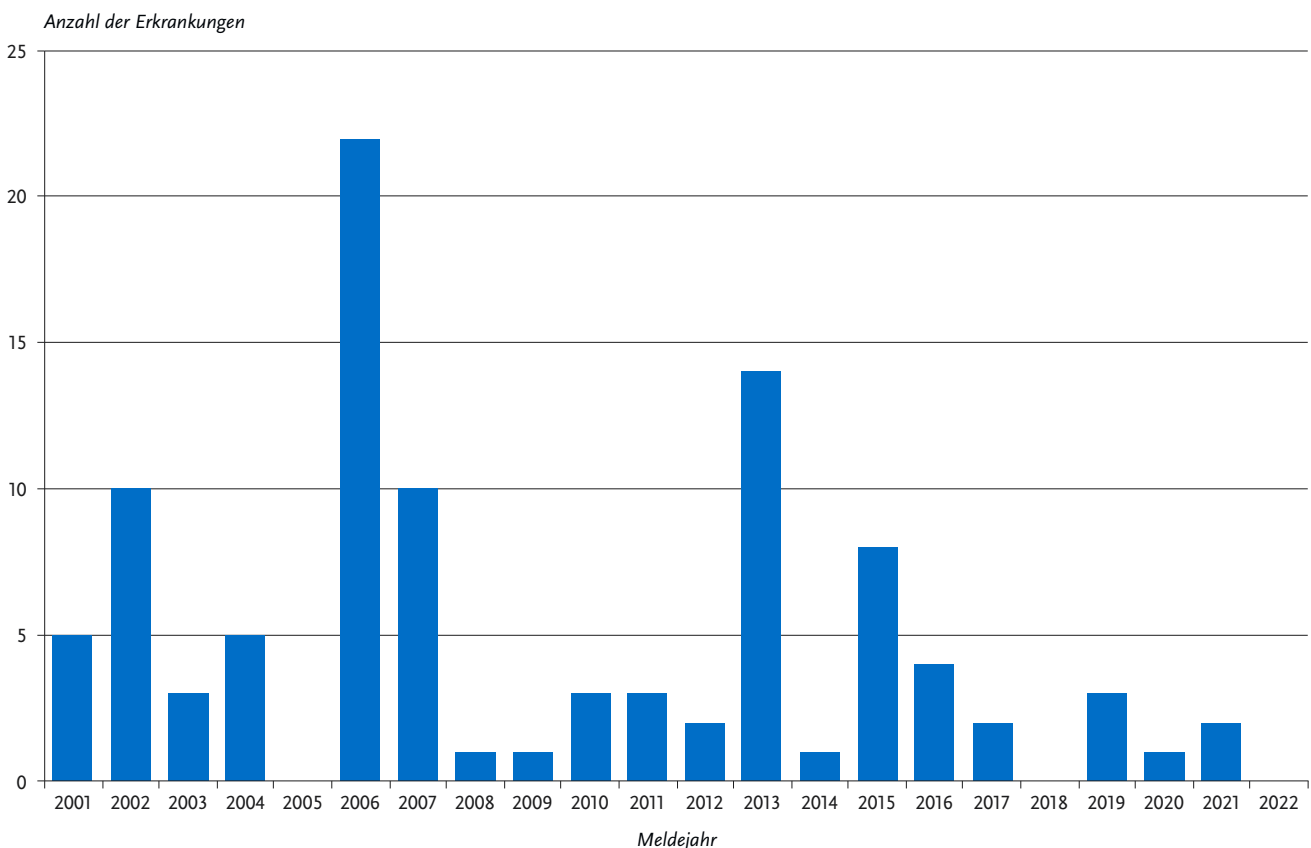
Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden keine Fälle von Trichinellose übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.58.1).

Literaturhinweise

- Franssen F, Takumi K, van der Giessen J, Swart A: *Assessing the risk of human trichinellosis from pigs kept under controlled and non-controlled housing in Europe*. Food Waterborn Parasitol 2018. <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2018.04.003>
- Faber M, Schink S, Mayer-Scholl A, et al.: *Outbreak of trichinellosis due to wild boar meat and evaluation of the effectiveness of post exposure prophylaxis, Germany, 2013*. Clin Infect Dis 2015; 60:e98 – e104. RKI-Ratgeber (2013). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.58.1: Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



6.59 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 4.076
- ▶ Leichter Anstieg der Fallzahlen (+3,5 %) im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei jungen Erwachsenen – insbesondere Männern – im Alter zwischen 25 und 29 Jahren
- ▶ Tuberkulose im Kindesalter (190 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (157 Fälle) angestiegen
- ▶ Lungentuberkulosen machen rund drei Viertel der Erkrankungen aus, davon etwa 84 % als offene (infektiöse) Form
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2021 liegt bei 76,8 % und ist gegenüber 2020 (78,6 %) gesunken. WHO-Ziel (90 % Behandlungserfolg) wird nicht erreicht

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium (M.) tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist zur Unterbrechung von Infektionsketten eine frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberkulose (infektiöse Form) entwickelt, sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie von besonderer Bedeutung.

Initial geht die Erkrankung häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einher. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich. Tuberkulose ist in der Regel medikamentös heilbar, unbehandelt ist die Krankheit jedoch durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, welche die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.59.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden dem RKI 4.076 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 4,9 Erkrankungen pro

100.000 Einwohner (2021: 3.939 Fälle; 4,7 Erkr/100.000 Einw.). Nach einem seit 2008 beobachteten Plateau mit weitgehend stabilen Erkrankungsanzahlen von jährlich rund 4.200 bis 4.500 Fällen, waren sie in den Jahren 2015 und 2016 auf rund 6.000 Fälle deutlich angestiegen (Abb. 6.59.1). In den Jahren 2017 und 2018 wurden dann mit jeweils rund 5.500 Fällen wieder geringere Zahlen registriert, bevor 2019 und auch 2020 ein weiterer deutlicher Rückgang von jeweils mehr als 12 % beobachtet werden konnte. Im Jahr 2021 fiel der Rückgang mit minus 6 % deutlich geringer aus und für das Jahr 2022 zeigt sich erstmals seit 2016 wieder ein leichter Anstieg von 3,5 % im Vergleich zum Vorjahr (s. Abb. 6.59.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2022 in fast allen Bundesländern – zum Teil deutlich – geringer als der Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.59.2). In Thüringen ist die Inzidenz mit 3,2 Erkr/100.000 Einw. auf niedrigem Niveau unverändert geblieben. Eine nennenswerte Zunahme der Inzidenz wurde jedoch in Brandenburg (5,2) und in Bremen (9,2) beobachtet. Zusammen mit Berlin (8,9) und Hamburg (8,5) finden sich hier bundesweit die höchsten Inzidenzen. Auch die Bundesländer Hessen (6,8) und Nordrhein-Westfalen (5,2) liegen 2022 über der bundesweiten Inzidenz von 4,9. Das Bundesland mit der mit Abstand niedrigsten Inzidenz ist Mecklenburg-Vorpommern (2,4).

Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 190 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (157) erhöht. Insgesamt erkrankten etwas mehr Jungen (106) als Mädchen (83). Für ein Kind lagen keine Angaben zum Geschlecht vor. Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,6 Erkr/100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war bei Kindern die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen zu verzeichnen (2,2; 86 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 25 und 29 Jahren (10,7 Erkr/100.000 Einw. [Männer: 13,8; Frauen: 7,2]), wobei die Inzidenz in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen mit 9,1 Erkr/100.000 Einw. (Männer: 11,8; Frauen 6,0) ein ebenfalls hohes Niveau erreichte (s. Abb. 6.59.3). Während die Inzidenz in den nachfolgenden Altersgruppen bis 69 Jahre kontinuierlich sank, ließ sich ab der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen wieder ein langsamer Anstieg der Inzidenz beobachten mit einem weiteren, wenngleich deutlich kleineren Gipfel in der Gruppe der über 79-Jährigen (4,5 Erkr./100.000 Einw. [Männer 6,6; Frauen 3,1]).

Tab. 6.59.1: Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	746	19 %	804	19 %
klinisch-epidemiologisch (B)	40	1 %	63	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.153	78 %	3.209	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	83	2 %	148	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	6	0 %	38	1 %
alle	4.028	100 %	4.262	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	3.939	98 %	4.076	96 %

Abb. 6.59.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2022

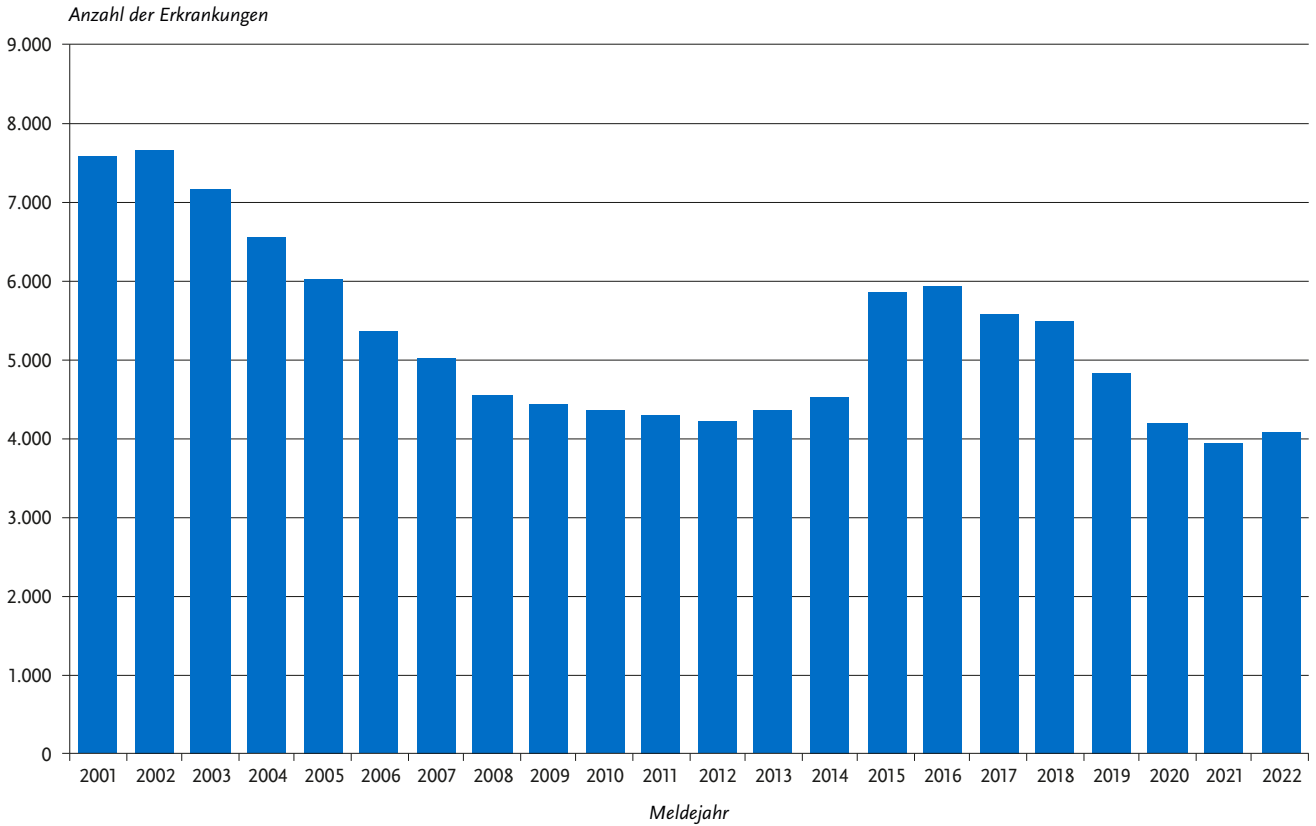


Abb. 6.59.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=4.076) im Vergleich mit den Vorjahren

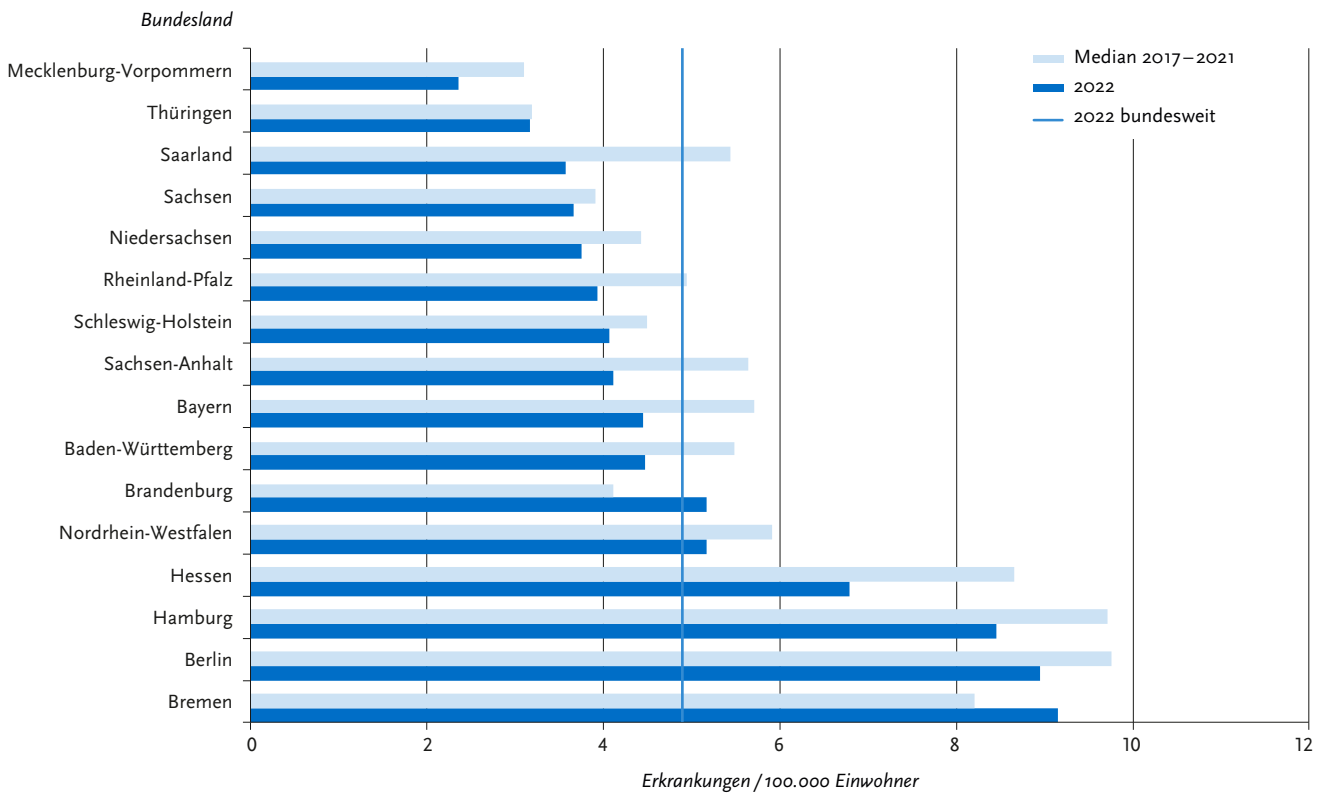
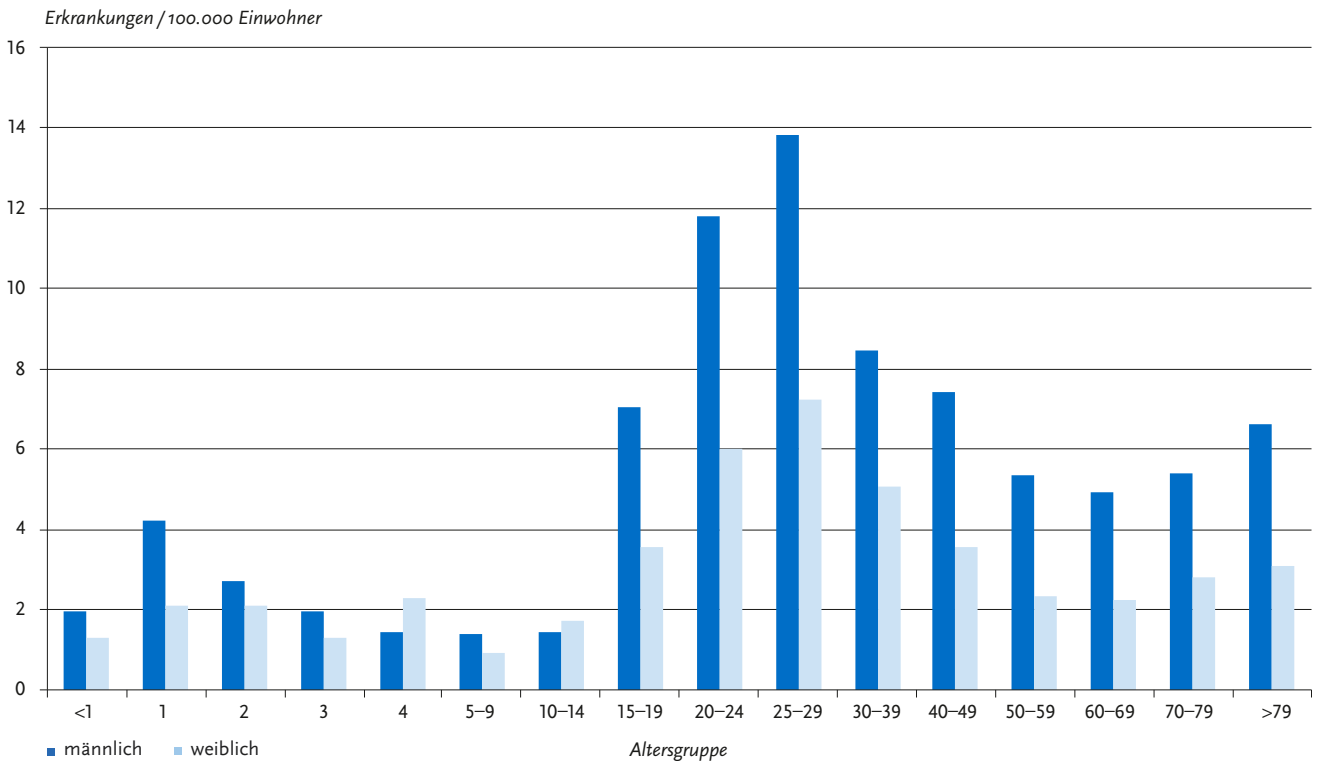


Abb. 6.59.3:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=4.069)



Insgesamt betrug die Inzidenz bei männlichen Personen 6,5 Erkr/100.000 Einw. und war damit fast doppelt so hoch wie bei weiblichen Personen (3,3). Ab dem 15. Lebensjahr erkrankten Männer in allen Altersgruppen deutlich häufiger an einer Tuberkulose als Frauen (s. Abb. 6.59.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.449 (85 %) der 4.076 Fälle übermittelt. Für 627 Fälle (15 %) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *Mycobacterium* (*M.*)-*tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 2.589 (75 %) der 3.449 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 96,7 % (2.504 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. bovis* wurde bei 43 Erkrankten (1,7 %) angegeben; *M. africanum* wurde 41-mal (1,6 %), und *M. canetti* einmal genannt. Infektionen mit *M. microti* und *M. pinnipedii* wurden im Jahr 2022 nicht registriert.

Für 860 (25 %) der 3.449 Erkrankungen mit Erregerangabe wurde lediglich die Angabe »*Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Im Jahr 2022 wurden 166 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2021 waren es 77 Fälle).

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 76,1 % (3.042 von 3.995 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 23,9 % der Erkrankungen (953). Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 12,5 % der Erkrankun-

gen (500) am häufigsten betroffen und verteilten sich mit 8,0 % (319 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 4,5 % (181 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten. Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen, d. h. bakteriologisch bestätigten Form 84,4 % (2.567 von 3.042 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 60,6 % (1.556 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 15,6 % (475 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 116 von 4.046 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,9 %, wobei diese in der Altersgruppe der über 79-Jährigen mit 10,3 % (28 Todesfälle) am höchsten war. Bei Kindern wurde ein Todesfall in der Altersgruppe der < 1-Jährigen registriert.

Ausbrüche

Für das Jahr 2022 wurden 33 Ausbrüche mit insgesamt 84 Erkrankungen übermittelt. Eine Häufung umfasste 6 Fälle. Hierbei handelte es sich nach Angaben des zuständigen Gesundheitsamtes um eine familiäre Häufung in einem Privathaushalt. Eine weitere Häufung war mit 5 Erkrankungen assoziiert. Auch hier wurde als Infektionsumfeld der private Haushalt genannt. Bei den anderen 31 Ausbrüchen (mit insgesamt 73 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen, die meist im familiären Umfeld aufgetreten waren. Aufgrund von Nachmeldungen wurde die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2021 übermittelt wurden, von ursprünglich 31 mit insgesamt 81 Erkrankungsfällen (Datenstand: 15.03.2022) auf nunmehr 37 Ausbrüche mit insgesamt 98 Erkrankungsfällen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2021

Die folgenden Angaben gelten für das Jahr 2021. Entsprechende Daten für 2022 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für 3.359 der 3.939 im Jahr 2021 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (85,3 %) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 2.581 Erkrankte (76,8 %) übermittelt und ist damit im Vergleich zu 2020 (2.687 erfolgreich behandelte Fälle; 78,6 % zum damaligen Stichtag 15.3.2022) gesunken. Somit wurde die Zielsetzung der WHO, die einen 90 %-igen Behandlungserfolg vorsieht, erneut nicht erreicht.

In 136 Fällen (4,0 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 170 Erkrankte (5,1 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 106 Erkrankungen (3,2 %) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Ein Versagen der Behandlung wurde für 4 der im Jahr 2021 registrierten Fälle übermittelt. Insgesamt 362 Erkrankte (10,8 %) waren vor Beginn oder während der Behandlung an der Tuberkulose (137 Fälle; 4,1 %) oder an anderen Ursachen (225 Fälle; 6,7 %) verstorben.

Datenqualität

Das Behandlungsergebnis wird nach internationaler Vereinbarung frühestens 12 Monate nach Abschluss des Meldejahres ausgewertet. Aus diesem Grund können die bundesweiten Daten für das Behandlungsergebnis jeweils erst mit einer entsprechenden zeitlichen Verzögerung publiziert werden.

Der Anteil sowie auch die absolute Zahl von Fällen, welche die Referenzdefinition nicht erfüllen, hat sich mit 4 % (186 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (2 %; 89 Fälle) in etwa verdoppelt. Dies kann verschiedene Gründe haben und ist vermutlich auch der nach wie vor hohen Arbeitsbelastung in den Gesundheitsämtern geschuldet, so dass angesichts knapper Ressourcen nicht in allen Fällen die erforderlichen Daten erhoben und übermittelt werden konnten. Diesem Trend einer nachlassenden Datenqualität, der bereits im Vorjahr zu beobachten war, gilt es durch einen adäquat ausgestatteten öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) entgegenzuwirken. Denn eine gute Datenqualität und -vollständigkeit stellt die unverzichtbare Basis für eine aussagekräftige Surveillance dar.

Fazit

Die Entwicklung der Tuberkulose-Zahlen war in jüngster Vergangenheit durch eine hohe Dynamik geprägt. Nachdem die Erkrankungszahlen in Deutschland in den Jahren 2015 und 2016 migrationsbedingt stark angestiegen waren, wurde im weiteren Verlauf ein – zum Teil deutlicher – Rückgang beobachtet. So wurden 2021 die bislang niedrigsten Zahlen seit Einführung des IfSG registriert. In welchem Ausmaß dabei auch die COVID-19-Pandemie eine Rolle gespielt hat, lässt sich auf Basis der Meldedaten allerdings nur schwer einschätzen. Für das Jahr 2022 zeigt sich im Vergleich zum Vorjahr erstmals seit 2016 wieder ein leichter Anstieg der Fallzahl und der Inzidenz. Diese aktuelle Entwicklung dürfte dabei vor allem mit den Folgen des Kriegsgeschehens in der Ukraine in Zusammenhang stehen, da viele aus der Ukraine geflüchtete Menschen auch in Deutschland Schutz suchten. Diese haben aufgrund der höhe-

ren Tuberkuloseprävalenz in ihrem Heimatland meist ein höheres Infektions- und Erkrankungsrisiko, als in Deutschland lebende Menschen.

Vor dem Hintergrund der Tuberkulose-Endstrategie der WHO, die für Niedriginzidenzländer wie Deutschland bis zum Jahr 2035 die Senkung der Inzidenz auf unter einen Fall pro 100.000 Einwohner vorsieht, wäre eine jährliche Abnahme der Inzidenz von mehr als 10 % notwendig. Davon ist Deutschland gegenwärtig jedoch weit entfernt. Die derzeitige epidemiologische Situation ist vielschichtig und wird durch globale Krisen und den damit verbundenen Migrationsbewegungen aus Tuberkulose-Hochrisikogebieten oder aus Gebieten mit einem hohem Anteil von MDR-TB sowie durch die demografische Entwicklung in der Bevölkerung beeinflusst. Um das Ziel der WHO zu erreichen, bedarf es weiterer intensiver Anstrengungen.

Der hohe und in den vergangenen Jahren kontinuierlich gestiegene Anteil offener und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, wie wichtig Kontaktpersonennachverfolgungen inklusive der präventiven Behandlung infizierter Personen (bzw. Chemoprophylaxe exponierter Kinder < 5 Jahren) sind. Diese Maßnahmen sind notwendig, um Folgeerkrankungen frühzeitig zu erkennen bzw. zu verhindern und weitere Übertragungen zu unterbinden.

Aufgrund der besonderen Vulnerabilität von Kindern, und da Erkrankungen im Kindesalter als Indikator für aktuelle Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose stets einer erhöhten Aufmerksamkeit. Dies gilt insbesondere auch angesichts der aktuell gestiegenen Zahl an Kindertuberkulosen.

Von großer Relevanz sind auch die Anstrengungen zur Verbesserung des Behandlungsergebnisses. Das verdeutlicht insbesondere der vergleichsweise niedrige Anteil von erfolgreich Behandelten, der im Vergleich zum Vorjahr erneut von 78,6 % auf 76,8 % gesunken ist und damit nach wie vor – insbesondere bei älteren Menschen – unter dem von der WHO angestrebten Behandlungsziel von 90 % bleibt. Eine erfolgreich abgeschlossene Behandlung ist entscheidend für die Genesung der Erkrankten, die Vermeidung der Entwicklung resistenter Bakterienstämme sowie für den Infektionsschutz der Bevölkerung.

Für eine effektive Tuberkulosekontrolle sind moderne Nachweismethoden notwendig, die eine frühzeitige Diagnose – vor allem auch der resistenten Tuberkulose – erlauben, sowie eine abgestimmte und vollständige Therapie. Zunehmend wichtig ist dabei auch der Focus auf besonders tuberkulosegefährdete Personengruppen, wie beispielsweise geflüchtete Menschen. Diese sind zielgruppen- und bedarfsorientiert präventiv, diagnostisch und therapeutisch zu adressieren und zu versorgen.

Auch die konsequente Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Infektionsprävention der Tuberkulose ist von entscheidender Bedeutung, um Infektionsketten frühzeitig zu erkennen und zu unterbrechen.

Ein wichtiger Pfeiler für eine erfolgreiche Tuberkulosekontrolle ist nicht zuletzt auch eine gut etablierte Tuberkulose-Surveillance, die es erlaubt, aktuelle Entwicklungen im epidemiologischen Geschehen und eventuelle Handlungsbedarfe frühzeitig zu erkennen.

Essenzielle Voraussetzung für die Umsetzung der erforderlichen Maßnahmen und Strategien ist dabei ein adäquat ausgestatteter ÖGD sowie die koordinierte Zusammenarbeit aller Beteiligten im Gesundheitswesen.

Literaturhinweise

- ECDC (2022): *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2022 – 2020 data*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tuberculosis-surveillance-and-monitoring-europe-2022-2020-data>
- WHO (2022): *Global tuberculosis report 2022*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240061729>
- Deutsches Zentralkomitee zur Bekämpfung der Tuberkulose: *Informationen für Ärzte (inkl. nationaler Empfehlungen und Leitlinien), Patienten und Laien*. www.dzk-tuberkulose.de
- Brodhuhn B, Altmann D, Hauer B, Kröger S, Haas W (2023): *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2021*. <https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Download/TB2021.pdf>
- Kröger S: *Welttuberkulosekongress 2023: Yes! We can end TB!* *Epid Bull* 2023; 11:3–5. <https://doi.org/10.25646/11208>
- Hauer B, Kröger S, Haas W, Brodhuhn B: *Tuberkulose bei Patientinnen und Patienten mit Geburtsland Ukraine in Deutschland im Jahr 2022*. *Epid Bull* 2023; 11:6–19. <https://doi.org/10.25646/11183>
- Witte P: *Aktualisierung der DZK-Empfehlungen zur Infektionsprävention bei Tuberkulose*. *Epid Bull* 2023; 11:20.22. <https://doi.org/10.25646/11177>
- Breuer C: *Welttuberkulosekongress 2022: Tuberkulosebekämpfung während der COVID-19-Pandemie*. *Epid Bull* 2022; 11:3–6. <https://doi.org/10.25646/9748>
- RKI-Ratgeber (2023). www.rki.de/ratgeber

6.60 Tularämie

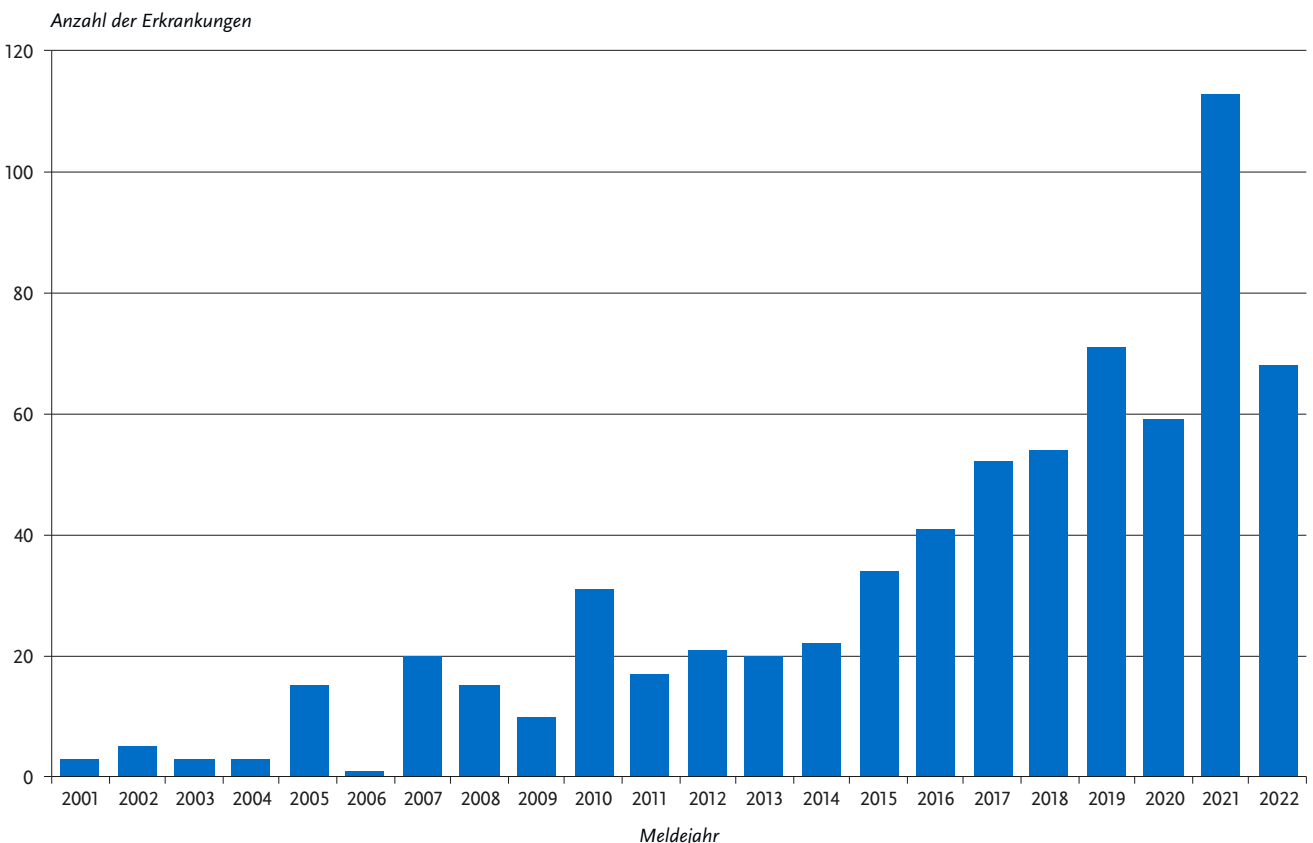
Kurzbeschreibung

Die Tularämie, auch Hasenpest genannt, wird durch das Bakterium *Francisella tularensis* hervorgerufen. Die Infektion kann durch Haut- oder Schleimhautkontakt mit infektiösem Tiermaterial (z. B. beim Abhäuten), durch Verzehr von nicht ausreichend erhitztem kontaminierten Fleisch (Hasen), anderen Lebensmitteln oder durch Aufnahme von kontaminiertem Wasser, durch Inhalation von infektiösem Staub (aus Erde, Stroh oder Heu), Kontakt mit kontaminierten blutsaugenden Parasiten (Zecken, Mücken, Fliegen) oder beim Umgang mit den Erregern im Labor erfolgen. Das Krankheitsbild hängt unter anderem von der Eintrittspforte des Erregers ab und kann sehr verschiedenartig sein (z. B. Geschwür an der Eintrittsstelle, vergrößerte Lymphknoten, Lungenentzündung). Ohne antibiotische Behandlung kann die Sterblichkeit über 30 % betragen. Bei Infektionen mit dem in Europa auftretenden Subtyp *holarctica* kommt es oft zur Spontanheilung; Todesfälle sind, auch ohne Behandlung, bei Infektionen durch diesen Subtyp sehr selten.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 68 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr sind die Fallzahlen damit deutlich geringer, jedoch im längerfristigen Vergleich immer noch auf einem hohen Niveau (s. Abb. 6.60.1). Die Erkrankten kamen aus 9 Bundesländern, wobei zusammen 41 Erkrankungen (60 %) aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 45 von 48 (94 %) Erkrankungen mit Angaben zum

Abb. 6.60.1: Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



wahrscheinlichen Infektionsland wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils eine Erkrankung Ägypten, Kroatien und Österreich. Im Jahr 2022 waren 38 Erkrankte männlichen und 30 Erkrankte weiblichen Geschlechts aller Altersgruppen betroffen. Es wurde ein Ausbruch mit 3 Fällen übermittelt.

Im Jahr 2022 wurde ein Todesfall als Folge einer Tularämie übermittelt.

Literaturhinweise

- Böhm S, vom Berge K, Hierhammer D, et al.: *Epidemiological investigation of a tularaemia outbreak after a hare hunt in Bavaria, Germany*, 2018. *Zoonoses Public Health* 2021. <https://doi.org/10.1111/zph.12899>
- Appelt S, Faber M, Köppen K, et al.: *Francisella tularensis Subspecies holarctica and Tularaemia in Germany*. *Microorganisms* 2020. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091448>
- Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularaemia in Germany – a re-emerging zoonosis*. *Front Cell Infect Microbiol* 2018. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00040>
- Kuehn A, Schulze C, Kutzer P, et al.: *Tularaemia seroprevalence of captured and wild animals in Germany: the fox (Vulpes vulpes) as a biological indicator*. *Epidemiol Infect* 2013. <https://doi.org/10.1017/S0950268812001008>
- RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. *Epid Bull* 2015; 46:491 – 492.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

6.61 Typhus abdominalis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 46
- ▶ Erstmalsiger Wiederanstieg der übermittelten Erkrankungen seit Beginn der COVID-19-Pandemie
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Ungeimpften
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen: 2 bis 69 Jahre

Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes

Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Infizierten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.61.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 46 Erkrankungen übermittelt. Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen hat sich damit im Vergleich zum Vorjahr um mehr als 2,5-fach erhöht, lag aber weiterhin unter dem Niveau der Jahre vor der COVID-19-Pandemie (s. Abb. 6.61.1). In den Jahren 2020 und 2021 wurden -vermutlich überwiegend durch die eingeschränkte (Fern-) Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie- deutlich weniger Erkrankungen übermittelt. Die meisten übermittelten Erkrankungen (10) wurden im September gemeldet.

Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz lag unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden aus den 11 Bundesländern Baden-Württemberg (13), Bayern (8), Nordrhein-Westfalen (7), Hessen (6), Hamburg (4), Schleswig-Holstein (3), Brandenburg, Berlin, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt, (je ein Fall) übermittelt. Für 42 Erkrankungen lagen 48 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Die häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer waren Indien (23), Pakistan (7) und Mexiko (6).

Demografische Verteilung

Von den 45 Erkrankungen mit Angaben betrafen 17 weibliche und 28 männliche Personen im Alter zwischen 2 und 69 Jahren (Median 28,5 Jahre). Die höchsten Inzidenzen betrafen die Altersgruppen der 15-bis 19-Jährigen und der 25-bis 29-Jährigen.

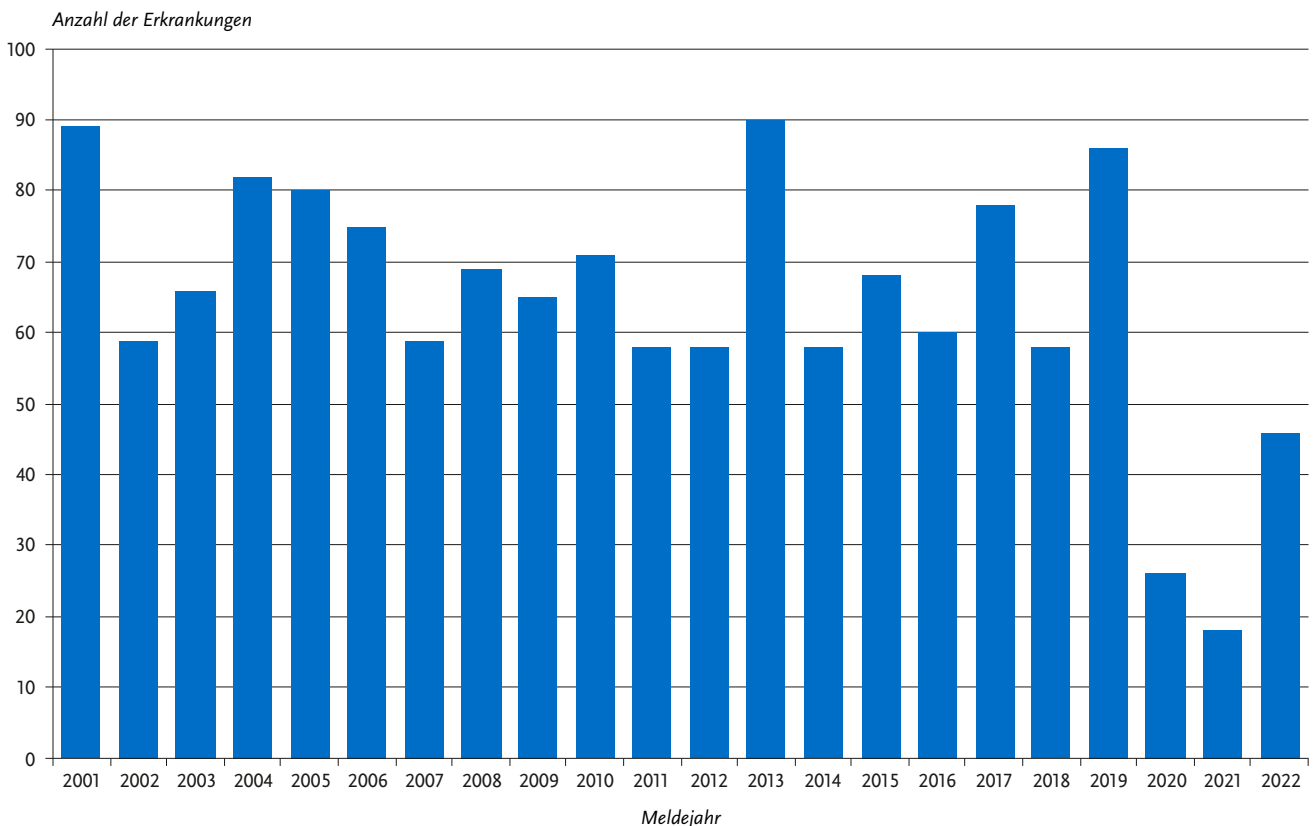
Klinische Aspekte

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (98 %), gefolgt von Durchfall (83 %), Bauchschmerzen (59 %), Kopfschmerzen (37 %) und Husten (15 %). Es wurde ein Ausbruch mit 2 Erkrankungen und keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Tab. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	18	82 %	45	82 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	18 %	8	15 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	1	2 %
alle	22	100 %	55	100 %
Referenzdefinition (B+C)	18	82 %	46	84 %

Abb. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



Impfstatus

Für 34 (74 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen war eine Person gegen Typhus geimpft.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Ungeimpften. Der Wiederanstieg der übermittelten Erkrankungen ist vermutlich durch eine Wiederzunahme der (Fern-)Reiseaktivität zurückzuführen, die während der COVID-19-Pandemie eingeschränkt war.

Literaturhinweise

- ECDC/EFSA (2017): Multicountry outbreak of new *Salmonella enterica* 11:z41:e, n, z15 infections associated with sesame seeds – 13 June 2017. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-multi-country-outbreak-new-salmonella-enterica>
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2023; 14:1–194. <https://doi.org/10.25646/11201>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020. *Epid Bull* 2021; 48:42–43. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI: Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) *Salmonella* Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan. *Epid Bull* 2019; 30:285.
- RKI-Ratgeber (2019) www.rki.de/ratgeber

6.62 Virale Hämorrhagische Fieber

Lassafieber

Kurzbeschreibung

Das Lassavirus gehört in die Familie der Arenaviren. Lassafieber kommt natürlicherweise nur in Westafrika vor, wo sich in manchen Regionen bei der Hälfte der Bevölkerung Antikörper nachweisen lassen. Das tierische Reservoir ist ein Nagetier. Die Übertragung erfolgt in der Regel durch Kontakt mit infektiösen Tierausscheidungen oder Körperflüssigkeiten von infizierten Personen. Die Mehrzahl der Erkrankungen verläuft relativ mild mit grippeähnlichen Symptomen. Bei jedem fünften Infizierten kommt es allerdings zu schweren Verläufen mit einer Gesamtsterblichkeit von etwa 15 %.

In Europa werden vereinzelt reiseassoziierte Infektionen diagnostiziert, und Lassafieber sollte bei unklaren fieberhaften Erkrankungen nach Aufenthalt im afrikanischen Endemiegebiet in der Differentialdiagnose beachtet werden. Ausgehend von solchen Fällen sind Folgeinfektionen im nosokomialen oder familiären Umfeld möglich, aber selten: 2016 kam es in Deutschland zu einer solchen Übertragung, Anfang 2022 im Vereinigten Königreich.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt.

Zuletzt wurden in Deutschland 2 Lassafieber-Erkrankungen im Jahr 2016 gemeldet: ein Patient, der zur medizinischen Behandlung aus Togo eingeflogen wurde und wenige Stunden nach Ankunft verstarb, sowie ein in Deutschland infizierter Sekundärfall, der die Erkrankung überlebte.

Ebola- und Marburgfieber**Kurzbeschreibung**

Ebola- und Marburgviren bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentral- und vereinzelt auch in Westafrika. Sie können beim Menschen zu schweren, fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen führen. Bei den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Ausbrüche entstehen in der Regel durch eine oder einige wenige Infektionen beim Menschen durch Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen. Die weitere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten und führt zu größeren Ausbrüchen (= kein endemisches Auftreten). Mittlerweile stehen spezifische Therapeutika und Impfstoffe (gegen Ebolavirus) zur Verfügung, die bei den letzten Ausbrüchen (z. B. Demokratische Republik Kongo 2018–2020, Guinea 2021), verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Zaire, erfolgreich eingesetzt wurden. Im Osten der Demokratischen Republik Kongo gab es 2022 eine einzelne genotypisch noch zu einem früheren Ausbruch gehörenden Erkrankung, im Westen des Landes einen kleinen Ausbruch von 5 Fällen (beide durch die Ebolavirus-Spezies Zaire). In Uganda gab es 2022 einen Ausbruch verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Sudan.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden dem RKI keine Ebolafieber- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2014 wurden im Zusammenhang mit dem Ausbruch in Westafrika 3 Ebolafieber-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um internationales medizinisches Personal nicht-deutscher Staatsangehörigkeit, welches sich in Westafrika mit dem Ebolavirus infiziert hatte und zur medizinischen Behandlung nach Deutschland evakuiert worden war.

Gelbfieber**Kurzbeschreibung**

Das Gelbfiebervirus gehört in die Familie der Flaviviren und ist im tropischen Afrika sowie im tropischen Südamerika endemisch verbreitet. Es wird durch Mücken übertragen. Die Krankheit ist durch hohes Fieber, Muskel-, Rücken- und Kopfschmerzen gekennzeichnet. Bei schweren Verläufen kommt es zu einer Leberentzündung mit Gelbsucht, Schädigung verschiedener Organe sowie inneren und äußeren Blutungen (Hämorrhagien). Die Sterblichkeit kann dann 60 bis 70 % betragen. Es gibt eine wirksame Impfung. Zuletzt kam es 2016 in Afrika (in Angola und der Demokratischen Republik Kongo) und ab 2016 in Südamerika (insbesondere in Brasilien) zu großen Ausbrüchen, die auch einzelne Reisende aus Europa betrafen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden dem RKI keine Gelbfieber-Erkrankungen übermittelt. Zum ersten Mal seit 2001 waren dem RKI 2018 Gelbfieberfälle übermittelt worden: 2 reiseassoziierte Infektionen nach Brasilienaufenthalt und eine Impfreaktion. 2020 wurde eine Impfreaktion, die die Referenzdefinition erfüllte, übermittelt.

Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber**Kurzbeschreibung**

Das Krim-Kongo-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Eine Infektion mit diesem Virus ruft eine Erkrankung hervor, die häufig als hämorrhagisches Fieber verläuft. Die Erkrankung ist nach kurzer Inkubationszeit von einem bis maximal 12 Tagen hauptsächlich durch hohes Fieber charakterisiert. Hämorrhagische Verläufe gehen meist mit Leberschäden einher und sind nicht selten tödlich. *Hyalomma*-Zecken sind für das Virus zugleich Reservoir und Vektor. Eine Virusvermehrung findet in verschiedenen Wild- und Nutztieren statt. In Endemiegebieten infiziert sich der Mensch häufig durch engen Kontakt zu Nutztieren und (ungenügend erhitzten) Tierprodukten. Eine Übertragung durch Zeckenstich ist ebenfalls typisch. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen betreffen vor allem medizinisches Personal mit engem Kontakt zu Erkrankten (Blut, andere Körperflüssigkeiten). Endemiegebiete umfassen Teile Afrikas und Asiens (z. B. Naher Osten, Kleinasien) sowie Regionen in Südost-Europa und zuletzt auch Zentral-Spanien.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde dem RKI keine Erkrankung an Krim-Kongo-Hämorrhagischem-Fieber übermittelt.

Zwei Krim-Kongo-Virus-Infektionen wurden im Jahr 2009 übermittelt. Ein Erkrankter war ein US-Soldat, der sich in Afghanistan infiziert hatte und verstarb; ein in der Türkei infizierter Mann überlebte.

Rift-Valley-Fieber**Kurzbeschreibung**

Das Rift-Valley-Fieber-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Die Erkrankung tritt meist in Ostafrika und im arabischen Raum auf. Das Virus ist hochpathogen für Rinder, Schafe und Ziegen und wird bei Tieren vor allem durch Mücken übertragen. Infektionen des Menschen treten meist im Zusammenhang mit Tiererepidemien auf. Beim Menschen kann das Virus außer durch Vektoren auch durch kontaminierte Aerosole oder direkten Kontakt zu infizierten Tieren sowie (ungenügend erhitzten) tierischen Lebensmitteln übertragen werden. Die Inkubationszeit beträgt 3 bis 7 Tage. Zumeist verläuft das Rift-Valley-Fieber beim Menschen als unspezifische febrile Erkrankung, begleitet von Kopf- und Muskelschmerzen. Bei etwa 10 % der Erkrankten kommt es zu Läsionen der Retina, was eine permanente Einschränkung des Sehvermögens zur Folge haben kann. Bei jeweils etwa 1 % der Erkrankten ist mit einem fulminanten, häufig tödlichen hämorrhagischen Verlauf mit Hepatitis bzw. einer schweren Enzephalitis zu rechnen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurde dem RKI keine Rift-Valley-Fieber-Erkrankung übermittelt.

Zuletzt wurde im Jahr 2008 eine asymptomatische Infektion mit Rift-Valley-Fieber-Virus als Ko-Infektion zu einer letalen Hepatitis-A-Virus-Infektion übermittelt. Die Infektion wurde wahrscheinlich in Kenia erworben.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Lorenzo Juanes HM, Carbonell C, Sendra BF, et al.: *Criméan-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013–2021*. Emerg Infect Dis 2023. <https://doi.org/10.3201/eid2902.220677>
- Njuguna C, Vandi M, Liyosi E, et al.: *A challenging response to a Lassa fever outbreak in a non endemic area of Sierra Leone in 2019 with export of cases to The Netherlands*. Int J Infect Dis 2022. <https://doi.org/10.3201/eid2902.220677>
- Overbosch F, de Boer M, Veldkamp KE, et al.: *Public health response to two imported, epidemiologically related cases of Lassa fever in the Netherlands (ex Sierra Leone), November 2019*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.15.2000265>
- Hunger I, Becker S, Frank C, et al.: *Vier Jahre nach der Ebolakrise – Herausforderungen und Schlussfolgerungen für den Öffentlichen Gesundheitsdienst in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2019; 62:1041–1051.
- Kofman A, Choi MJ, Rollin PE: *Lassa fever in travelers from West Africa, 1969–2016*. Emerg Infect Dis 2019. <https://doi.org/10.3201/eid2502.180836>
- Gossner CM, Haussig JM, de Bellegarde de Saint Lary C, Kaasik Aaslav K, Schlagenhaut P, Sudre B: *Increased risk of yellow fever infections among unvaccinated European travellers due to ongoing outbreak in Brazil, July 2017 to March 2018*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.11.18-00106>
- Ehlkes L, George M, Samosny G, et al.: *Management of a Lassa fever outbreak, Rhineland-Palatinate, Germany, 2016*. Euro Surveill 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.16-00728>
- Lehmann C, Kochanek M, Abdulla D, et al.: *Control measures following a case of imported Lassa fever from Togo, North Rhine Westphalia, Germany, 2016*. Euro Surveill 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00088>
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48. <https://doi.org/10.25646/9319>
- Boecken G: *Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt*. Epid Bull 2018; 15:147. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-019>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.63 West-Nil-Virus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Das West-Nil-Virus (WNV, Flavivirus) wird von *Culex*- und anderen Mückenspezies übertragen. Das Reservoir der Infektion sind Stechmücken, Hauptwirte sind Vögel, die durch Mückenstiche infiziert werden. Menschen und Pferde gelten als Fehlwirte, die zwar erkranken können, aber das Virus nicht wieder an Mücken weitergeben. WNV verursacht bei ca. 20 % der infizierten Menschen Symptome, hauptsächlich Fieber. Unter 1 % der Infizierten, vor allem ältere oder immunschwache Personen, entwickeln ein neuroinvasives Krankheitsbild, welches mit einer substanziellen Letalität verbunden ist. Nach einer ersten autochthonen WNV-Infektion in Deutschland im Jahr 2018 (ein Tierarzt, vermutlich durch Kontakt zu einem an WNV-

verendeten Vogel infiziert), wurden 2019 insgesamt 5, 2020 insgesamt 22 Infektionen (20 Erkrankungen und 2 asymptomatische Infektionen) und 2021 insgesamt 3 Infektionen autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche. WNV ist sehr eng mit dem Usutu-Virus verwandt. In der Labor Diagnostik kommt es zu relevanten Kreuzreaktionen zwischen WNV, Usutu- und teilweise auch anderen Flaviviren.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden 15 WNV-Infektionen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 19 und 87 Jahre alt (Median: 55 Jahre), 7 waren weiblich (47 %, 2020: 24 %, 2021: 60 %). Bei 7 Fällen (47 %) wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt (2020: 33 %, 2021: 40 %). Todesfälle wurden nicht übermittelt.

Die Infektionen von 2 im August nicht-neuroinvasiv erkrankten Personen (je eine aus Nordrhein-Westfalen und Sachsen) waren reiseassoziiert, jeweils nach Aufenthalt in Italien. Die anderen 13 Personen hatten sich in Deutschland infiziert, davon eine Person mutmaßlich nicht durch Mückenstich, sondern im Rahmen einer Obduktion eines infizierten Vogels. Fünf der autochthonen Fälle wohnten in Berlin, 4 in Sachsen-Anhalt, 3 in Sachsen und einer in Brandenburg. Der Infektionsort wurde jeweils im Heimatkreis oder direkter Nachbarschaft dazu vermutet. Die 11 betroffenen Personen mit bekanntem Erkrankungsbeginn erkrankten in der großen Mehrheit im August, ein Fall schon im Juli und 2 Fälle Ende September/Anfang Oktober.

Für die 13 autochthonen Fälle wurde ein höherer Grad an labor diagnostischer Bestätigung gefordert, um falsch-positive Befunde aufgrund von Kreuzreaktivitäten in der Serologie (z. B. mit dem Usutu- oder FSME-Virus) auszuschließen: durch den Nachweis spezifischer viraler RNA durch PCR oder Sequenzierung (z. B. aus Serum der Akutphase oder Liquor/Urin später in der Erkrankung), durch Neutralisationstest oder WNV-Serologie unter Ausschluss anderer Flaviviren.

Fünf der Fälle wurden im Rahmen der Testung von Blutspendenden entdeckt und entwickelten offenbar im Nachgang der Spende Symptome. Es wurden aber zusätzlich noch 4 weitere völlig asymptomatische Infektionen durch die Blutspendende entdeckt, die nicht die Referenzdefinition erfüllen: zwei in Sachsen-Anhalt und je eine in Sachsen und Bayern. Weitere 10 initial in der WNV-Testung positive Blut- oder Plasmaspendenden hatten eine Usutu-Virus-Infektion (siehe Kapitel 6.03.). Andere Verdachtsfälle aus der Blutspendende bestätigt sich nicht. Darunter, wie im Vorjahr, eine Person mit einer kurz zuvor erfolgten Impfung gegen Japanische Enzephalitis, eine Infektion verursacht durch ein verwandtes Flavivirus.

Fast alle bestätigten autochthonen WNV-Infektionen 2022 oder den Vorjahren wurden in Gebieten mit WNV-Nachweisen bei Vögeln oder Pferden gemeldet (vgl. WNV-Seite des Friedrich-Loeffler-Institutes: <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/west-nil-virus/>). Zwei Fälle wohnten in Kreisen ohne vorherige Nachweise bei Tieren, diese Landkreise sind benachbart zu Landkreisen mit Nachweisen bei Tieren. Der in Bayern wohnhafte Fall war kurz zuvor durch das bekannte Endemiegebiet gereist, wo er sich wahrscheinlich infizierte.

Es ist auch weiterhin von einer Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe von WNV-Infektionen auszugehen:

Hinter jeder diagnostizierten neuroinvasiven Infektion stehen circa 80 asymptomatische und 20 Infektionen mit nur leichter Symptomatik.

Das Virus ist in der Lage in Deutschland zu überwintern und wird vor allem von in Deutschland weit verbreiteten Stechmücken der Gattung *Culex* übertragen. Daher sollten Ärztinnen und Ärzte insbesondere im Sommer und Spätsommer und in Gebieten mit bekannter WNV-Zirkulation in Tieren bei Personen mit ätiologisch unklaren Enzephalitiden und bei örtlichen Häufungen von Fällen mit Fieber unklaren Ursprungs (mit oder ohne Hautausschlag) eine WNV-Diagnostik in die Wege leiten – auch wenn die Personen keine Reiseanamnese aufweisen. Personen in Risikogruppen für schwere Verläufe von WNV-Infektionen (vor allem ältere Menschen oder Personen mit Vorerkrankungen) ist insbesondere in dieser Jahreszeit und in diesen Gebieten Schutz vor Mückenstichen empfohlen.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Stechmückenkommission (2022): *Das West Nil-Virus in Deutschland*. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00045763/WNV-in-Deutschland_Basisinfo_2022-04-26.pdf
- Offergeld R, Schmidt-Chanasit J, Frank C: *West Nil-Virus in Deutschland – Relevanz für die Transfusionsicherheit*. Hämotherapie 2022; 38:23 – 33.
- Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, et al.: *Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German Bird Population, 2019 – 2020*. Microorganisms 2022. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040807>
- Kampen H, Tews BA, Werner D: *First evidence of West Nile Virus overwintering in mosquitoes in Germany*. Viruses. 2021 Dec 9;13(12). <https://doi.org/10.3390/v13122463>
- Ziegler U, Dianne Santos P, Groschup MH, et al.: *West Nile virus epidemic in Germany triggered by epizootic emergence, 2019*. Viruses 2020. <https://doi.org/10.3390/v12040448>
- Frank C, Stark K, Wilking H, et al.: *Risiko autochthoner Infektionen: West-Nil-Virus in einheimischen Vögeln nachgewiesen*. Dtsch Arztebl 2018; 115 (41):A-1808/B-1519/C-1505
- Frank C, Offergeld R, Lachmann R, Stark K: *Gekommen, um zu bleiben? Bei autochthonen West-Nil-Virus-Infektionen steht regional die Saison 2022 vor der Tür*. Epid Bull 2022; 25:18 – 20. <https://doi.org/10.25646/10171>
- Frank C, Lachmann R, Stark K, et al.: *Autochthone Infektionen mit dem West-Nil-Virus in Deutschland 2018 und 2019*. Epid Bull 2020; 25:3 – 10. <https://doi.org/10.25646/6943>

6.64 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 10.021
- ▶ Anstieg der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ Doppelt so viele Ausbrüche wie im Vorjahr: insgesamt 543 Ausbrüche mit 2.109 Erkrankungen
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar

Kurzbeschreibung

Windpocken (Varizellen) sind die klinische Manifestation einer exogenen Erstinfektion mit dem Varicella-Zoster-Virus (VZV). Windpocken sind hochansteckend. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen, aerogen oder durch Schmierinfektion von Hautläsionen oder (sehr selten) auch diaplazentar. Das klinische Bild ist durch einen sich ausbreitenden Ausschlag an Haut und Schleimhäuten gekennzeichnet, beginnend im Gesicht und am Rumpf, bei dem Hautläsionen in verschiedenen Stadien (Papeln, Pusteln, Bläschen, Schorf) gleichzeitig vorhanden sein können.

Das Virus verbleibt in den Nervenzellkörpern (Ganglien) und führt bei endogener Reaktivierung zu einem 2. Krankheitsbild, der Gürtelrose (Herpes zoster).

Eine bundesweite Meldepflicht für Ärztinnen und Ärzte sowie Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.64.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden insgesamt 10.021 Windpocken-Erkrankungen übermittelt. Das sind zwar wieder mehr Erkrankungen als im Vorjahr (2021: 6.358), aber immer noch deutlich weniger als in den vorpandemischen Jahren mit jeweils mehr als 20.000 Erkrankungen. Die meisten Erkrankungen sind im II. und IV. Quartal aufgetreten. Das Maximum lag in der 22. und der 45. Meldewoche mit jeweils 296 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 5., 9. und 15. Meldewoche mit jeweils 116 Erkrankungen (s. Abb. 6.64.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag mit 12 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner zwar über der des Vorjahres (2021: 7,6), jedoch immer noch sehr deutlich unter dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre (2017 – 2021: 25). Der Inzidenzanstieg im Vergleich

Tab. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	4.687	74 %	6.771	68 %
klinisch-epidemiologisch (B)	849	13 %	2.129	21 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	822	13 %	1.121	11 %
alle	6.358	100 %	10.021	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	6.358	100 %	10.021	100 %

Abb. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2022 im Vergleich mit den Vorjahren (Median 2017 bis 2021)

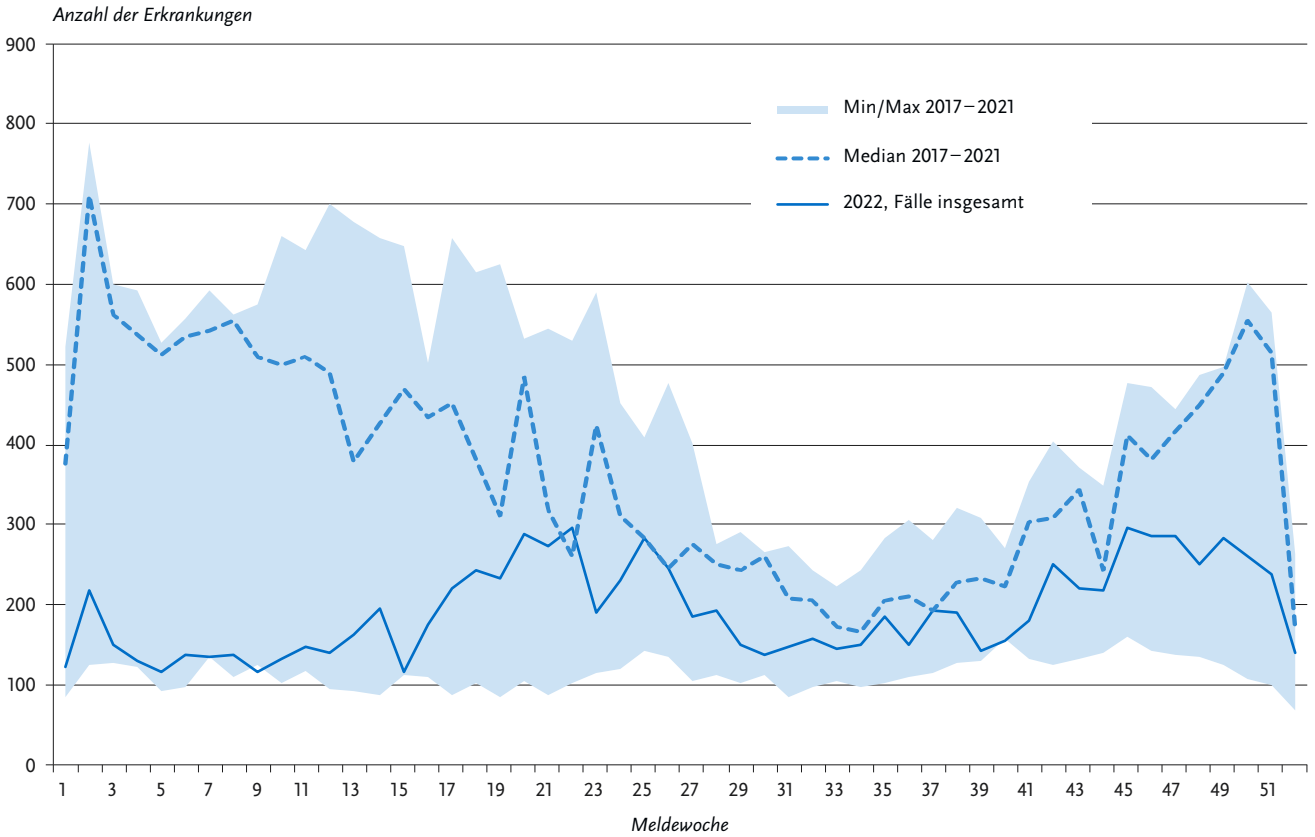
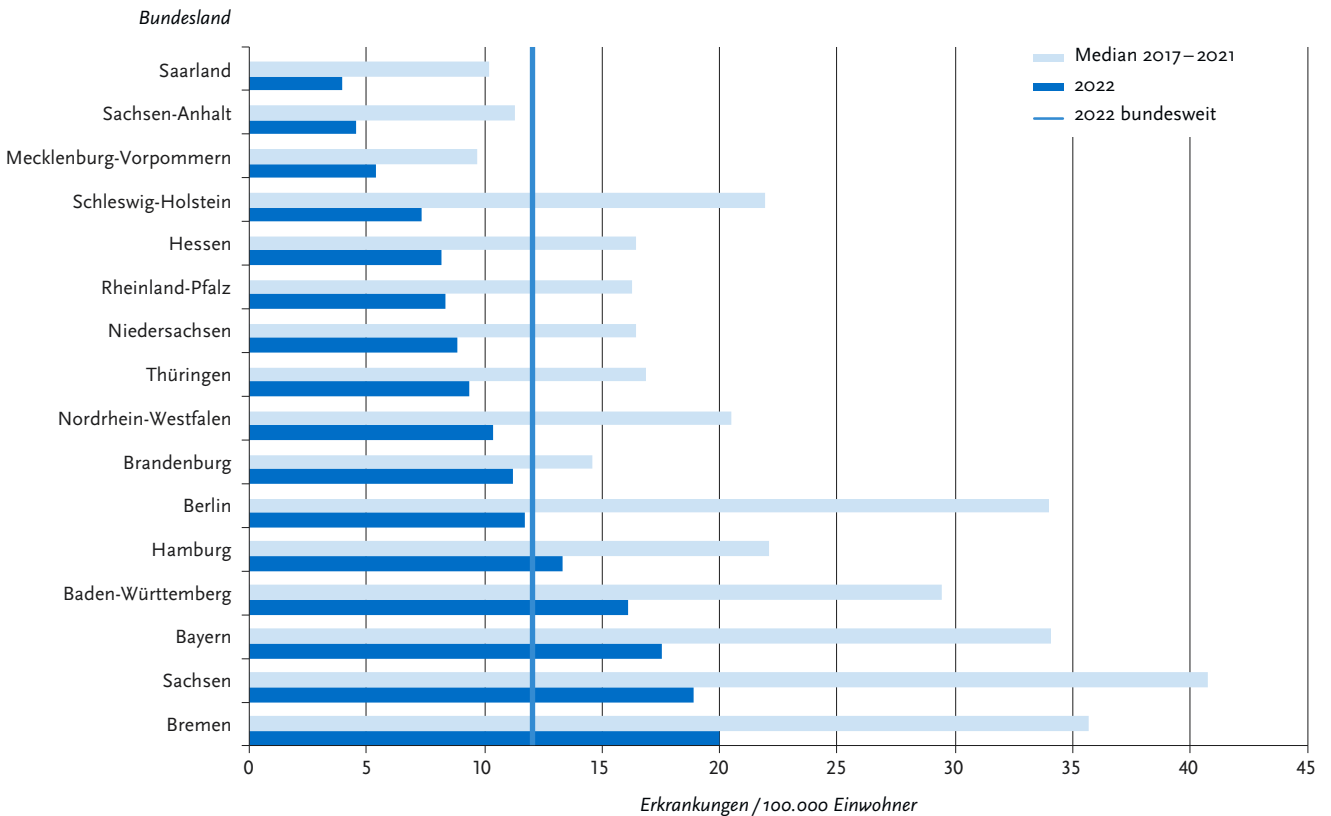


Abb. 6.64.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=10.021) im Vergleich zum Median der Vorjahre (2017 – 2021)



zum Vorjahr betraf mit Ausnahme des Saarlandes alle Bundesländer. Über dem bundesweiten Wert lag die Inzidenz in Bremen (20), Sachsen (19), Bayern (18), Baden-Württemberg (16) und Hamburg (13). Die niedrigsten Inzidenzen wurden im Saarland (4,0) und in Sachsen-Anhalt (4,6) verzeichnet. In allen anderen Bundesländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 5,4 (Mecklenburg-Vorpommern) und 12 (Berlin) (s. Abb. 6.64.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Fälle war ähnlich wie im Vorjahr: 64 % aller Erkrankungen im Jahr 2022 traten bei Kindern unter 10 Jahren auf (2021: 66 %). Die altersspezifischen Inzidenzen lagen allerdings in fast allen Altersgruppen höher als im Vorjahr. Die höchsten Inzidenzen hatten Kinder von 5 – 9 Jahre (87 Erkr./100.000 Einw.) und unter einem Jahr (85) gefolgt von den 4-Jährigen (80) sowie den Einjährigen (79). Ab einem Alter von 10 Jahren ist die Inzidenz generell niedriger und lag bei den 10- bis 14-Jährigen bei 40, bei den 15- bis 19-Jährigen bei 14, bei den 20- bis 49-Jährigen zwischen 2,2 und 6,3 und ab einem Alter von mehr als 50 Jahren unter 2 Erkr./100.000 Einw. Deutliche geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede gab es bei den unter Einjährigen mit einer höheren Inzidenz bei Mädchen im Vergleich zu Jungen (93 vs. 76). In den anderen Altersgruppen waren diese Unterschiede geringer ausgeprägt mit etwas höheren Werten bei Mädchen und Frauen in den Altersgruppen 5 bis 9 Jahre, 20 – 39 und 60 – 69 Jahre und etwas höheren Werten bei Jungen und Männern in allen übrigen Altersgruppen (Abb. 6.64.3).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2022 wurden 2 Todesfälle übermittelt, für die eine Windpocken-Infektion als Todesursache benannt wurde. Sie betrafen eine 30-jährige Frau und einen 70-jährigen Mann.

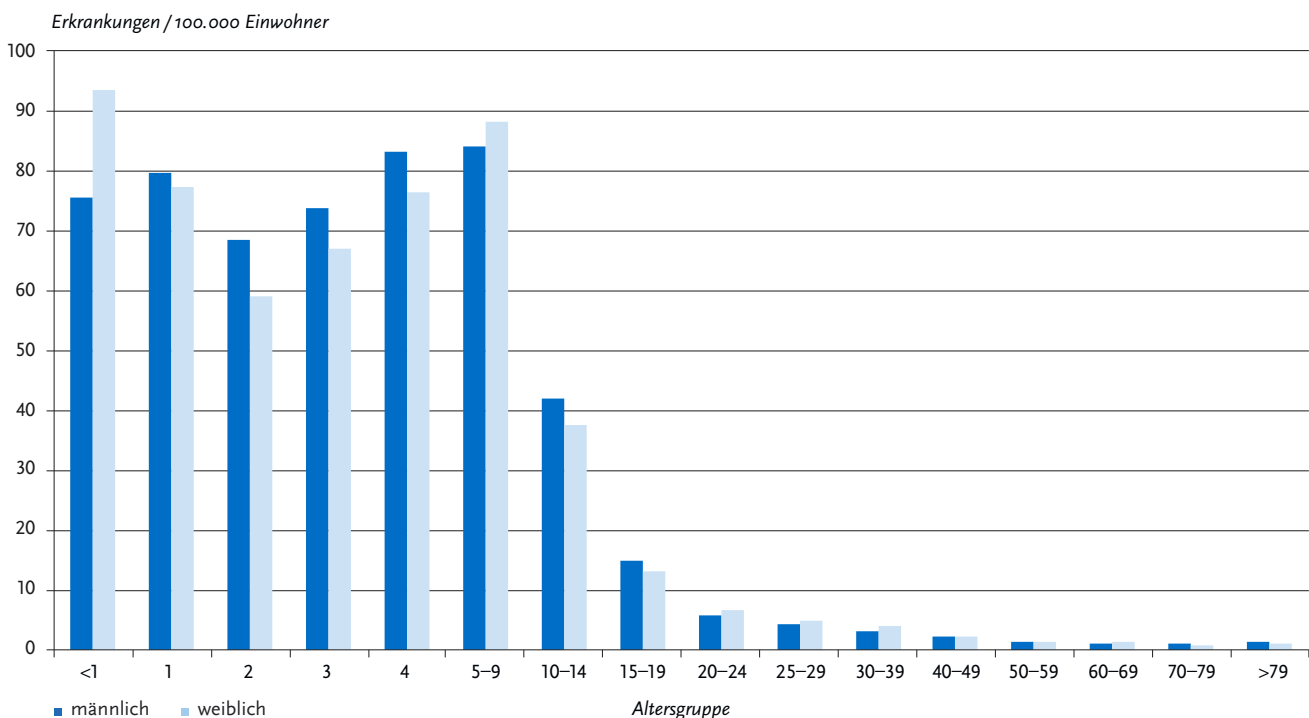
Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kleinkinder, seit 2009 sind 2 Impfdosen empfohlen. Die gegenwärtige Empfehlung sieht die erste Impfung im Alter von 11 Monaten und die zweite Impfung im Alter von 15 Monaten vor. Fehlende Impfungen können jederzeit im Kindesalter nachgeholt werden. Darüber hinaus ist die zweimalige Impfung für weitere Personengruppen empfohlen, die für Windpocken empfänglich sind und entweder selbst ein erhöhtes Risiko für Windpocken-assoziierte Komplikationen aufweisen oder als Überträger der Windpocken auf solche Risikogruppen infrage kommen. Für die Impfung stehen Kombinationsimpfstoffe gegen Masern, Mumps, Röteln und Varizellen sowie monovalente Varizellen-Impfstoffe zur Verfügung. Die erste Impfung kann entweder simultan mit der ersten Masern-Mumps-Röteln-Impfung (MMR) durchgeführt werden oder frühestens vier Wochen nach dieser MMR-Impfung erfolgen. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der zweiten Impfung hergestellt.

Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der zweiten Impfung auf, wird von einem Impfdurchbruch gesprochen. Treten Windpocken innerhalb von 42 Tage nach der Impfung auf, befanden sich die Erkrankten zum Zeitpunkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einer an Varizellen erkrankten Person und die Impfung konnte den Infektion nicht mehr verhindern oder es entwickelten sich in sehr seltenen Fällen s.g. Impfvarizellen durch das Impfvirus. Eine Unterscheidung von Wild- oder Impfvirus ist nur durch einen direkten Erregernachweis idealerweise aus einem Pustelabstrich und einer nachfolgenden Sequenzierung möglich.

Angaben zum Impfschutz lagen bei 7.896 (79 %) von 10.021 Erkrankungen vor. Die meisten Erkrankten waren nicht geimpft (n=6.434; 82 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz). Von den 1.462 als geimpft übermittelten Erkrankten

Abb. 6.64.3: Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=9.911)



waren bei 629 (43 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide. Da keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Impfdatum oder zum Erkrankungsbeginn vorlagen, konnte für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfschutz zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden. Von den 833 Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzes waren 431 (52 %) nicht ausreichend geimpft. Als mögliche Impfdurchbrüche werden jene eingestuft, die nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen an Windpocken erkrankt sind. Dies betraf im Jahr 2022 insgesamt 402 Erkrankungen (5 % der Erkrankten mit Angaben zum Impfstatus) (Abb. 6.64.4).

Ausbrüche

Etwa 21 % (n=2109) der Erkrankungen waren insgesamt 543 Häufungen zugeordnet. Damit waren die Zahl der übermittelten Häufungen und die darin erfassten Erkrankungen mehr als doppelt so hoch wie im Vorjahr (2021: 261 Häufungen mit insgesamt 854 Erkrankungen). Den 105 Häufungen mit 5 oder mehr Erkrankten im Jahr 2022 wurden insgesamt 1.025 Fälle zugeschrieben, was sogar mehr als dreimal so vielen Häufungen und Erkrankungen wie im Vorjahr entspricht (2021: 31 Häufungen mit 307 Fällen). In insgesamt 8 Häufungen wurden zwischen 20 und 35 Erkrankungen erfasst. Der größte registrierte Ausbruch mit 35 Erkrankungen ereignete sich von November 2021 bis März 2022 unter Kindern von 4 bis 14 Jahren in einer Schule in Baden-Württemberg. In Nordrhein-Westfalen erkrankten im November und Dezember 2022 ebenfalls in einem Schulausbruch 30 Kinder im Alter von 4 bis 14 Jahren.

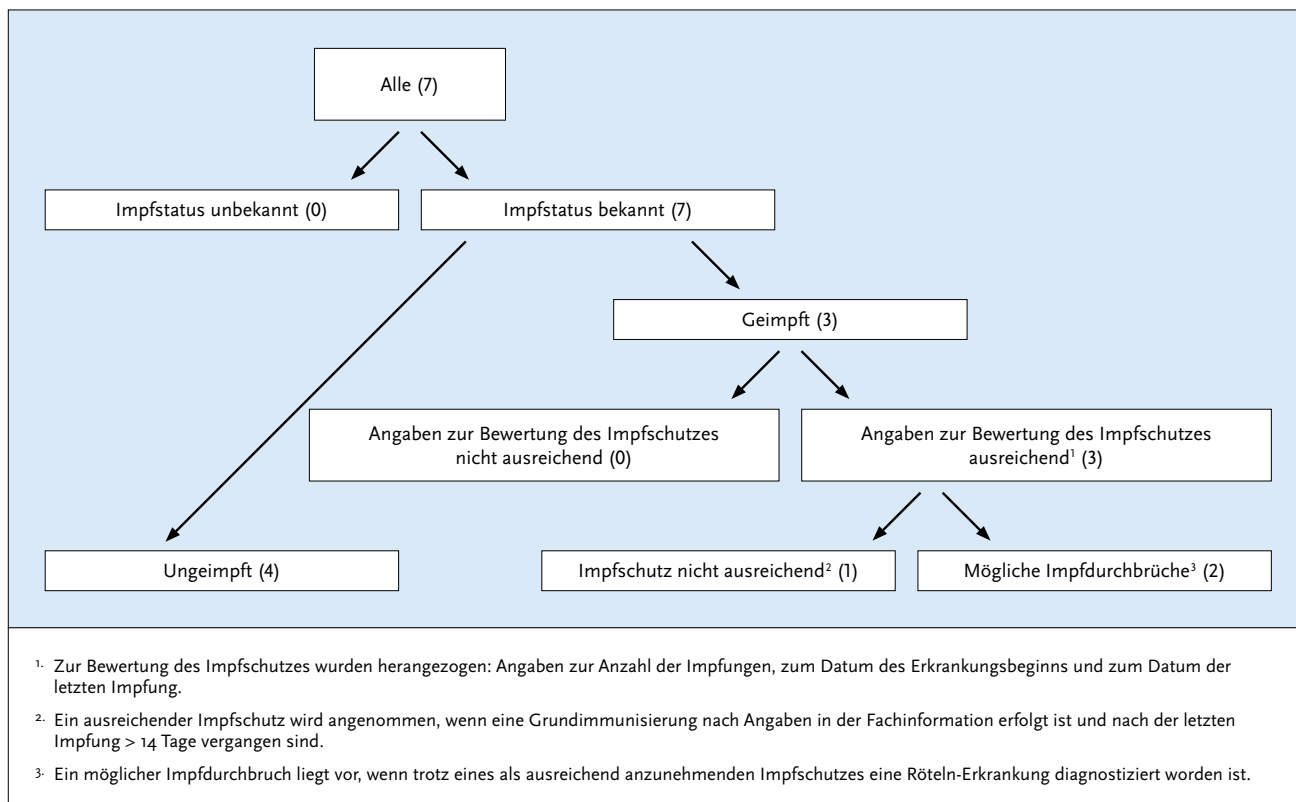
Datenqualität

Eine Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Herpes Zoster, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, erfolgt aufgrund der übermittelten klinischen Kriterien. Hier kann es aufgrund unvollständiger Angaben zu Fehlzuordnungen kommen. Vollständige und konsistente Angaben zum Impfschutz lagen bei rund 73 % der Erkrankten (6.434 Ungeimpfte sowie 833 Geimpfte mit vollständigen Angaben) vor.

Fazit

Windpocken gehören weiterhin zu den meldepflichtigen Krankheiten mit hohen Erkrankungszahlen, die in den Jahren der Pandemie absanken. Im Jahr 2022 kam es zwar zu einem Wiederanstieg der Erkrankungszahlen, die jedoch immer noch unter den vorpandemischen Werten blieben. Der Inzidenzanstieg bei Kindern könnte am ehesten auf die Rücknahme von Maßnahmen in Kitas und Schulen zur Bewältigung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt werden. Die Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern sind am ehesten durch regionale Ausbrüche sowie durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst. Die Bundesländer mit den höchsten Windpocken-Impfquoten der Schuleingangsuntersuchung 2020 gehörten 2022 zu denen mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen (Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern). Umgekehrt gehörten die Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten (Bremen, Sachsen, Bayern, Baden-Württemberg) zu den Bundesländern, deren Windpocken-Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt lagen.

Abb. 6.64.4: Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2022 (n=10.021)



Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2022 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 15 Jahren eine Impfpflicht besteht. Lediglich 5 % der übermittelten Windpocken-Fälle mit Angaben zum Impfstatus war vollständig geimpft. Erkrankungen nach zweimaliger Impfung sind in der Regel mild verlaufend mit weniger Pusteln und geringerer Ansteckungsfähigkeit. In Laboruntersuchungen von Pustelabstrichen von Geimpften mit klinischem Bild für Windpocken waren die Proben von zweimal Geimpften in der PCR häufiger negativ als die einmal Geimpfter. Das spricht zum einen dafür, dass bei zweimal Geimpften das klinische Bild häufig falsch positiv für Windpocken gewertet wird. Zum anderen ist das Virus bei zweimal Geimpften offenbar nur über einen sehr kurzen Zeitraum nachweisbar, sodass auch die Übertragungswahrscheinlichkeit geringer ist. Windpocken führen häufig zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lange anhalten können. Damit beeinträchtigen sie den normalen Betrieb der Einrichtungen. Zudem werden besonders vulnerable Gruppen einem erhöhten Risiko ausgesetzt, an Windpocken zu erkranken, wie z. B. Säuglinge, ungeschützte Schwangere oder Personen mit geschwächtem Immunsystem, bei denen die Erkrankung in der Regel einen schweren Verlauf nimmt.

Literaturhinweise

- Rieck T, Feig M, an der Heiden M, Siedler A, Wichmann O: *Assessing varicella vaccine effectiveness and its influencing factors using health insurance claims data, Germany, 2006 to 2015*. Euro Surveill 2017. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.17.30521>
- Siedler A, Rieck T, Tolksdorf K: *Strong Additional Effect of a Second Varicella Vaccine Dose in Children in Germany, 2009 – 2014*. J Pediatr 2016; 173:202 – 206.
- Siedler A, Dettmann M, Tolksdorf K, Polte C, Walter C, Ehlers B: *Laboratory investigations of vaccinated patients with varicella*. Vaccine 2015; 33:1968 – 1973.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3 – 66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 48:3 – 25. [DOI 10.25646/10838](https://doi.org/10.25646/10838)
- STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020; 2:3 – 22. <https://doi.org/10.25646/6447>
- STIKO: *Evaluation der Varizellen-Impfempfehlung durch die STIKO, 2019*. Epid Bull 2020; 3:3 – 15. <https://doi.org/10.25646/645>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.65 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 1.809
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern, insbesondere bei ein- und zweijährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 4 Ausbrüche mit 10 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia*, insbesondere *Y. enterocolitica*, seltener durch *Y. pseudotuberculosis*, hervorgerufen. Die Infektion kann über kontaminierte Lebensmittel vorwiegend tierischer Herkunft, kontaminiertes Trinkwasser oder in seltenen Fällen direkt über infizierte Personen erfolgen. Zum klinischen Bild gehören u. a. Durchfälle, Bauchschmerzen und Fieber. Als Folgeerkrankungen können Gelenkentzündungen (reaktive Arthritis) oder Entzündungen des Unterhautfettgewebes (Erythema nodosum) auftreten.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Yersiniose-Fälle, die die Referenzdefinition (Ausgabe 2019) erfüllen (s. Tab. 6.65.1). Seit einer Änderung des Infektionsschutzgesetzes im Juli 2017 sind zusätzlich zum Nachweis von *Y. enterocolitica* auch Nachweise von anderen darmpathogenen Yersinien meldepflichtig geworden. Damit werden nun auch *Y. pseudotuberculosis*-Infektionen erfasst. Gemäß der aktuellen Falldefinition erfüllt nur die Isolierung der darmpathogenen Erregerspezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

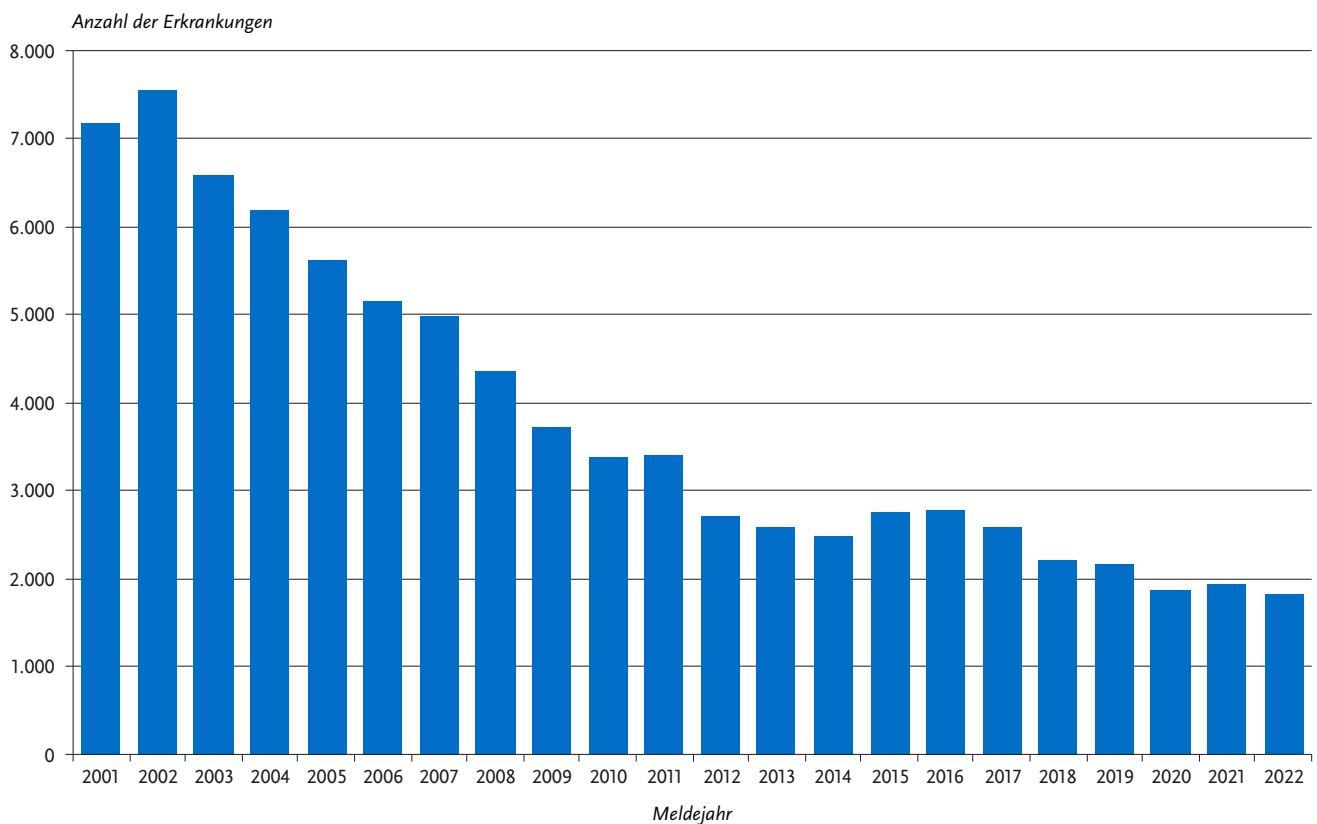
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2022 wurden 1.809 Erkrankungen übermittelt (2021: 1.935). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2021: 2,3). Nach einem stetig fallenden Trend der Erkrankungszahlen seit 2002, mit Ausnahme von 2011, ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen von 2012 bis 2017 in etwa gleichgeblieben (zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen). Für die Jahre 2018 und 2019 wurde ein Rückgang der übermittelten Erkrankungen auf etwa 2.200 verzeichnet, der vor allem auf die Falldefinitionsänderung zurückzuführen war (s. Abb. 6.65.1). Die vergleichsweise niedrige Fallzahl im Jahr 2022 steht, wie auch schon in den Jahren 2020 und 2021, vermutlich, zumindest teilweise, im Zusammenhang

Tab. 6.65.1: Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2021 und 2022

Kategorie	2021		2022	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13	1 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.922	80 %	1.808	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	85	4 %	81	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	396	16 %	501	21 %
alle	2.416	100 %	2.391	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.935	80 %	1.809	76 %

Abb. 6.65.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2022



mit den Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie. Eine ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war nicht erkennbar. Die höchsten Fallzahlen wurden in den Monaten Januar, Mai, August und November verzeichnet.

Geografische Verteilung

In Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Hessen lag die Inzidenz im Jahr 2022 über der bundesweiten Inzidenz (2,2 Erkr./100.000 Einw.). Hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (7,7), Sachsen (6,7) und Sachsen-Anhalt (4,3) registriert (Abb. 6.65.2). In diesen Bundesländern wurde eine hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 51; Sachsen: 37; Sachsen-Anhalt: 24). In den meisten Bundesländern war im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre ein Rückgang der Inzidenz zu verzeichnen. Die relative Abnahme der Inzidenz war in Bremen (–50 %), Sachsen-Anhalt (–34 %) und Bayern (–33 %) am größten (s. Abb. 6.65.2). Eine Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre war im Saarland (+43 %), in Rheinland-Pfalz (+17 %) und Baden-Württemberg (+9 %) zu beobachten. Bei 973 Erkrankungen (54 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 92 % der Nennungen auf Deutschland und 5 % auf ein anderes europäisches Land entfielen (Mehrfachnennungen möglich). Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (12 Nennungen), Italien (9), die Niederlande (5), Polen (4), Kroatien und Österreich (jeweils 3). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden die Türkei (7) und Ägypten (5) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigte die höchsten Werte bei Kindern mit einem Gipfel bei den Ein- und 2-Jährigen. Die Inzidenz ging mit zunehmendem Alter zurück und verblieb im Erwachsenenalter ab 30 Jahren auf niedrigem Niveau ($\leq 1,6$ Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.65.3). Männliche Personen (53 %) waren häufiger betroffen als weibliche (47 %) und hatten dementsprechend eine höhere Inzidenz (2,3 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,0).

Nachgewiesene Erreger

Die Spezies *Y. enterocolitica* wurde am häufigsten als Erreger der übermittelten Yersiniosen genannt (99 %, n=1.794). Bei 623 (81 %) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp (n=769) wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (11 %, n=81) oder O:5,27 (2 %, n=18) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei knapp 2 % der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt (n=13). Bei 4 % (n=34) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* wurde als Serotyp »anderer« angegeben. Die Spezies *Y. pseudotuberculosis* wurde bei 15 Erkrankungen nachgewiesen (etwa 1 % der Yersiniosen).

Klinische Aspekte

Für alle 1.809 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (3.821 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (85 % der Erkrankungen), Bauchschmerzen (74 %) und Fieber (31 %). Im Jahr 2022 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt.

Abb. 6.65.2:
 Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2022 (n=1.809) im Vergleich mit den Vorjahren

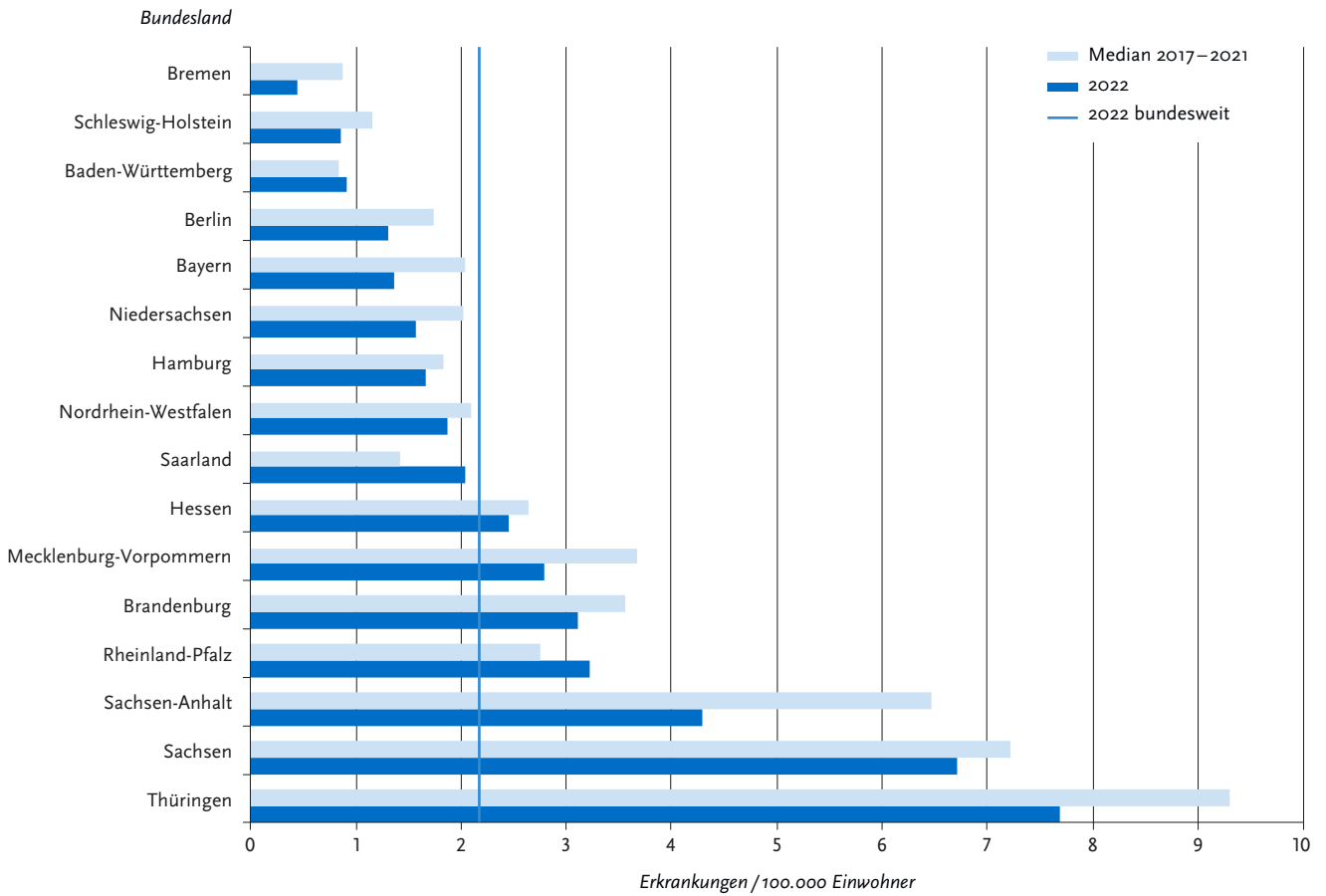
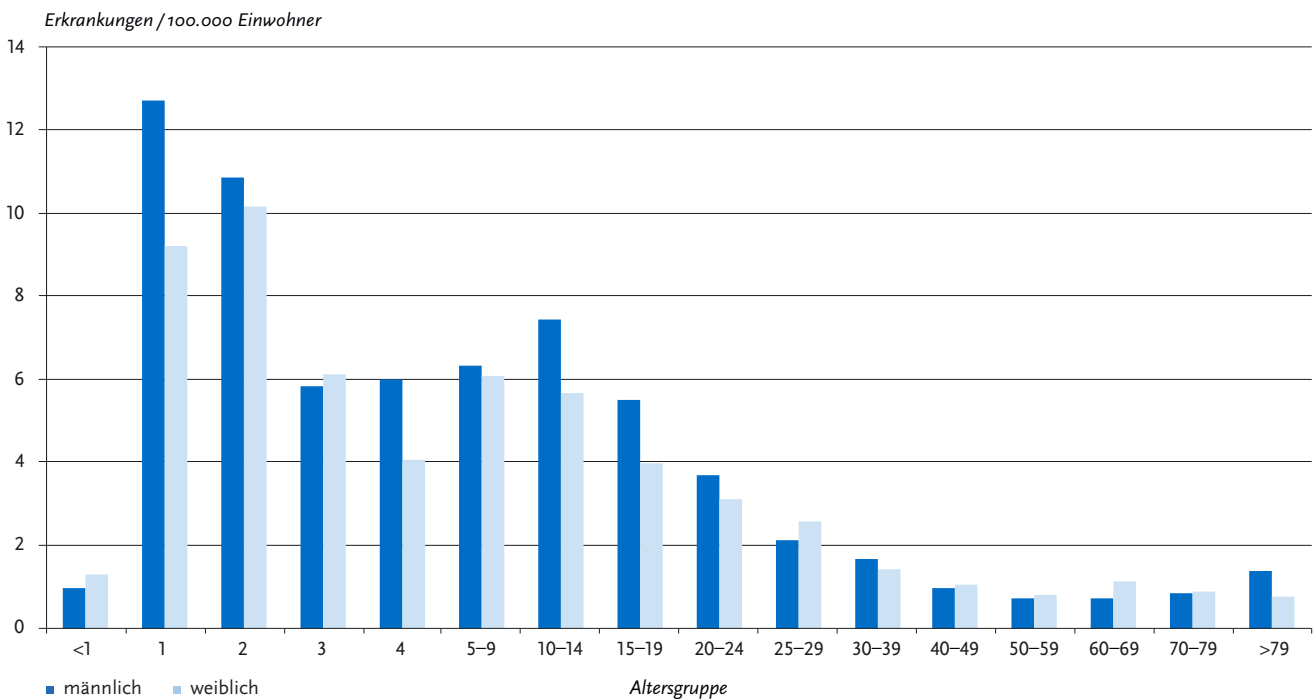


Abb. 6.65.3:
 Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2022 (n=1.801)



Ausbrüche

Es wurden 4 Ausbrüche mit insgesamt 10 Erkrankungen übermittelt (2021: 12 Ausbrüche mit 28 Erkrankungen). Davon betrafen 2 Ausbrüche jeweils 3 Personen und 2 Ausbrüche jeweils 2 Personen. Einer der 4 Ausbrüche wurde als lebensmittelbedingt übermittelt. Als verdächtiges Lebensmittel wurde Schweinefleisch angegeben.

Fazit

Nach wie vor sind Kinder am häufigsten von einer Yersiniose betroffen. Vor allem in der Altersgruppe unter 5 Jahren gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern. Die relativ niedrigen Fallzahlen in den Jahren 2020, 2021 und 2022 im Vergleich zu den Vorjahren stehen wahrscheinlich, zumindest teilweise, im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie. Gemäß der Falldefinition (Ausgabe 2019) erfüllt nur die Isolierung der darmpathogenen Spezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis.

Literaturhinweise

- Rosner BM, Werber D, Höhle M, Stark K: *Clinical aspects and self-reported symptoms of sequelae of Yersinia enterocolitica infections in a population-based study, Germany 2009 – 2010*. BMC Infect Dis 2013. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-13-236>
- Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections, Germany 2009 – 2010*. Epidemiol Infect 2012; 140:1738 – 1747.
- Rosner BM, Stark K, Werber D: *Epidemiology of reported Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001 – 2008*. BMC Public Health 2010. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-337>
- RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012; 6:47 – 51. RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.66 Zikavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2022: 10
- ▶ Zunahme der übermittelten Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr

Kurzbeschreibung

Das Zikavirus wird vorwiegend von *Aedes-aegypti*-Mücken in vielen Ländern der Tropen und der tropennahen Subtropen übertragen. Auch die sexuelle Übertragung ist möglich. Seit 2015 kam es zu großen Ausbrüchen in vielen Ländern Süd- und Mittelamerikas bis in die südlichen USA. Zikavirus kann eine akute Erkrankung verursachen, die meist nur mit mildem Fieber, Hautausschlag und Kopf- und Gliederschmerzen einhergeht. Viele Infektionen bleiben völlig asymptomatisch. Schwere Verläufe oder Todesfälle sind extrem selten. Durch Übertritt des Virus auf den Fötus, vor allem in der frühen Schwangerschaft, kann es zu schweren Fehlbildungen beim Kind kommen (z. B. Mikrozephalie). Die Prävention konzentriert sich deshalb darauf, die Infektion von Schwangeren zu verhindern. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar.

Falldefinition

Seit dem 01.05.2016 besteht eine Meldepflicht für labordiagnostizierte akute Infektionen. Für die Referenzdefinition werden

alle Erkrankungen gewertet, die mit einem Labornachweis übermittelt wurden und die die klinische Falldefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2022 wurden 10 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2021: 2, 2020: 6). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr gestiegen, und liegt bei 0,01 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Die Zikavirus-Erkrankungen wurden aus 7 Bundesländern übermittelt: 3 Fälle aus Bayern, 2 Fälle aus Berlin und jeweils ein Fall aus Baden-Württemberg, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Sachsen. Als wahrscheinliche Infektionsländer wurden je zweimal Nigeria und Indonesien und je einmal Brasilien, Costa Rica, Kambodscha, Malediven, Mexiko und Thailand genannt.

Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 6 (60 %) Männer und 4 (40 %) Frauen. Die Altersspanne betrug 25 bis 59 Jahre. Acht (80 %) Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen auf, davon waren 3 Frauen. In der Altersgruppe der 40 bis 59-Jährigen wurden 2 (20 %) Fälle diagnostiziert, dabei handelt es sich um einen Mann und eine Frau.

Klinische Aspekte

Für 8 (80 %) Erkrankte wurde Fieber und für 5 (50 %) Personen Muskelschmerzen übermittelt. Drei (30 %) Personen hatten einen Hautausschlag und 2 (20 %) Personen Gelenkschmerzen. Eine Hospitalisierung aufgrund der Zikavirus-Erkrankung wurde bei einem Erkrankten übermittelt.

Fazit

Im Jahr 2022 wurden mehr Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den beiden Vorjahren, jedoch ist die Zahl geringer als in den Vorpandemiejahren. Zikavirus-Erkrankungen sind reiseassoziiert und der Anstieg von Meldungen im Jahr 2022 ist wahrscheinlich auch auf eine Zunahme von Fernreisen im Jahr 2022 zurückzuführen.

Literaturhinweise

- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Frank C, Faber M, Stark K: *Causal or not: applying the Bradford Hill aspects of evidence to the association between Zika virus and microcephaly*. EMBO Mol Med 2016. <https://doi.org/10.15252/emmm.201506058>
- Wilking H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Arztebl 2016; 113:547 – 549.
- Falkenhorst G, Enkelmann J, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48:42 – 43. <https://doi.org/10.25646/9319>

6.67 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Gonorrhö (Tripper) – *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon

Kurzbeschreibung

Neisseria (N.) gonorrhoeae ist der bakterielle Erreger der Gonorrhö (Tripper), einer vorwiegend sexuell übertragbaren Erkrankung. Infektionen mit *N. gonorrhoeae* können ein vielgestaltiges klinisches Bild mit Urethritis, Proktitis und Pharyngitis bis hin zur disseminierten Gonokokkeninfektion zeigen, wobei der Erkrankung eine hohe klinische Relevanz zukommt. Bei Frauen verläuft die Erkrankung im Vergleich zur Gonorrhö des Mannes deutlich häufiger asymptomatisch mit erhöhtem Risiko von aufsteigenden Infektionen. Die Infektionen sind eine wesentliche Ursache von chronischen Entzündungen des kleinen Beckens, Unfruchtbarkeit sowie von Fehlgeburten im ersten Trimester und extrauterinen Schwangerschaften. Zusätzlich können Infektionen mit *N. gonorrhoeae* die Empfänglichkeit für und das Übertragungsrisiko von HIV erhöhen.

Die Gonorrhö ist mit 87 Millionen jährlichen Fällen die dritthäufigste sexuell übertragbare Erkrankung weltweit.

Besonders besorgniserregend bei *Neisseria gonorrhoeae* ist die weltweite Ausbreitung von Resistenzen gegenüber wichtigen therapeutisch eingesetzten Antibiotika.

Situation in Deutschland

In Deutschland werden nach der aktuell gültigen Leitlinie der AMWF die Antibiotika Azithromycin, Cefixim und Ceftriaxon, zum Teil als Kombinationstherapie zur Behandlung der Gonorrhö empfohlen. Seit März 2020 werden Nachweise von *N. gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem der Therapeutika Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon, nach § 7 Abs. 3 IfSG direkt an das RKI gemeldet.

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 714 Fälle von *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon gemeldet, bundesweit lag die Inzidenz bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Gegenüber dem Jahr 2021 (Inzidenz: 0,5 Erkr./100.000 Einw., n=397 Meldungen) kam es somit etwa zu einer Verdoppelung der Meldedfälle. Die im Jahr 2022 mit Abstand höchste Inzidenz wurde im Bundesland Hamburg (3,2) registriert. Höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Berlin (2,0), Hessen (1,5) und Sachsen (1,3).

Der Anteil an Fällen die auf Infektionen von Frauen zurückzuführen waren lag im Jahr 2022 bei 6,3 %, während 92,3 % auf Infektionen von Männern zurückzuführen waren. Für 2 Meldungen (0,3 %) wurde das Geschlecht als divers und für 8 Meldungen (1,2 %) als unbekannt angegeben. Die Altersgruppe mit der höchsten Inzidenz war sowohl bei Männern (4,8) als auch bei Frauen (0,4) die der 20- bis 24-Jährigen.

Für 93,1 % aller gemeldeten Fälle im Jahr 2022 war eine alleinige verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin angegeben. Verminderte Empfindlichkeit nur gegenüber Cefixim lag in 1,0 % der Fälle vor, verminderte Empfindlichkeit nur gegenüber Ceftriaxon in 0,7 %. Bei 3,2 % der Fälle lag verminderte Empfindlichkeit gegen zwei der drei Antibiotika vor, eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber allen drei Substanzen wurde für 2,0 % der Fälle gemeldet.

Für 60,9 % der Fälle lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg vor. Bei Männern wurde für 33,8 % dieser Fälle angegeben, dass die Übertragung vermutlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) stattfand. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei Männern bei 27,9 %, während für 38,2 % der gemeldeten Fälle von Männern der Übertragungsweg unbekannt war. Bei 2,6 % (n=17) der Meldungen von Männern wurde Kontakt zu Sexarbeitern bzw. Sexarbeiterinnen, bei 0,3 % (n=2) die Ausübung von Sexarbeit angegeben.

Bei Frauen wurden für 53,2 % heterosexuelle Kontakte als Infektionsweg angegeben, für 46,7 % der weiblichen Fälle war das Infektionsrisiko unbekannt. Im Jahr 2022 wurden keine Fälle mit konnatalem Übertragungsweg gemeldet.

Koinfektionen mit anderen sexuell übertragbaren Erkrankungen wurden bei 19,1 % der Fälle gemeldet. Davon wurden Chlamydien (58,8%) und HIV (41,2 %) am häufigsten angegeben. Bei 12,5 % lag eine Koinfektion mit *Mycoplasma genitalium* vor, bei 7,4 % mit Syphilis.

Grundsätzlich ist von einer erheblichen Untererfassung von *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon auszugehen, da die Empfindlichkeitstestung mit wenigen Ausnahmen eine relativ aufwendige kulturelle Anzucht des Erregers erfordert. Es kann jedoch davon ausgegangen werden, dass ein Großteil der Gonokokken-Diagnosen in Deutschland allein mittels Nukleinsäurenachweis erfolgen und aus diesem Grund oftmals keine weitere Empfindlichkeitstestung durchgeführt wird.

Literaturhinweise

ECDC (2022): *Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the EU/EEA: Summary of results for 2020*.

<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/gonococcal-antimicrobial-susceptibility-surveillance-2020>

Selb R, Buder S, Dudareva S, Tamminga T, et al.: *Markedly decreasing azithromycin susceptibility of Neisseria gonorrhoeae, Germany, 2014 to 2021*. Euro Surveill 2021.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.31.2100616>

Banhart S, Selb R, Oehlmann S, et al.: *The mosaic mtr locus as major genetic determinant of azithromycin resistance of Neisseria gonorrhoeae – Germany, 2018*. J Infect Dis 2021; 224:1398–1404.

Deutsche STI-Gesellschaft (2019): *Diagnostik und Therapie der Gonorrhoe*. AWMF S2k-Leitlinie: Registernummer 059 – 004.

<https://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-004.html>

Selb R, Bremer V, Jansen K, Buder S, Heuer D: *Einführung einer Meldepflicht für N. gonorrhoeae mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon*. Epid Bull 2020; 10:6 – 12:

<https://doi.org/10.25646/6525>

RKI: *Gonokokken-Resistenz-Surveillance (Go-Surv-AMR)*. www.rki.de/gosurv RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

Mpox (Affenpocken)

Kurzbeschreibung

Mpox (früher: Affenpocken) werden ausgelöst durch das Affenpockenvirus (engl. Monkeypox virus, MPXV), ein behülltes DNA-Virus aus der Gattung Orthopoxvirus. Das Virus ist verwandt mit den klassischen humanen Pockenviren (Variola, Smallpox) und den ebenfalls als Zoonose bekannten Kuhpockenviren.

MPXV sind in West- und Zentralafrika bei Nagetieren verbreitet, die Übertragung auf den Menschen erfolgt hier überwiegend zoonotisch. Beim Menschen wurden Mpox erstmals 1970 in der Demokratischen Republik Kongo identifiziert.

Seitdem wurden humane Fälle von Mpox insbesondere in west- und zentralafrikanischen Ländern gemeldet. Außerhalb des afrikanischen Kontinents wurden seit dem ersten bekannten reiseassoziierten Fall in 2003 bis zum Frühjahr 2022 nur vereinzelte reiseassoziierte Fälle nachgewiesen.

Eine Übertragung erfolgte vor 2022 laut Berichten vorwiegend zoonotisch, insbesondere von Nagetieren auf den Menschen. Im globalen Ausbruchsgeschehen seit Frühjahr 2022 wurden MPXV ganz überwiegend von Mensch zu Mensch übertragen. Infektionen wurden fast ausschließlich bei engen Kontakten beobachtet, insbesondere im Rahmen sexueller Aktivitäten. Die Übertragung erfolgt hier insbesondere durch den direkten Kontakt von Haut, Schleimhaut oder den typischen Hautveränderungen (sog. (Pocken-) Läsionen), wobei sowohl Bläscheninhalt als auch Schorf infektiös sind.

Die Infektion äußert sich häufig durch Auftreten eines oder mehrerer unspezifischer Symptome wie Fieber, Schüttelfrost, Muskelschmerzen, Kopfschmerzen, Fatigue, Gelenkschmerzen oder Lymphadenopathie. Typisch für Mpox sind Haut- oder Schleimhauteffloreszenzen, die aber nicht bei allen Fällen auftreten müssen. Die Effloreszenzen durchlaufen die Stadien Macula, Papula, Vesicula und Pustula bis zu Entstehung von (infektiösen) Krusten. Die Krankheit verläuft bei Erwachsenen i. d. R. mild bis moderat und nach 14 bis 21 Tagen selbstlimitierend, deutlich längere und auch schwere Verläufe sind aber möglich.

Situation in Deutschland

Mpox sind in Deutschland gemäß § 6 Abs. 1 bzw. § 7 Abs. 1 IfSG meldepflichtig (vor Einführung des Meldetatbestands Orthopocken im Herbst 2022 wurden Mpox unter der Kategorie »weitere bedrohliche Krankheit« gemeldet). Im Kontext des länderübergreifenden Ausbruchsgeschehens mit Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde dem RKI erstmals am 20.05.2022 ein Fall von Mpox gemeldet. Im Jahr 2022 wurden insgesamt 3.679 Fälle an das RKI gemeldet. Bundesweit lag die Inzidenz damit bei 4,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern, mit einer deutlich erhöhten Inzidenz in Berlin (45,3) und Köln (35,5), gefolgt von den weiteren Großstädten Düsseldorf (16,6), Frankfurt (14,5), München (13,1) und Hamburg (9,9).

Der Männeranteil der Fälle lag bei 99,5 %, der Frauenanteil bei 0,5 %. Die höchste Inzidenz wiesen für Männer die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (27,0 Erkr./100.000 Einw.). Für Frauen war die Inzidenz um ein Vielfaches niedriger, am höchsten bei den 20- bis 24-Jährigen (0,14).

Bei 6,3 % der Fälle wurde von einer Hospitalisierung berichtet, es wurde kein Todesfall gemeldet.

Nach einem starken Anstieg der Fälle im Juni und Juli und einer Höchstzahl in der 28. Meldewoche mit 424 Fällen ging das Ausbruchsgeschehen bis zum September 2022 stark zurück. Im November und Dezember wurden pro Woche nur noch einzelne Fälle übermittelt.

Literaturhinweise

McFarland S, Marcus U, Hemmers L, et al.: *Estimated incubation period distributions of mpox using cases from two international European festivals and outbreaks in a club in Berlin, May to June 2022*. Euro Surveill 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.27.2200806>

Selb R, Werber D, Falkenhorst G, et al.: *A shift from travel-associated cases to autochthonous transmission with Berlin as epicentre of the monkeypox outbreak in Germany, May to June 2022*. Euro Surveill 2022. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.27.2200499>

Thornhill JP, Barkati S, Walmsley S, et al.: *Monkeypox Virus Infection in Humans across 16 Countries – April – June 2022*. N Engl J Med 2022. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2207323>

Nitsche A, Schrick L, Schaade L: *Infektionen des Menschen mit Affenpocken*. Flug u Reisemed 2019. <https://doi.org/10.1055/a-0822-0273>

Lachmann R, Frank C, Stark K, Falkenhorst G: *Kurze Inkubationszeiten bei Affenpockenfällen in Deutschland während des aktuellen Ausbruchsgeschehens*. Epid Bull 2022; 37:35. <https://doi.org/10.25646/10506>

Falkenhorst G, Jansen K, Lachmann R, et al.: *Weltweiter Ausbruch von Affenpocken – Situationsbeschreibung des Robert Koch-Instituts für Deutschland, Datenstand 14.07.2022*. Epid Bull 2022; 29:12–19. <https://doi.org/10.25646/10309>

RKI: *Mpox/Affenpocken*. <https://www.rki.de/mpox>
RKI-Ratgeber (2023). www.rki.de/ratgeber

Invasive Pneumokokken-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Als Invasive Pneumokokken-Erkrankung (IPD) wird die schwere Verlaufsform einer Infektion mit dem grampositiven Bakterium, *Streptococcus (S.) pneumoniae* (Pneumokokken) bezeichnet. Es gibt mehr als 95 Pneumokokken-Serotypen, die sich in der Struktur ihrer äußeren Kapsel (Polysaccharide) und ihrer Pathogenität unterscheiden. Die Polysaccharidkapsel ist ein entscheidender Virulenzfaktor für eine Erkrankung mit *S. pneumoniae*. Sie ermöglicht es, dass die Pneumokokken vom Immunsystem gar nicht oder zu spät erkannt werden. Dennoch sind nicht alle Pneumokokken-Serotypen pathogen. Pneumokokken aller Serotypen kommen häufig im Mund- und Rachenraum als Kommensale vor. Nicht-invasive Pneumokokken-Infektionen verursachen häufig Sinusitiden (Infektionen der Nasennebenhöhlen), Otitiden (Ohrinfektionen) und Pneumonien. Bei einer IPD gelangen die Bakterien in die Blutbahn und in andere normalerweise sterile Körperflüssigkeiten und Gewebe. Eine IPD manifestiert sich daher häufig mit dem klinischen Bild einer Sepsis oder Meningitis bzw. septischen Arthritis. In der Regel müssen die Erkrankten hospitalisiert werden. Nicht selten bleiben schwere neurologische und andere Residuen. Die Letalität ist im Falle einer IPD in allen Altersgruppen hoch.

Situation in Deutschland

IPD tritt besonders häufig bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren und älteren Menschen ab 60 Jahren auf. Auch Menschen, die an chronischen Krankheiten der Lunge oder des Herzens, an einem behandlungsbedürftigen Diabetes mellitus, an bestimmten neurologischen Krankheiten oder einer Immundefizienz (z. B. HIV-Infektion) leiden oder eine immunsuppressive Therapie erhalten, haben ein erhöhtes Risiko. Dies gilt auch für Personen mit einem Cochlea-Implantat oder einer Liquoristel. Daher empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) für alle Säuglinge sowie für besonders gefährdete Personengruppen in jedem Alter eine Impfung.

Die IPD ist erst seit März 2020 gemäß IfSG bundesweit meldepflichtig. Zuvor bestand bereits in Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen eine Meldepflicht per Landesverordnung. Die seit 2009 in diesen Bundesländern verwendete Referenzdefinition schloss das klinische Bild einer invasiven Pneumokokken-Erkrankung und den labor diagnostischen Nachweis ein.

In den Jahren 2020 bis 2022 wurde die bundesweite Meldepflicht noch nicht vollständig umgesetzt, zudem ist die Referenzdefinition noch nicht abschließend abgestimmt, so dass für das Jahrbuch 2022 noch keine Daten berichtet werden können.

Für zukünftige Auswertungen ist eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus zur Überwachung der Effekte, die durch die empfohlene Impfung gegen Pneumokokken erreicht werden können und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich. Diese Daten sind eine wesentliche Grundlage für die Prüfung und mögliche Anpassung zu den Pneumokokken-Impfempfehlungen der STIKO. Gesundheitsämter sollten meldende Labore auf die Möglichkeit hinweisen, Isolate am NRZ für Pneumokokken in Bezug auf den Serotyp unentgeltlich untersuchen zu lassen.

Literaturhinweise

STIKO: Wissenschaftliche Begründung für die Aktualisierung der Empfehlungen zur Indikationsimpfung gegen Pneumokokken für Risikogruppen. Epid Bull 2016; 37:385–406.
 STIKO: Wissenschaftliche Begründung für die Aktualisierung der Pneumokokken-Impfempfehlung für Senioren. Epid Bull 2016; 36:351–583.
 STIKO: Wissenschaftliche Begründung zur Änderung der Pneumokokken-Impfempfehlung für Säuglinge. Epid Bull 2015; 36:378–391.

Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion

Kurzbeschreibung

Vibrio (*V.*) *cholerae* der Serogruppen O1 und O139, die das Cholera-Toxin bilden können, sind die wohl bekanntesten Vertreter der Vibrionen, da sie die epidemische Cholera verursachen. Andere *V. cholerae*, die nicht in der Lage sind, das Cholera-Toxin zu bilden, sowie andere *Vibrio*-Spezies wie *V. vulnificus* oder *V. parahaemolyticus* rufen zum Teil ebenfalls Durchfallssymptomaten hervor (meist weniger schwerwiegend als eine Cholera-Erkrankung), häufiger aber auch gänzlich andere Krankheitsbilder, wie z. B. Wund- oder Ohrinfektionen. Alle pathogenen Vibrionen außer den Erregern der Cholera fasst man auch als Nicht-Cholera-Vibrionen zusammen. Einige davon kommen auch als Teil der normalen Bakterienflora von Meerwasser auch an den Küsten von Nord- und Ostsee, und (selten) auch in leicht salzhaltigen Binnengewässern vor.

Menschen infizieren sich z. B. über Kontakt von offenen Wunden mit Meerwasser, Verletzungen an rohem, z. B. selbst gefangenem Fisch/Meeresfrüchten, oder dem Verzehr roher bzw. nicht durchgegartener Meeresfrüchte. Von klinisch apparenten Infektionen betroffen sind vor allem ältere Personen und/oder solche mit Vorerkrankungen bzw. Immunschwäche. Insbesondere Wundinfektionen bzw. Sepsis-Fälle können bei dieser Personengruppe auch zum Tode führen, z. B. wenn eine antibiotische Behandlung erst verzögert erfolgt.

Die Meldepflicht erstreckt sich bei *V. cholerae* auf alle Erregernachweise, bei den anderen Spezies auf alle Erregernachweise außer bei Ohrinfektionen. Die Falldefinitionen ist noch nicht final abgestimmt. Fälle von Cholera werden im entsprechenden Kapitel beschrieben (s. Kap. 6.09). Im Jahr 2022 wurden 5 übermittelte aber nicht meldepflichtige Ohrinfektionen mit *Vibrio*-Spezies außer *V. cholerae* von der Analyse ausgeschlossen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2022 wurden dem RKI in der Übermittlungskategorie der »Weiteren Bedrohlichen Krankheiten« 53 Infektionen mit Nicht-Cholera-Vibrionen übermittelt. Im Jahr 2020, dem ersten Jahr der Meldepflicht, waren es 13, 2021 29. Betroffen waren im Jahr 2022 27 Männer (51 %) und 26 Frauen im Alter von 0 bis 85 Jahren (Altersmedian: 54 Jahre).

13 Infektionen waren klar reiseassoziiert. Dabei handelte es sich um 6 Infektionen mit (*V. alginolyticus* und je eine mit nicht-toxischen *V. cholerae*, *V. parahaemolyticus* und *V. fluvialis* aus dem Mittelmeerraum, eine Infektion mit nicht-toxischen *V. cholerae* aus Thailand, eine *V. parahaemolyticus*-Infektion aus der Schweiz, eine *V. vulnificus*-Infektion aus Polen und eine ohne Spezies-Angabe aus den USA.

Bei 11 Infektionen (7-mal *V. alginolyticus*, 2x nicht-toxische *V. cholerae* und 2 Infektionen ohne Spezies-Angabe) gab es keinerlei Hinweise zum Infektionsort.

Die übrigen 29 (55 %) haben sich mutmaßlich in Deutschland infiziert: je 8-mal *V. parahaemolyticus* und nicht-toxische *V. cholerae* (darunter eine Ohrinfektion), 5-mal *V. vulnificus*, 4-mal *V. alginolyticus*, je einmal *V. fluvialis* und *V. harveyi* sowie 2 ohne Spezies-Angabe). Die 24 bekannten Erkrankungsbeginne lagen im Zeitraum März bis November 2022, 16 (67 %) im Juli und August (Vorjahr 2021: 74 %). Eine 58-jährige wohnungslose Frau, infiziert mit nicht-toxischen *V. cholerae*, verstarb im Binnenland ohne bekannten Infektionsort. Bei 13 Fällen lagen die Infektionsorte (wo nicht angegeben, die Wohnorte) in an die Ostsee angrenzenden Kreisen in Mecklenburg-Vorpommern oder Schleswig-Holstein (5 Fälle mit nicht-toxischen *V. cholerae*, 4 Fälle mit *V. vulnificus*-, 2 Fälle mit *V. parahaemolyticus*-Infektion, ein Fall mit *V. fluvialis* und ein Fall ohne Speziesangabe), ein Fall infizierte sich vermutlich durch Nordsee-Kontakt (Infektion mit *V. alginolyticus*). Bei 15 Fällen wird der Infektionsort im Binnenland vermutet oder ist unbekannt (s. Tab. 6.67.1).

Insgesamt 16 (30 %) der betroffenen Personen sind als hospitalisiert übermittelt. Die Krankheitsform ist nur vereinzelt im Freitext angegeben und auch aus den angegebenen Symptomen nicht immer eindeutig abzuleiten: Neben einer Ohrinfektion wurden bei 30 Fällen Wundinfektionen mit oder ohne Sepsis beschrieben (mehrheitlich *V. alginolyticus* und

Tab. 6.67.1: Übermittelte Fälle von nicht-Cholera-Vibrionen nach Erregerspezies, 2022

Spezies	Infektionsort Deutschland	Infektionsort unbekannt	Infektionsort Ausland	Summe
<i>V. alginolyticus</i>	4	7	6	17
<i>V. cholerae</i> , nicht toxisch	8	2	2	12
<i>V. parahaemolyticus</i>	8		2	10
<i>V. vulnificus</i>	5		1	6
<i>V. fluvialis</i>	1		1	2
<i>V. harveyi</i>	1			1
ohne Speziesangabe	2	2	1	5

V. parahaemolyticus Infektionen), häufig ausgehend von schlecht heilenden, vorbestehenden Wunden; in einem Fall drangen die Erreger vermutlich beim Umgang mit Seefisch durch die Haut. Bei 7 Fällen wurden (auch) gastroenterische Symptome angegeben, einmal in Kombination mit einer Pneumonie (vor allem bei Infektionen mit nicht-toxischen *V. cholerae* und *V. parahaemolyticus*).

In den Vorjahren 2002 bis 2019, in denen die Meldepflicht noch nicht bestand, wurde dem RKI an deutschen Küsten jährlich Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektionen in einer Größenordnung von 0 bis 20 Fällen bekannt. Die Fälle traten vermehrt in den wärmeren Sommern 2003, 2006, 2010, 2018 und 2019 auf. Darüber hinaus gab es vereinzelt auch reiseassoziierte Infektionen nach marinen Expositionen in anderen Meeren. Die Zahl reiseassoziiierter Infektionen 2020 bis 2022 ist vermutlich durch die Reisebeschränkungen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Literaturhinweise

- Gildas Hounmanou Y, Engberg J, Bjerre K, et al.: *Correlation of High Seawater Temperature with Vibrio and Shewanella Infections, Denmark, 2010 – 2018*. Emerg Infect Dis 2023. <https://doi.org/10.3201/eid2903.221568>
- Meyer HL, Polan C, Burggraf M, et al.: *“The Baltic Sea Germ”: A Case Report of Necrotizing Fasciitis following Vibrio vulnificus Infection*. Case Rep Orthop 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/5908666>
- Hecht J, Borowiak M, Fortmeier B, et al.: *Case Report: Vibrio fluvialis isolated from a wound infection after a piercing trauma in the Baltic Sea*. Access Microbiol 2022. <https://doi.org/doi:10.1099/acmi.0.000312>
- Brehm TT, Berneking L, Sena Martins M, et al.: *Heatwave-associated Vibrio infections in Germany, 2018 and 2019*. Euro Surveill 2021. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.41.2002041>
- RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen zu Nicht-Cholera-Vibrionen (Stand 07.05.2020)*. www.rki.de/vibrionen

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2022
Robert Koch-Institut, Berlin, 2024

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin

Internet: www.rki.de
E-Mail: zentrale@rki.de
X (ehemals Twitter): [@rki_de](https://twitter.com/rki_de)

Redaktion

Christin Wolff, Abteilung für Infektionsepidemiologie

Satz

cocoköbel GbR, Berlin

Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist NUR online abrufbar unter www.rki.de/jahrbuch.

Nachdruck

Nachdrucke aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch sowie die Verwendung von Daten aus SurvStat@RKI in Veröffentlichungen sind unter Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Ein Belegexemplar wird erbeten.

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2022, Berlin 2024

ISBN 978-3-89606-329-8
DOI 10.25646/12213

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.dnb.de> abrufbar.



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

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die bundesweit einheitlich erfassten und an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet. Grundlage dazu ist das Infektionsschutzgesetz, welches auch festlegt, dass das RKI Falldefinitionen erstellt. Auf deren Grundlage wird an den Gesundheitsämtern entschieden, welche eingegangenen Meldungen an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Diese Daten werden jedes Jahr zusammengestellt und in diesem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht.