

**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2021**



**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2021**

Datenstand: 15. März 2022

Vorwort

Digitalisierung und Datenverfügbarkeit sind zentrale Aspekte, die das Robert Koch-Institut seit vielen Jahren aktiv voranbringt. Seit Beginn der COVID-19-Pandemie wird diese zwingend notwendige Innovation endlich nachhaltig unterstützt. Bestes Beispiel für die Fortschritte sind die Meldedaten, die gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) erhoben werden. Die Meldewege zwischen Meldenden und Öffentlichem Gesundheitsdienst (ÖGD) wurden mit dem Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) digitalisiert, und dies nicht mehr nur für COVID-19, sondern mittlerweile für nahezu alle meldepflichtigen Infektionskrankheiten. Die nächsten Ausbaustufen befinden sich bereits in der Umsetzung, die wir kontinuierlich vorantreiben. Daten zu COVID-19 werden für die Lagebewertung größtenteils automatisiert und maschinenlesbar zur Verfügung gestellt, Algorithmen werden für die frühzeitige Erkennung von Ausbruchsgeschehen und besonderen Ereignissen kontinuierlich weiterentwickelt. Durch die Zusammenführung der Ergebnisse der genomischen Untersuchungen mit den epidemiologischen Daten können neu auftretende SARS-CoV-2-Varianten besser überwacht und hinsichtlich ihrer Transmission, Immunevasion und Virulenz bewertet werden. Diese wenigen Beispiele belegen den hohen Nutzen der zwingend notwendigen Digitalisierung des Meldewesens – ein Prozess, dessen zeitnahe Umsetzung auf ausreichende fachliche, finanzielle und technische Ressourcen angewiesen ist.

So profitiert auch das Infektionsepidemiologische Jahrbuch von diesen Entwicklungen, denn die Datengrundlage wird kontinuierlich verbessert. Gleichzeitig macht das Jahrbuch deutlich, dass die reine Erfassung von Meldedaten nicht genügt. Im Gegenteil, ohne die fachliche, insbesondere epidemiologische Kompetenz, können diese Daten weder bewertet, noch in den Kontext eines epidemischen Geschehens eingeordnet werden. Genau dies stellt den großen Mehrwert des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs dar, weshalb wir das Jahrbuch immer wieder mit großer Freude den Kolleginnen und Kollegen im ÖGD und allen infektionsmedizinischen Fachkreisen zur Verfügung stellen. Expertinnen und Experten des RKI beobachten und analysieren den Trend jeder einzelnen meldepflichtigen Infektionskrankheit. Durch bundesweit einheitliche Vorgaben des RKI werden die Daten zwischen verschiedenen Bundesländern und Kreisen vergleichbarer. Datenqualitätskontrollen sichern eine hohe Verlässlichkeit der Daten, weisen aber auch auf Aspekte hin, die bei der Interpretation der Daten zu berücksichtigen sind. Dies alles wird der Leserschaft des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs wie immer im Gesamtpaket zur Verfügung gestellt.

Wie auch im Vorjahr war COVID-19 die alles dominierende Infektionskrankheit. Die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie hatten und haben, neben den Auswirkungen auf die Verbreitung von COVID-19, auch erhebliche Auswirkungen auf das Auftreten anderer meldepflichtiger Infektionskrankheiten und erschweren insbesondere den Vergleich mit den Daten der vorpandemischen Jahre. Nichtsdestotrotz möchten wir Sie mit dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch in gewohnter Weise einladen, strukturiert auf die Meldedaten des vergangenen Jahres zu blicken. Neben dem Vergleich von Meldedaten zu den Vorjahren werden auch Daten zu verschiedenen Krankheiten miteinander verglichen.

Der Effekt der getroffenen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie auf andere Infektionskrankheiten wird am Beispiel von Influenza besonders deutlich. Die außergewöhnlich niedrige Anzahl an Influenzafällen war bemerkenswert. Weder in Deutschland noch in den anderen europäischen Staaten konnte eine auf Bevölkerungsebene messbare Grippewelle für die Saison 2020/21 nachgewiesen werden. Dies wird unter anderem auf die nationalen und internationalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt, die auch eine Übertragung anderer respiratorisch übertragbarer Erreger verhindert haben.

Die Pandemie hat verdeutlicht wie wichtig die Meldedaten gemäß IfSG als Evidenzgrundlage für rationale und differenzierte Public-Health-Entscheidungen sind. Als solche sollten sie kritisch gewürdigt und genutzt werden. Ihre Bedeutung rechtfertigt u. a. auch den großen Aufwand für die Veröffentlichung in dieser Form. Mein Dank gilt allen Mitarbeitenden auf allen Ebenen des ÖGD, die an der Bereitstellung der Daten beteiligt sind und uns allen – nicht nur in Zeiten einer Pandemie – einen großen Dienst erweisen.

Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Lothar H. Wieler,
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 Vollständigkeit 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
4.4 Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten	34
5 Ausbrüche	37
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	37
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	38
6 Spezielle Krankheiten	43
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	43
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis	47
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige	50
6.4 Bornavirus-Erkrankung	50
6.5 Botulismus	51
6.6 Brucellose	52
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis	53
6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung	56
6.9 Cholera	58
6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	58
6.11 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	60
6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)	63
6.13 Denguefieber	66
6.14 Diphtherie	69
6.15 Echinokokkose	71
6.16 EHEC-Erkrankung	74
6.17 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	77
6.18 Fleckfieber	80
6.19 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)	81
6.20 Giardiasis	85
6.21 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	88
6.22 Hantavirus-Erkrankung	91
6.23 Hepatitis A	94
6.24 Hepatitis B	98
6.25 Hepatitis C	103
6.26 Hepatitis D	107
6.27 Hepatitis E	109
6.28 HIV-Infektion	111
6.29 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	116

6.30	Influenza	118
6.31	Keuchhusten	123
6.32	Kryptosporidiose	128
6.33	Läuserückfallfieber	131
6.34	Legionellose	132
6.35	Lepra	136
6.36	Leptospirose	136
6.37	Listeriose	138
6.38	Malaria	141
6.39	Masern	144
6.40	Meningokokken, invasive Infektion	148
6.41	Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	153
6.42	Milzbrand	154
6.43	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	154
6.44	Mumps	157
6.45	Norovirus-Gastroenteritis	161
6.46	Ornithose	165
6.47	Paratyphus	166
6.48	Pest	167
6.49	Poliomyelitis	167
6.50	Q-Fieber	167
6.51	Rotavirus-Gastroenteritis	169
6.52	Röteln	174
6.53	Salmonellose	176
6.54	Shigellose	180
6.55	Syphilis	183
6.56	Tollwut	186
6.57	Toxoplasmose, konnatale Infektion	187
6.58	Trichinellose	188
6.59	Tuberkulose	189
6.60	Tularämie	193
6.61	Typhus abdominalis	194
6.62	Virale Hämorrhagische Fieber	196
6.63	West-Nil-Virus-Erkrankung	197
6.64	Windpocken	198
6.65	Yersiniose	202
6.66	Zikavirus-Erkrankung	205
6.67	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	206
	Impressum	208

Autorinnen und Autoren

Mona Askar
Franziska Badenschier
Jonathan Baum
Anna-Lisa Behnke
Susanne Behnke
Johannes Boucsein
Lena Bös
Viviane Bremer
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Wei Cai
Michaela Diercke
Sandra Dudareva
Tim Eckmanns
Julia Enkelmann
Werner Espelage
Mirko Faber
Gerd Falkenhorst
Christina Frank
Timo Greiner
Matas Griskaitis
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Alexandra Holzer
Franziska Hommes
Klaus Jansen
Kerstin Kling
Anja Klingeberg
Judith Koch
Wiebe Külper-Schiek
Raskit Lachmann
Ulrich Marcus
Dorothea Matysiak-Klose
Anika Meinen
Inge Mücke
Teresa Nygren
Delphine Perriat
Antonia Pilic
Kerstin Pörtner
Kirsten Prins
Felix Reichert
Ulrich Reinacher
Bettina Rosner
Katrin Rothe
Mirco Sandfort
Julia Schilling
Nicole Schmidt
Meike Schöll
Madlen Schranz
Viktoria Schönfeld
Anette Siedler
Claudia Sievers
Claudia Siffczyk
Ida Sperle-Heupel
Klaus Stark
Gyde Steffen
Jan Stratil

Anja Takla
Alexander Ullrich
Sabine Vygen-Bonnet
Hendrik Wilking
Jessica Wohlleben
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Mona Askar
Hermann Claus
Michaela Diercke
Timo Greiner
Alexandra Hoffmann
Inge Mücke
Claudia Siffczyk
Birte Wagner

Weitere beteiligte Personen

Maren Enßle
Regina Escher
Helena Heese
Maria Helmrich
Alexandra Hofmann
Alexandra Holzer
Martina Koch-Abdelgader
Sabine Ritter
Andrea Sailer
Sina Wallenfels
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
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 Impfkommission 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)

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 2021 war die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) die alles dominierende meldepflichtige Infektionskrankheit. Die andauernde COVID-19-Pandemie hat auch im 2. Jahr nicht nur zu einer enormen Belastung des Öffentlichen Gesundheitsdienstes geführt, sondern sich auch in verschiedenster Weise auf das Auftreten und die Erfassung von anderen meldepflichtigen Infektionskrankheiten ausgewirkt. Um die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten besser erfassen zu können, werden im Kapitel 4.4 wieder weitergehende Analysen dargestellt, mit denen der Unterschied zwischen den für das Jahr 2021 erwarteten Fallzahlen und den tatsächlichen Fallzahlen quantifiziert wird. Zudem wird auch ein Vergleich zwischen den beiden Pandemiejahren ermöglicht.

Auch im Jahr 2021 war die Anzahl der übermittelten Fälle für fast alle meldepflichtigen Infektionskrankheiten deutlich niedriger im Vergleich zum Zeitraum vor der COVID-19-Pandemie.

Bemerkenswert war die außergewöhnlich niedrige Anzahl an **Influenza**-Fällen. Weder in Deutschland noch in den anderen europäischen Staaten konnte eine auf Bevölkerungsebene messbare Grippewelle für die Saison 2020/21 nachgewiesen werden. Dies wird unter anderem auf die nationalen und internationalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt, die sich auch die Übertragung anderer respiratorisch übertragbarer Erreger ausgewirkt haben.

Weiterhin wurden weniger Fälle bei von Mensch zu Mensch übertragenen Krankheiten, wie z. B. **Masern**, **Keuchhusten**, **Mumps** und **Windpocken** beobachtet. Bei gastrointestinalen Infektionen gab es unterschiedliche Entwicklungen. Während die Fallzahlen bei **Rotavirus-Gastroenteritis** im Vergleich zu 2020 in etwa gleich blieben, gab es im Jahr 2021 wieder mehr Fälle von **Norovirus-Gastroenteritis**, **Shigellose** und **EHEC-Erkrankung**. Auch bei nosokomialen Infektionen, wie z. B. invasiver Infektion mit **MRSA** oder schwer verlaufender **Clostridioides-difficile-Erkrankung**, wurden wieder mehr Fälle im Vergleich zum Vorjahr beobachtet. Bei den sexuell und durch Blut übertragenen Infektionen konnte ein Rückgang bei den Fallzahlen von **Syphilis** und **Hepatitis B** beobachtet werden, während die Fallzahlen anderer Infektionen, wie z. B. **HIV-Infektionen**, in etwa gleichblieben.

Klassische reiseassoziierte Krankheiten, wie z. B. **Denguefieber**, wurden seltener übermittelt. Lediglich bei **Malaria** gab es im Vergleich zum Jahr 2020 wieder einen Anstieg, wobei die Fallzahl weiterhin deutlich unter Vorpandemieniveau lag.

Die Gründe für diese veränderten Dynamiken sind multifaktoriell sowie krankheits- bzw. erregerspezifisch. Neben möglichen Veränderungen der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen können die im Zuge der COVID-19-Pandemie getroffenen Public-Health-Maßnahmen, z. B. Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln, aber auch Schul- und Kitaschließungen und Reisebeschränkungen, zu einer echten Veränderung der Übertragungsdynamik anderer Infektionskrankheiten geführt haben. Abschließende Aussagen zur Kausalität können basierend auf einer Analyse der vorliegenden Meldedaten allein nicht getroffen werden.

Bei der **Hantavirus-Erkrankung** wurden im Jahr 2021 mehr Fälle als im Jahr 2020 beobachtet. Aufgrund des Zusammenhangs zwischen der Dichte der Nagetierpopulation und der Buchenmast der Vorjahre sind jährliche Schwankungen für die Hantavirus-Erkrankungen typisch. Nach einer starken Buchenmast im Jahr 2020 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumalavirus ausgelösten Hantavirus-Erkrankungen wieder sehr hoch, erreichte aber nicht das Niveau des bisherigen Rekordjahres 2012.

Trotz des starken Rückgangs der Fallzahlen zählen wie in den Vorjahren die gastrointestinalen Krankheiten **Campylobacter-Enteritis**, **Norovirus-Gastroenteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis** zu den häufigsten meldepflichtigen Infektionskrankheiten.

Auch im Jahr 2021 verdeutlichten die COVID-19-Pandemie und das Auftreten von besorgniserregenden Virusvarianten die Bedeutung einer integrierten molekularen Surveillance, bei der die Ergebnisse aus der Erregertypisierung gemeinsam mit den Daten aus dem Meldesystem gemäß IfSG bewertet werden.

Die molekulare Surveillance spielt auch bei der Erkennung von Ausbruchsgeschehen eine sehr wichtige Rolle. Insbesondere Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, können so leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden. So konnten 70 übermittelte Erkrankungen durch **Salmonella Braenderup** einem großen multinationalen Ausbruch mit insgesamt mehr als 300 Fällen zugeordnet werden. Mittels epidemiologischer Studien sowie durch Nachweis des Ausbruchstamms im Lebensmittel und in der Produktionsstätte wurden Galiamelonen aus Honduras als Infektionsvehikel ermittelt.

Executive Summary

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

The coronavirus disease (COVID-19) continued to be the primary notifiable infectious disease in the year 2021. Not only did the COVID-19 pandemic place an enormous burden on the public health system in Germany, it also affected the occurrence and detection of other notifiable infectious diseases. In order to better understand the impact of the COVID-19 pandemic on other notifiable infectious diseases, chapter 4.4 presents further analyses regarding the difference between the expected number of cases and the actual number of cases in 2021. A comparison between the two pandemic years will also be provided.

The number of reported cases of almost all notifiable infectious diseases in 2021 was substantially lower as compared to the period before the COVID-19 pandemic.

Especially noteworthy was the exceptionally low number of influenza cases. Neither in Germany nor in other European countries was there evidence of a measurable influenza wave at the population level for the 2020/21 season. This can be attributed to, among others, the national and international measures taken to contain the COVID-19 pandemic, which may also have affected the transmission of other respiratory transmissible pathogens.

Additionally, fewer cases were observed for human to human transmitted diseases such as measles, whooping cough, mumps and chickenpox. There were varying developments concerning gastrointestinal infections. While the cases for rotavirus gastroenteritis remained approximately the same as in 2020, there were more cases for norovirus gastroenteritis, shigellosis and EHEC disease. In the case of nosocomial infections, such as invasive infection with MRSA or severe *Clostridioides difficile* disease, more cases were again observed compared to the previous year. Among sexually and blood-borne infections, a decrease in the number of cases of syphilis and hepatitis B was observed, while the number of cases of other infections, such as HIV infections, remained more or less the same.

Typical travel-associated diseases, such as dengue fever, were reported less frequently. Only malaria showed an increase compared to 2020, although the number of cases remained well below pre-pandemic levels.

The reasons for these changing dynamics are multifactorial, as well as disease- or pathogen-specific. In addition to possible changes in the use of or access to health care services, public health measures taken in the wake of the COVID-19 pandemic, e.g., contact restrictions, distance and hygiene rules, but also school and daycare closures and travel restrictions, may have led to a real change in the transmission dynamics of other infectious diseases. However, conclusive statements on causality cannot be made based on an analysis of the available reporting data alone.

More cases of hantavirus disease were observed in 2021 than in 2020. Due to the correlation between the density of the rodent population and the beech mast in previous years, strong annual fluctuations are typical for hantavirus disease. Following a strong beech mast in 2020, the incidence of hantavirus disease in southern and western Germany, mainly caused by Puumalavirus, was again very high, but did not reach the level of the previous record year in 2012.

Despite the sharp decline in case numbers, the gastrointestinal diseases *Campylobacter enteritis*, norovirus gastroenteritis, and rotavirus gastroenteritis remain among the most common notifiable infectious diseases, as in previous years.

In 2021, the COVID-19 pandemic and the emergence of viral variants of concern again highlighted the importance of an integrated molecular surveillance, in which the results from pathogen typing are evaluated together with data from the reporting system based on the IfSG.

Molecular surveillance also plays a very important role in the detection of outbreaks. In particular, cases that occur over a longer period of time can be more easily assigned to a protracted outbreak. In this manner, 70 transmitted cases of *Salmonella Braenderup* could be attributed to a large multinational outbreak with a total of more than 300 cases. Galiamelons from Honduras were identified as the infection vehicle by means of epidemiological studies and detection of the outbreak strain in the food and at the production site.

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 die 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 zur 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-Choleravibrionen. 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.

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.

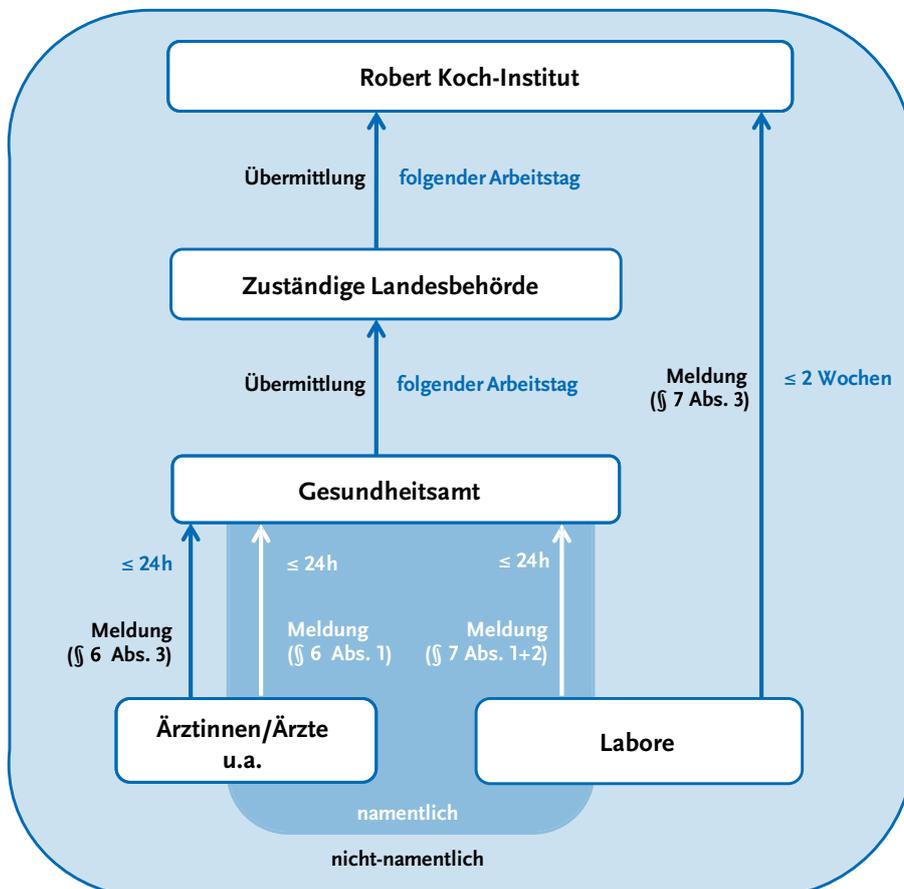
Übersicht Meldepflichten und Einzelfallkontrolle

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.

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen (zwei 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.

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		■		■

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI		Einzelfallkontrolle am RKI ¹
	Arztmeldung ²	Labormeldung ³		Labormeldung ³	
6.42 Milzbrand	■	■			■
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	■			
6.50 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		■			■

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

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 bzw. sollen. 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 erfüllttem 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.

Falldefinitionskategorien

Aus der Kombination dieser drei Evidenztypen ergeben sich die folgenden fünf Falldefinitionskategorien, 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.

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.

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 Falldefinitionskategorie 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 Infektionsepidemiologischen 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 Falldefinitionskategorien.

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

Referenzdefinition

Alle Fälle, die eine entsprechende Falldefinitionskategorie erfüllen, werden an das RKI übermittelt. Veröffentlicht werden

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)	■	■	■	■	■

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.
- 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_1_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 2021 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 04.01.2021 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 02.01.2022 (einem Sonntag) endet. Die ersten drei Tage des Jahres 2021 werden demnach noch dem Meldejahr 2020 zugeordnet und die ersten zwei Tage des Kalenderjahres 2022 werden dem Meldejahr 2021 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 bei 94 % der Fälle Angaben zur PLZ der betroffenen Personen vorhanden waren, waren es bei HIV-Infektionen nur 78 % und bei konnataler Toxoplasmose 70 % (letztere allerdings bei insgesamt sehr niedrigen Fallzahlen). Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2021 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, 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

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 Wohnorts der betroffenen Person	Nach PLZ des/der einsendenden Arztes/Ärztin	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	6.691	94 %	6 %	0 %
HIV-Infektion	2.234	78 %	20 %	2 %
Malaria	605	87 %	8 %	4 %
Echinokokkose	152	88 %	11 %	1 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	10	70 %	30 %	0 %

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 aufgegliedert nach Alter, Geschlecht und Bundesland oder Kreiszugehörigkeit dargestellt. Durch den Bezug auf die Anzahl der 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 2021 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2020 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. Ausnahmsweise wurde im vorliegenden Jahrbuch der Datenstand 15.03.2022 genutzt (für HIV 01.04.2022). 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 2021 Fallzahlen für das Jahr 2020 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 15.03.2022 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 2020 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2020 – mit Datenstand 01.03.2021 – 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 zwei Monate gegenüber dem Diagnosedatum 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 249 (66 %) 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 nach seltenen Ereignissen 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.

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

RKI: *DEMIS-Wissensdatenbank*: <https://wiki.gematik.de/display/DSKB>

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 laboridiagnostisch 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 laboridiagnostische Untersuchung veranlasst wird.
- ▶ Laboridiagnostische 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 u.a. auf die Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen (s. Kap. 4.4).

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Es ist davon auszugehen, dass nicht alle Meldepflichtigen der Meldepflicht nachkommen, so dass ein Teil der ärztlich oder laboridiagnostisch 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 werden durch die Einführung von DEMIS und die damit einhergehende digitale Unterstützung des Meldeprozesses sowie die Standardisierung von Meldeinhalten und -formaten verbessert.

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

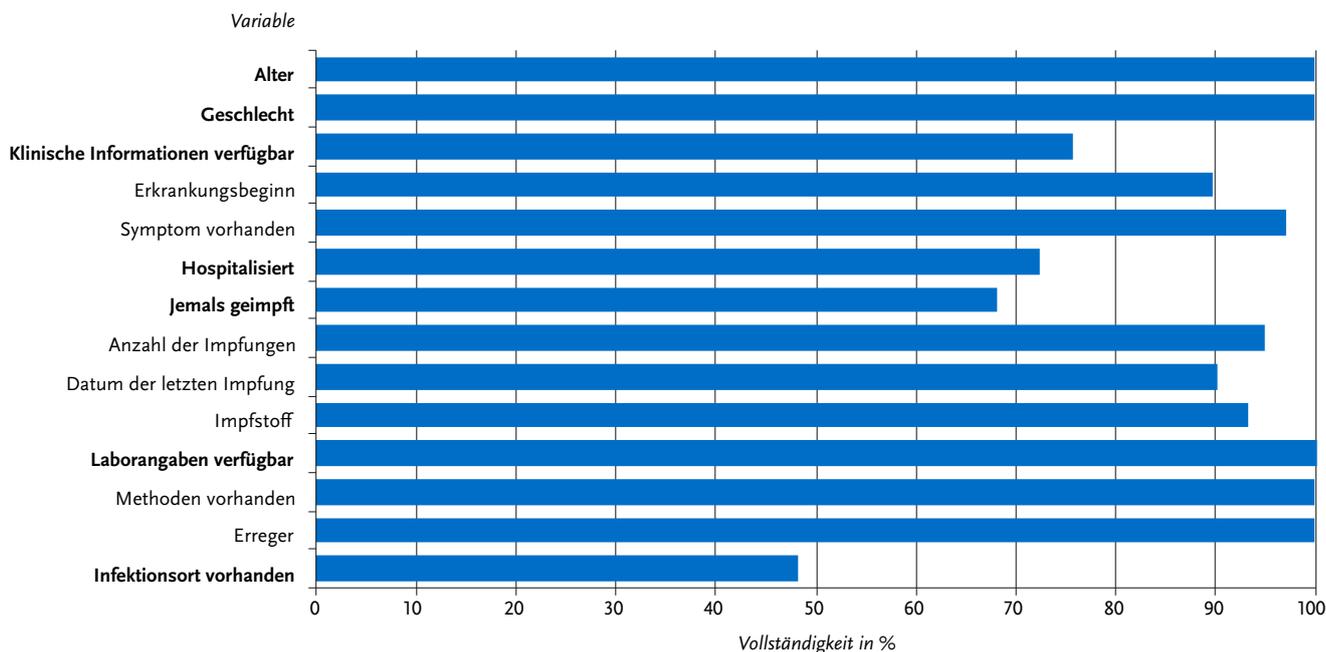
- von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, Altmann D, Zimmermann R, Dudareva S: *Implications of a change in case definition and screening of asylum seekers for hepatitis B surveillance in Germany in 2015 and 2016*. *Epidemiol Infect* 2020. doi.org/10.1017/S0950268820000242
- Boes L, Houareau C, Altmann 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 klinischen Informationen (76 %) und Laborangaben (100 %), sind zum Teil in hohem Maße vorhanden. Angaben, die teilweise von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen,

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2021



z.B. Angaben, ob die betroffene Person geimpft ist, oder Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort liegen in 68 % bzw. 48 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1). Allerdings spiegeln diese Daten aufgrund des hohen Anteils von COVID-19-Fällen an allen Fällen für 2021 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 2021 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 SurvNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im aktuellen Berichtsjahr 5.675.439 Fälle mit hinreichenden Angaben, das sind fast 100 % aller übermittelten Fälle. Fälle, die nicht mit SurvNet@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Meldewoche anstelle von datums-genaue Angaben, somit kann bei diesen kein Zeitintervall in Tagen gemessen werden.

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:** Datum, an dem ein Fall, der der Einzel-fallkontrolle 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 2.535.812 Fällen (45 %) berechnet werden. Im Jahr 2021 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 4 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 84 % der im Jahr 2021 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag bei 0 Tagen, d. h. es gab kaum Verzögerungen. Dies kann vor allem auf den sehr hohen Anteil der SARS-CoV-2-Meldungen zurückgeführt werden. Diese wurden im Jahr 2021 überwiegend elektronisch gemeldet.

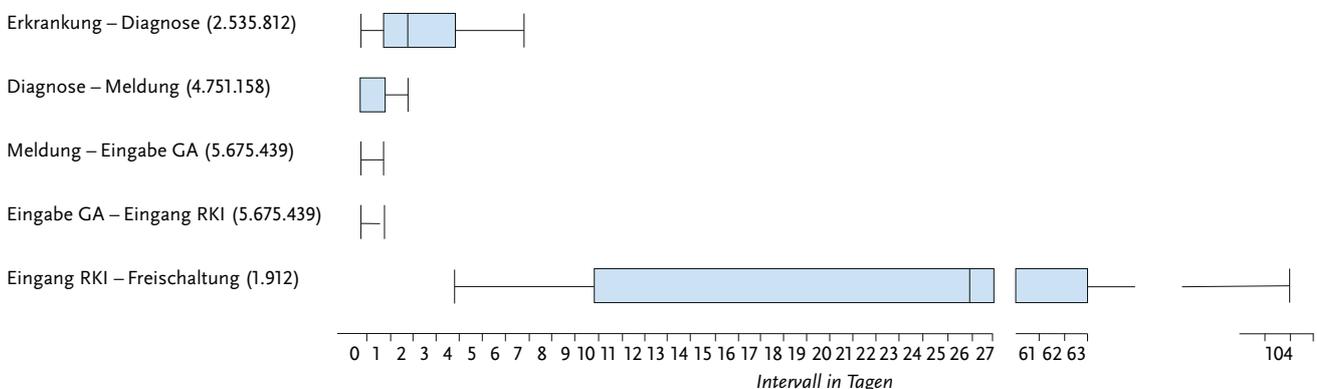
Der Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt lag im Median bei 0 Tagen und verursachte somit ebenfalls kaum Verzögerungen. Auch hier spielt insbesondere die elektronische Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen eine große Rolle. Die Meldungen werden elektronisch im Gesundheitsamt 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 1.912 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 26 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 2021 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, 2021 (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-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitionskategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-laboridiagnostisch 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 2021 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die mit Abstand höchste Inzidenz wies im Jahr 2021 die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) mit bundesweit 6.543 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf. Die zweithöchste Inzidenz entfiel auf die *Campylobacter*-Enteritis (58), und war damit etwa so hoch wie im Vorjahr (56). Zu den häufigsten Krankheiten gehören darüber hinaus Norovirus-Gastroenteritis (40 Erkr./100.000 Einw.), Hepatitis B (10), Salmonellose (10), Syphilis (8), Windpocken (8), Rotavirus-Gastroenteritis (7) und Hepatitis C (6). Influenza war im Jahr 2021 mit 1.124 übermittelten Fällen deutlich seltener als im Vorjahr (194.843).

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 haben wie auch im Vorjahr die Windpocken (7 Jahre). Der Median von einigen gastrointestinalen Krankheiten wie der EHEC-Erkrankung, der Norovirus-

Gastroenteritis, der Salmonellose, der Kryptosporidiose und der Rotavirus-Gastroenteritis lag zwischen 16 und 40 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 und 47 Jahren. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian bei 71 bzw. 78 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 Syphilis, HIV-Infektion und Hepatitis C, aber auch für Legionellose, *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und invasive MRSA-Infektionen. Dagegen waren die Inzidenzen von Keuchhusten, Hepatitis A, schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und Norovirus-Gastroenteritis 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 u. a. überwiegend für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie 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 und Hepatitis C lagen die Inzidenzen in den Stadtkreisen höher als auf dem Land.

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

Abb. 4.1.1:
 Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten
 mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2021

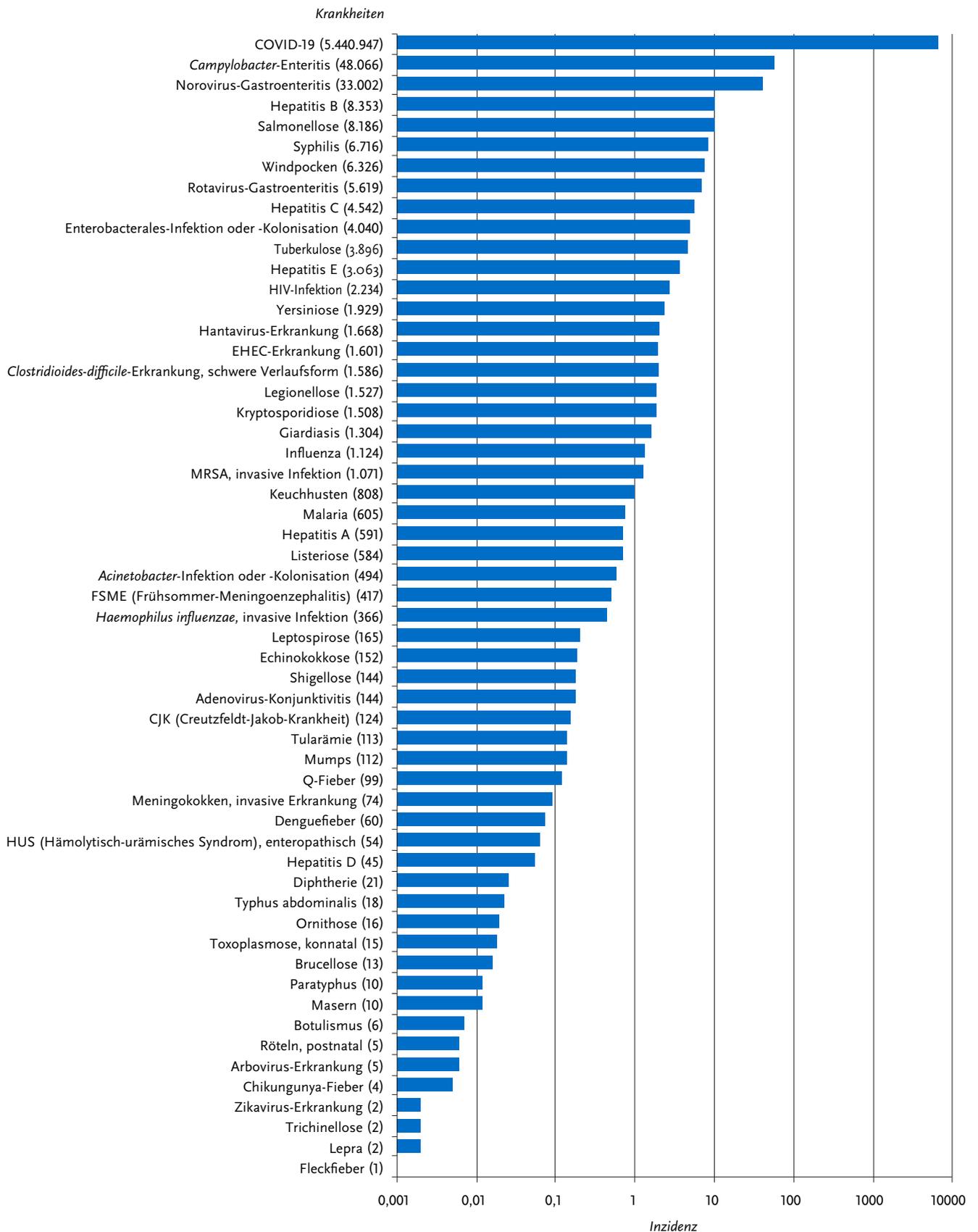


Abb. 4.2.1:
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen
Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2021

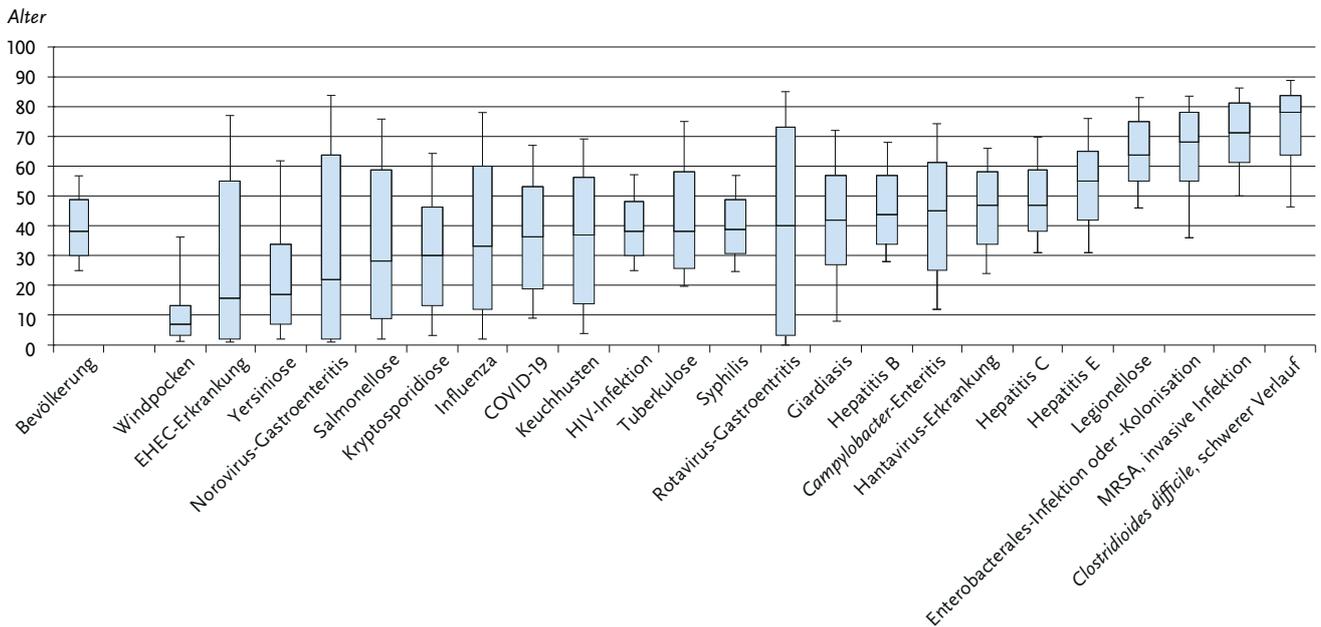


Abb. 4.2.2:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit
statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2021

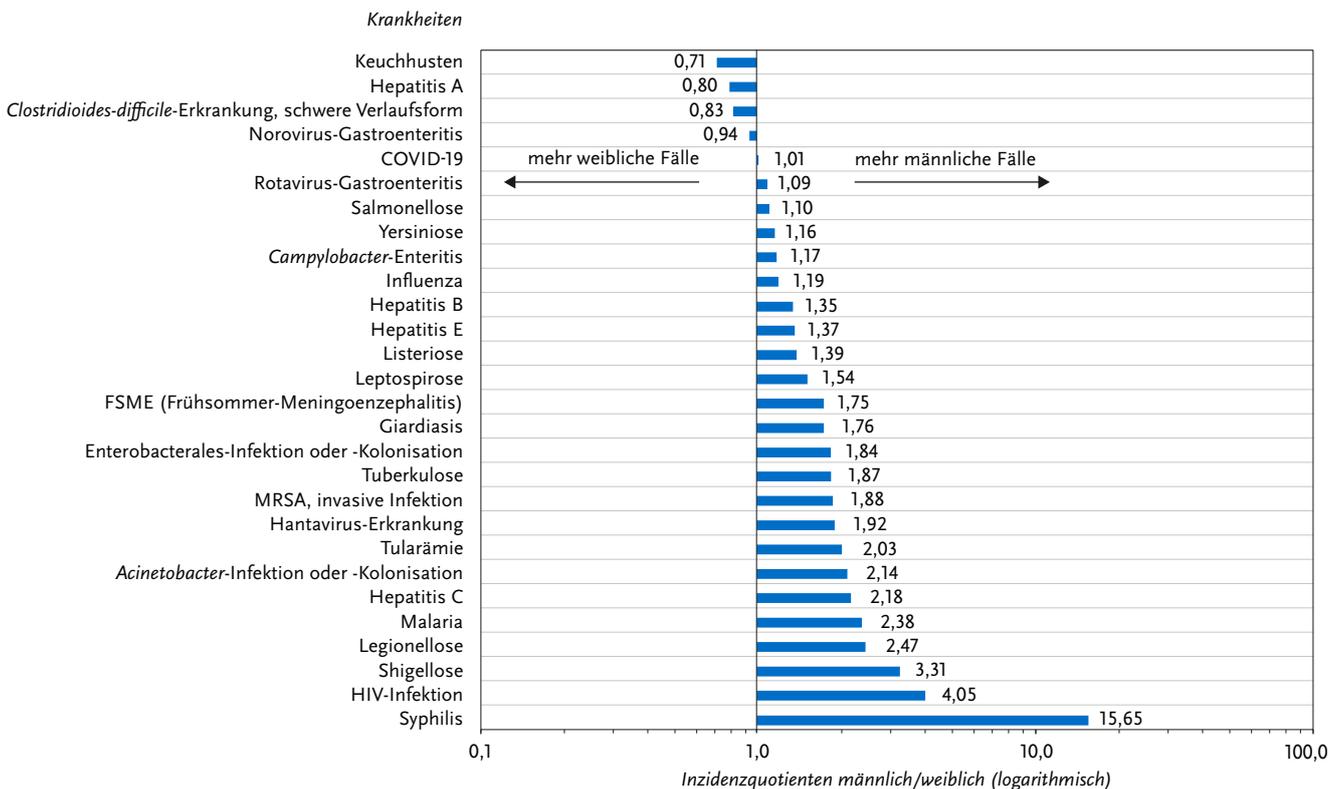
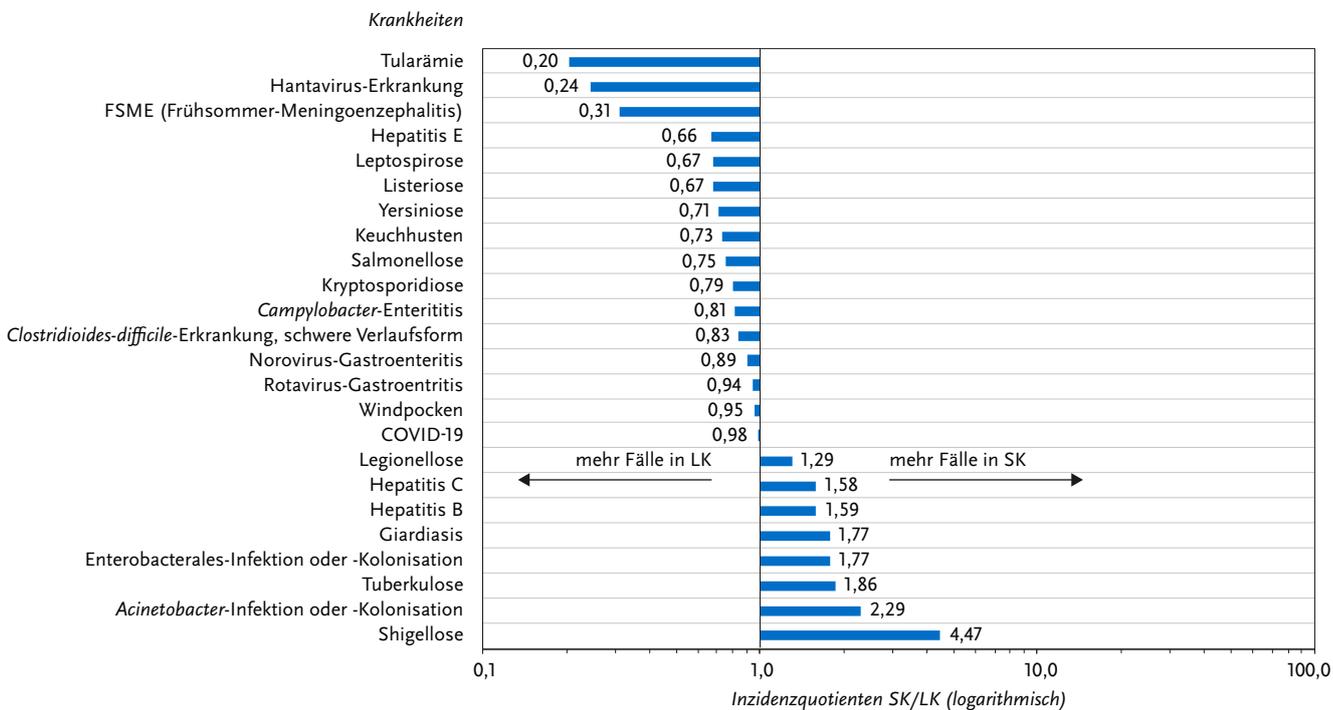


Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten
mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2021



4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 69 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 8 % stationär im Krankenhaus behandelt. 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 2021 dargestellt. Krankheiten wie HIV-Infektion, Syphilis und Malaria, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden.

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95 % wurden für die invasive MRSA-Infektion, Legionellose, Listeriose und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurden bei den Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen, also bei COVID-19 (252.382), gefolgt von Norovirus-Gastroenteritis (13.881) und *Campylobacter*-Enteritis (10.113) 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 mit schwerem Verlauf 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.

Angaben zum Tod lagen für über 96 % der übermittelten Fälle vor, von denen insgesamt 1 % krankheitsbedingt verstorben sind. In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2021 dargestellt. Krankheiten, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden,

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, 2021

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	5.440.947	3.721.423	252.382	7	5.241.470	55.528	1
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	48.066	42.246	10.113	24	47.764	7	0
Norovirus-Gastroenteritis	33.002	28.469	13.881	49	32.816	16	0
Hepatitis B	8.353	5.849	898	15	8.248	6	0
Salmonellose	8.186	7.442	2.912	39	8.145	18	0
Windpocken	6.326	5.268	293	6	6.278	2	0
Rotavirus-Gastroenteritis	5.619	4.997	2.827	57	5.562	4	0
Hepatitis C	4.747	3.244	864	27	4.688	4	0
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	4.040	3.605	3.304	92	3.897	34	1
Tuberkulose	3.896	3.609	3.080	85	3.853	112	3
Hepatitis E	3.063	2.856	1.406	49	3.044	7	0
Yersiniose	1.929	1.697	561	33	1.920	0	0
Hantavirus-Erkrankung	1.668	1.615	1.055	65	1.665	1	0
EHEC-Erkrankung	1.601	1.465	520	35	1.591	2	0
<i>Clostridioides difficile</i> , schwerer Verlauf	1.586	1.556	1.505	97	1.537	272	18
Legionellose	1.527	1.514	1.481	98	1.516	80	5
Kryptosporidiose	1.508	1.349	187	14	1.496	0	0
Giardiasis	1.304	1.139	186	16	1.295	0	0
Influenza	1.124	857	367	43	1.107	7	1
MRSA	1.071	1.004	980	98	1.047	54	5
Keuchhusten	808	727	49	7	803	0	0
Hepatitis A	591	563	338	60	587	4	1
Listeriose	584	552	530	96	569	22	4
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	494	434	385	89	481	12	2
FSME (Frühsommermeningoenzephalitis)	417	412	352	85	417	3	1
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	366	348	328	94	361	21	6
Leptospirose	165	159	124	78	164	3	2
Adenovirus-Konjunktivitis	144	122	10	8	144	0	0
Shigellose	144	134	47	35	143	0	0
CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	124	119	113	95	113	62	55
Tularämie	113	103	76	74	112	2	2

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) (55 %), schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (18 %), invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen (6 %), invasive MRSA-Infektionen (5%), Legionellose (5%) und Listeriose (4%) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei COVID-19 (55.528) beobachtet gefolgt von schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen (272) und Tuberkulose (112).

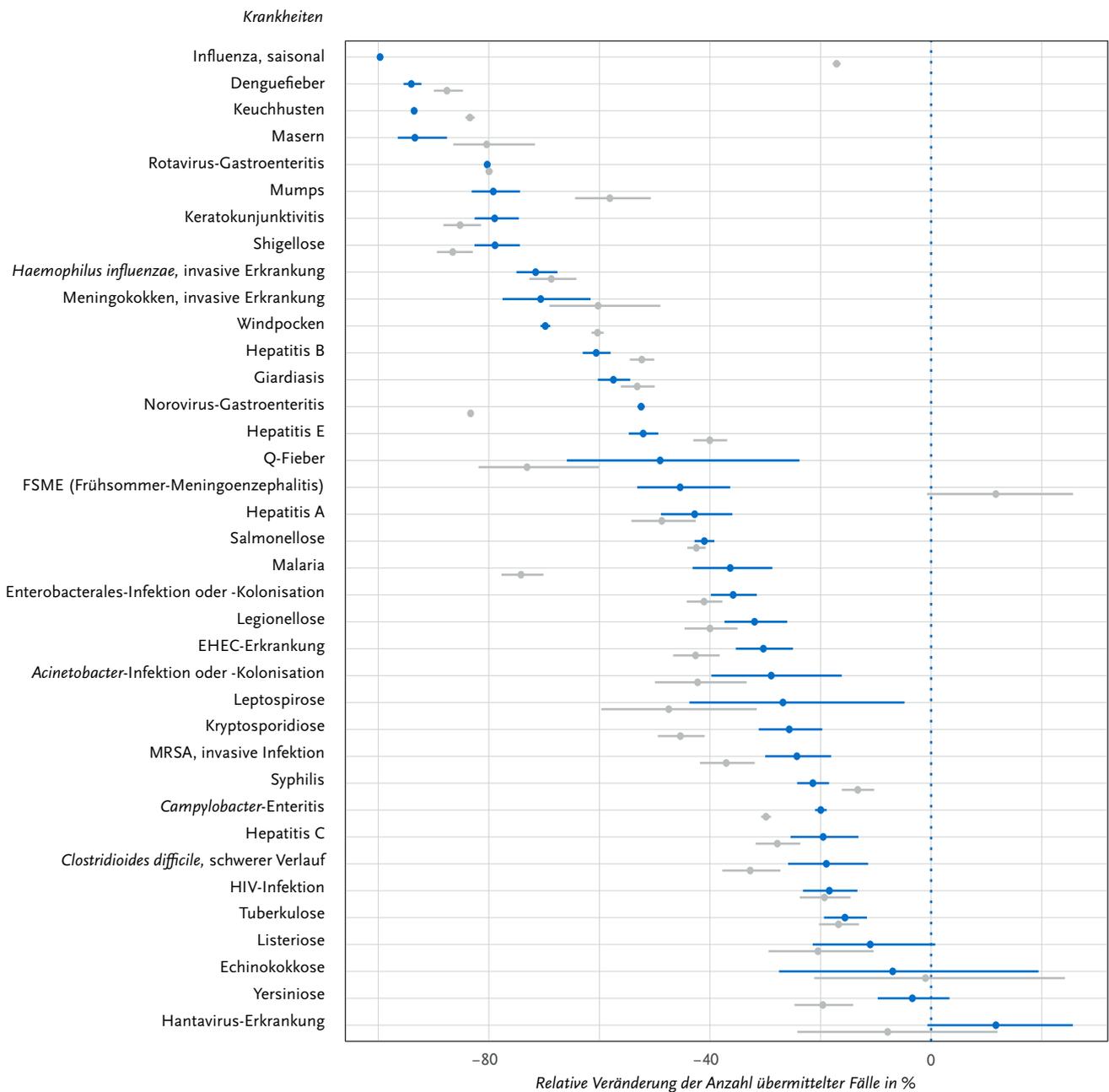
4.4 Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten

Die COVID-19-Pandemie und die damit verbundenen Maßnahmen haben sich auch auf das Auftreten und die Erfassung anderer Infektionskrankheiten ausgewirkt. Um diesen Einfluss besser abschätzen zu können, wurden die während der Pandemie an das RKI übermittelten Fälle von meldepflichtigen Infektionskrankheiten mit den Fallzahlen der Vorjahre verglichen und ins Verhältnis gesetzt. In Abb. 4.4.1 wurden die Fallzahlen der Melde- wochen (MW) 10/2020 bis 53/2020 sowie der MW 01/2021 bis 52/2021 mit Fällen aus den 5 Vorjahren (MW 01/2016 bis

09/2020) verglichen und eine relative Veränderung berechnet. Dabei wurden die tatsächlich übermittelten Fallzahlen mit den auf Basis der Modelle erwarteten Fallzahlen verglichen. Trend und Saisonalität wurden in den Modellen berücksichtigt. Tab. 4.4.1 zeigt neben den modellbasierten Veränderungen auch die absolute Anzahl der in den gesamten Jahren 2020 und 2021 übermittelten Fälle sowie den Median der 5 Vorjahre.

Während der COVID-19-Pandemie sind die Fallzahlen der meisten anderen meldepflichtigen Infektionskrankheiten in Deutschland stark zurückgegangen. Im Vergleich zu den Vorjahren (MW 01/2016 bis 09/2020) wurden im Jahr 2021, also im zweiten Jahr der Pandemie, 64 % (Konfidenzintervall [KI]: 50 % – 75 %) weniger Fälle meldepflichtiger Infektionskrank-

Abb. 4.4.1: Relative Veränderungen der Anzahl übermittelter meldepflichtiger Krankheiten in Deutschland in den Jahren 2020 (grau) und 2021 (blau), im Vergleich zur jeweils erwarteten Anzahl (Modellierung) basierend auf den Meldedaten der 5 Vorjahre, mit 95%-Konfidenzintervall.



Tab 4.4.1:

Anzahl übermittelter meldepflichtiger Krankheiten in Deutschland in den Jahren 2020 und 2021 im Vergleich zu den Meldedaten der 5 Vorjahre (MW 01/2016 bis 09/2020); 5-Jahre Median mit Range, prozentuale Differenz Median und modellbasierte Differenz

Krankheit	2020	2021	5-Jahres-Median (Minimum und Maximum)	Differenz Modell 2020	Differenz Modell 2021
Influenza, saisonal	194.843	1.124	193.903 (65.691 – 274.282)	-17 (-18; -16)	-100 (-100; -100)
Denguefieber	205	60	636 (205 – 1.176)	-88 (-90; -85)	-94 (-95; -92)
Keuchhusten	3.469	808	12.920 (3.469 – 16.838)	-83 (-84; -83)	-94 (-94; -93)
Masern	76	10	516 (76 – 926)	-80 (-86; -72)	-93 (-96; -88)
Rotavirus-Gastroenteritis	6.478	5.619	23.599 (6.478 – 38.264)	-80 (-81; -79)	-80 (-81; -80)
Mumps	338	112	593 (338 – 741)	-58 (-64; -51)	-79 (-83; -74)
Adenovirus-Konjunktivitis	180	144	676 (180 – 721)	-85 (-88; -81)	-79 (-83; -75)
Shigellose	139	144	439 (139 – 678)	-87 (-89; -83)	-79 (-83; -74)
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	523	366	811 (523 – 955)	-69 (-73; -64)	-72 (-75; -68)
Meningokokken, invasive Erkrankung	141	74	287 (141 – 339)	-60 (-69; -49)	-71 (-78; -62)
Windpocken	11.345	6.326	22.204 (11.345 – 25.031)	-60 (-61; -59)	-70 (-71; -69)
Hepatitis B	6.865	8.353	4.504 (3.488 – 8.974)	-52 (-54; -50)	-61 (-63; -58)
Giardiasis	1.669	1.304	3.346 (1.669 – 3.491)	-53 (-56; -50)	-57 (-60; -54)
Norovirus-Gastroenteritis	28.539	33.002	77.633 (28.539 – 84.644)	-83 (-84; -83)	-52 (-53; -52)
Hepatitis E	3.254	3.063	3.254 (1.994 – 3.729)	-40 (-43; -37)	-52 (-55; -49)
Q-Fieber	55	99	107 (55 – 274)	-73 (-82; -60)	-49 (-66; -24)
FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	712	417	485 (353 – 712)	12 (-1; 26)	-45 (-53; -36)
Hepatitis A	561	591	873 (561 – 1.234)	-49 (-54; -43)	-43 (-49; -36)
Salmonellose	8.771	8.186	13.540 (8.771 – 14.270)	-42 (-44; -41)	-41 (-43; -39)
Malaria	366	605	957 (366 – 999)	-74 (-78; -70)	-36 (-43; -29)
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	3.565	4.040	3.751 (3.442 – 4.684)	-41 (-44; -38)	-36 (-40; -32)
Legionellose	1.290	1.527	1.290 (994 – 1.545)	-40 (-45; -35)	-32 (-37; -26)
EHEC-Erkrankung	1.371	1.601	1.877 (1.371 – 2.229)	-43 (-47; -38)	-30 (-35; -25)
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	480	494	746 (480 – 789)	-42 (-50; -33)	-29 (-40; -16)
Leptospirose	120	165	120 (93 – 160)	-47 (-60; -32)	-27 (-44; -5)
Kryptosporidiose	1.193	1.508	1.809 (1.193 – 1.981)	-45 (-49; -41)	-26 (-31; -20)
MRSA, invasive Infektion	1.135	1.071	2.433 (1.135 – 3.183)	-37 (-42; -32)	-24 (-30; -18)
Syphilis	7.398	6.716	7.398 (7.186 – 7.931)	-13 (-16; -10)	-21 (-24; -18)
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	46.639	48.066	67.935 (46.639 – 74.048)	-30 (-31; -29)	-20 (-21; -19)
Hepatitis C	4.573	4.747	4.799 (4.447 – 5.955)	-28 (-32; -24)	-20 (-25; -13)
<i>Clostridioides difficile</i> , schwerer Verlauf	1.601	1.586	2.329 (1.601 – 2.827)	-33 (-38; -27)	-19 (-26; -11)
HIV-Infektion	2.466	2.234	3.120 (2.466 – 3.391)	-19 (-24; -15)	-18 (-23; -13)
Tuberkulose	4.159	3.896	5.496 (4.159 – 5.947)	-17 (-20; -13)	-16 (-19; -12)
Listeriose	578	584	697 (578 – 769)	-20 (-29; -10)	-11 (-21; 1)
Echinokokkose	170	152	170 (141 – 181)	-1 (-21; 24)	-7 (-28; 19)
Yersiniose	1.877	1.929	2.205 (1.877 – 2.770)	-20 (-25; -14)	-3 (-10; 3)
Hantavirus-Erkrankung	235	1.668	283 (235 – 1.731)	-8 (-24; 12)	12 (-1; 26)

heiten (COVID-19 ausgeschlossen) an das RKI übermittelt, als zu erwarten gewesen wäre. Zwischen MW 10/2020 und MW 52/2020 wurden im Vergleich dazu 39 % (KI: 18 % – 55 %) weniger Fälle übermittelt. Der größte Rückgang ist im Jahr 2021 bei Kindern und Jugendlichen in den Altersgruppen der 5 bis 9-Jährigen (79 %, KI: [56 % – 70 %]), der 10 bis 14 Jährigen (79 %, KI: [72 % – 84 %]) und der 15 bis 19 Jährigen (71 %, KI: [72 % – 85 %]) zu sehen.

Wie bereits im Jahr 2020, konnte im Jahr 2021 ein starker Rückgang bei respiratorisch übertragbaren Krankheiten (z. B. -100 % für saisonale Influenza, -94 % für Keuchhusten, -93 % für Masern), bei gastrointestinalen Krankheiten (z. B. -80 % für Rotavirus-Gastroenteritis, -79 % für Shigellose) und bei importierten vektorübertragbaren Krankheiten (-94 % für Denguefieber) beobachtet werden. Weniger betroffen waren nosokomiale Infektionen (-29 % für die Infektion/Kolonisation mit

Acinetobacter, –36 % für Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit, –24 % für invasive Infektionen mit Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*) sowie sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten (z. B. –21 % für Syphilis, –20 % für Hepatitis C, –18 % für HIV-Infektion). Während im Jahr 2020 einzig für die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) eine Zunahme der Fälle (+12 %) beobachtet wurde, sank die Zahl der übermittelten Fälle von FSME im Jahr 2021 um 45 %. Einen ähnlich starken Unterschied zwischen den modellbasierten Veränderungen in den Jahren 2020 und 2021 konnte auch für saisonale Influenza (2020: –17 %; 2021: –100 %) beobachtet werden, was sich durch das komplette Ausbleiben der Grippewelle in der Saison 2020/2021 erklären lassen könnte. Im Gegensatz dazu wurden beispielweise für Norovirus-Gastroenteritis (2020: –83 %; 2021: –52 %), Malaria (2020: –74 %; 2021: –36 %), Hantavirus-Erkrankung (2020: –8 %; 2021: +12 %) und Q-Fieber (2020: –73 %; 2021: –49 %) im Jahr 2021 wieder mehr Fälle gemeldet als noch im Jahr zuvor.

Die Gründe für diese veränderten Dynamiken sind multifaktoriell und unterscheiden sich für die jeweiligen Krankheiten (s. Kapitel 6). Neben möglichen Veränderungen der Inanspruchnahme von bzw. dem Zugang zu gesundheitlichen Versorgungsleistungen können die im Zuge der COVID-19-Pandemie getroffenen Public-Health-Maßnahmen, z. B. Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygiene-Regeln, aber auch Schul- und Kita-Schließungen und Reisebeschränkungen, zu einer echten Veränderung der Übertragungsdynamik anderer Infektionskrankheiten führen. Die unterschiedliche Stärke der Veränderung zwischen den Jahren 2020 und 2021 könnten sich neben veränderten Übertragungsdynamiken in den beiden

Jahren auch durch mehrjährige Saisonalitäten (z. B. Hantavirus-Erkrankung) oder größere Ausbruchsgeschehen (bspw. Q-Fieber) erklären lassen. Abschließende Aussagen zur Kausalität können jedoch basierend auf einer Analyse der vorliegenden Meldedaten allein nicht getroffen werden. Eine erweiterte Betrachtung und Diskussion der Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland ist in den krankheitsspezifischen Kapiteln dieses Jahrbuchs (s. Kapitel 6) zu finden.

Literaturhinweise

- 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*. The Lancet Regional Health – Europe (2021). <https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100103>
- Kuhlen R, Winklmair C, Schmithausen D, Schick J, Scriba P.: *The effects of the COVID-19 pandemic and lockdown on routine hospital care for other illnesses*. Dtsch Arztebl Int 2020; 117:488 – 489.
- Buda S, Dürrwald R, Biere B, et al.: *Influenza-Wochenbericht KW 20/2021*. <https://doi.org/10.25646/8522>
- 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>
- 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>

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-labordiagnostisch 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-labordiagnostisch 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. Übermittlungskategorien, bei denen in den Falldefinitionen die epidemiologische Bestätigung entfällt, werden nicht berücksichtigt, dies betrifft u. a. Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.45). Für das Meldejahr 2021 wurden insgesamt 159.257 Ausbrüche übermittelt. Diese hohe Anzahl ist insbesondere durch COVID-19-Ausbrüche bedingt (158.438 Ausbrüche (99 %) mit 695.298 darin enthaltenen Fällen). Bereits im Vorjahr sind übermittelte Krankheitsausbrüche durch andere Krankheitserreger deutlich zurückgegangen. Dies verstärkte sich 2021 bei einigen Krankheiten weiter, z. B.: Windpocken (-52%; 258 Ausbrüche mit 846 Fällen) und *Campylobacter*-Enteritis (-23 %; 174 Ausbrüche mit 461 Fällen) (s. Tab. 5.1.1).

Die höchste einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl wurde im Rahmen eines COVID-19-Ausbruchsgeschehens mit 261 Fällen übermittelt (s. Tab. 5.1.1, s.a. Kap. 6.12). Dies war ein Geschehen, das sich ausgehend von (Schul-)Busfahrten in Familien ausgebreitet hatte.

Durch die molekulare Surveillance können zudem vermehrt auch Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden. So ist aus epidemiologischer Sicht die Detektion eines mit 70 Fällen ungewöhnlich großen überregionalen Salmonellose-Ausbruchsgeschehens durch *S. Braenderup* bemerkenswert, bei dem Galiamelonen als wahrscheinliches Infektionsvehikel identifiziert werden konnten (s. Kap. 6.53).

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer berechnet. Die Ausbruchsauer 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. Die Ausbruchsauer wurde im Median, 25. und 75. Perzentil erfasst für Infektionskrankheiten mit den meisten

Tab. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2021

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
COVID-19	158.438	695.298	4	261
Windpocken	258	846	3	23
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	174	461	3	37
Salmonellose	107	572	5	70
Rotavirus-Gastroenteritis	106	631	6	40
Tuberkulose	31	81	3	7
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	24	59	2	4
Hepatitis A	24	59	2	5
Influenza	18	46	3	5
Kryptosporidiose	13	30	2	4
Legionellose	13	39	3	8
Yersiniose	12	28	2	4
Listeriose	11	27	2	4
Hepatitis B	6	12	2	2
Keuchhusten	6	13	2	3
Giardiasis	5	12	2	3
Shigellose	4	11	3	4
Adenovirus-Konjunktivitis	3	23	8	19
Botulismus	1	2	2	2
Diphtherie	1	2	2	2
Q-Fieber	1	15	15	15
Hepatitis E	1	2	2	2
Summe	159.257	698.269		

Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen. Die längste (mediane) Dauer war bei Salmonellose-Ausbrüchen zu beobachten (Median 41 Tage) und lag damit über dem Vorjahreswert (35 Tage). Dies kann wie oben beschrieben mit der molekularen Surveillance zusammenhängen. Bei der Bewertung muss jedoch die geringere Anzahl der Ausbrüche berücksichtigt werden. 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 Ausbruchsgruppen 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 Lebensmitteln 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 Ausbruchsdocumentation 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 darm-pathogene *Yersinia* spp. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darm-pathogene Stämme von *E. coli*,

die nicht zu EHEC gehören (übermittelt als »sonstige darm-pathogene *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 2021 wurden 376 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren 11% weniger Ausbrüche als im Vorjahr (n=423). Insgesamt traten im Jahr 2021 im Rahmen dieser Ausbrüche 1.263 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 174 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 23 % abgenommen (2020: 225). Bei 107 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Damit blieb die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr (2020: 109) etwa gleich.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 376 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 132 (35%; 2020: 38 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 704 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Von den 132 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen waren 60 (45 %) Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. mit 205 Fällen und 59 (45 %) Ausbrüche durch *Salmonella* spp. mit 465 Fällen verursacht worden. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde 1 Todesfall übermittelt, der durch Listeriose verursacht worden war (s. Tab. 5.2.1).

Bei 60 (45%) Ausbrüchen wurden Angaben zum verdächtigsten Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 71 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich)

waren die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (34 Nennungen; 48 %), Ei oder Eiprodukte (10; 14 %), Verschiedenes, Suppen, Saucen (9; 13 %) und Milch oder Milchprodukte (8; 11 %) am häufigsten (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigsten Lebensmittel (33 Nennungen von Lebensmittelkategorien) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (67%) und Milch oder Milchprodukte (15%) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (34 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (32%) und Ei oder Eiprodukte (26%) 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.

Lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2021 wurden 6 der insgesamt 1.430 Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (0,4%) 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 6 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 22 Fälle zugeordnet. Für 2 Ausbrüche lagen Angaben zu einem verdächtigsten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 3 Nennungen entfiel jeweils eine auf die Kategorien »Gemüse bzw. Gemüseprodukte« und »Verschiedenes, Suppen, Saucen«. Einmal wurde die Kategorie »Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar« genannt.

Tab. 5.2.1: Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2021

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien	<i>Campylobacter</i> spp.	174	60	205	
	<i>Salmonella</i> spp.	107	59	465	
	EHEC*	24	2	6	
	<i>Shigella</i> spp.	4	1	2	
	<i>Listeria monocytogenes</i>	11	3	11	1
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	12	2	4	
	<i>Clostridium botulinum</i>	1	1	2	
Viren	Hepatitis-A-Virus	24	4	9	
	Hepatitis-E-Virus	1			
Parasiten	<i>Giardia lamblia</i>	5			
	<i>Cryptosporidium</i> spp.	13			
Gesamt	376	1.263	132	704	1

*EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2021

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	HAV	LIS	EHC	YEN	CLO	SHI
Fleisch, Fleischprodukte	34	22	11	1					
Ei, Eiprodukte	10	1	9						
Verschiedenes, Suppen, Saucen	9		7			1		1	
Milch, Milchprodukte	8	5	3						
Getränke (nicht-Milch)	3	1	1						1
Fisch, Meeresfrüchte	3	3							
Obst, Obstprodukte	2		2						
Getreide, Getreideprodukte	1		1						
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	1	1							
Gesamt (Nennungen)*	71	33	34	1	0	1	0	1	1
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	60	30	26	1	0	1	0	1	1
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	72	30	33	3	3	1	2	0	0
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	132	60	59	4	3	2	2	1	1

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.

HAV: Hepatitis-A-Virus

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

CLO: *Clostridium botulinum*

SAL: *Salmonella* spp.

LIS: *Listeria monocytogenes*

YEN: *Yersinia* spp.

SHI: *Shigella* spp.

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 2021 erfüllten insgesamt 2.613 nosokomiale Ausbrüche mit 23.997 Fällen die oben genannte Definition. Bei 54 Ausbrüchen (631 Fälle) wurden keine Informationen zum Erreger übermittelt.

Insgesamt kam es im Jahr 2021 zu einem leichten Anstieg an Übermittlungen nosokomialer Ausbrüche (Anzahl 2.249 in 2020). Dieser Anstieg ist zum größten Teil auf nosokomiale COVID-19-Ausbrüche zurückzuführen.

COVID-19-Ausbrüche

Für das Jahr 2021 wurden von den 2.559 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe 2.157 (84 %) durch SARS-CoV-2 verursacht. Diesen Ausbrüchen wurden insgesamt 19.794 Fälle zugeordnet, darunter 1.660 Todesfälle. Von den 2.157 COVID-19-Ausbrüchen traten 873 (40 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf, während 202 (9,4 %) in Alters- oder Pflegeheimen auftraten.

Ausbrüche verursacht durch andere Erreger als SARS-CoV-2

456 (17 %) nosokomiale Ausbrüche wurden durch andere Erreger als SARS-CoV-2 verursacht. Von diesen traten 204 (45 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf, während 64 (14 %) in Alters- oder Pflegeheimen auftraten. Diesen Ausbrüchen wurden 4.203 Fälle zugeordnet, davon 3.146 (75 %) Fälle zu Ausbrüchen, die durch virale Erreger hervorgerufen wurden und 334 Fälle zu bakteriell verursachten Ausbrüchen (7,9 %). Bei 51 Ausbrüchen (11 %) wurden bakterielle Erreger, bei 329 (72 %) virale Erreger und bei 22 (4,8 %) Ausbrüchen Parasiten nachgewiesen. Es wurden keine durch Pilze verursachten Ausbrüche übermittelt. Es wurden insgesamt 72 Todesfälle übermittelt, davon 3 (4,2 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger und 69 (96 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Tab. 5.2.3 (Teil 1):
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2021 (n=2.613)

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche im Setting Krankenhaus (inkl. Reha)	Anzahl Ausbrüche im Setting Altenheim	Anzahl Fälle	Anzahl Fälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha)	Anzahl Fälle im Setting Krankenhaus	Anzahl Fälle im Setting Reha-Einrichtung
Viren	Norovirus	296	189	56	2865	1357	1291	66
	Influenzavirus	1	0	0	2	0	0	0
	Rotavirus	5	3	1	51	38	38	0
	Varicella-Zoster-Virus	6	1	0	24	2	0	2
	Respiratorisches Synzytial-Virus	5	2	0	67	10	10	0
	Masernvirus	0	0	0	0	0	0	0
	SARS-CoV-2	2157	873	202	19794	7850	7341	509
	mehrere/ sonstige	16	0	0	137	0	0	0
	Gesamt	2486	1073	259	22940	9278	8701	577
	Gesamt ohne SARS-CoV-2	329	200	57	3146	1428	1360	68
Bakterien	<i>Clostridioides difficile</i>	5	4	1	17	15	5	10
	<i>Klebsiella</i> spp.	9	9	0	94	94	94	0
	<i>Enterococcus</i> spp.	12	12	0	100	100	100	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	2	0	0	4	0	0	0
	<i>Staphylococcus</i> spp.	7	7	0	26	26	18	8
	<i>Streptococcus pyogenes</i>	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Acinetobacter</i> spp.	7	7	0	35	35	35	0
	<i>Salmonella</i> spp.	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Serratia</i> spp.	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Escherichia coli</i>	2	2	0	18	18	18	0
	<i>Mycobacterium</i> spp.	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	3	3	0	25	25	25	0
	<i>Clostridium perfringens</i>	0	0	0	0	0	0	0
	mehrere/sonstige	4	0	0	15	0	0	0
	Gesamt	51	0	0	334	0	0	0
Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	17	1	8	72	6	6	0
	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	5	0	0	20	0	0	0
	mehrere/ sonstige	0	0	0	0	0	0	0
	Gesamt	22	0	0	92	0	0	0
Pilze	<i>Candida</i> spp.	0	0	0	0	0	0	0
Erreger unbekannt	Gesamt	54	4	7	631	42	36	6
Alle	Gesamt	2613	1077	266	23997	9320	8737	583
	Gesamt SARS-CoV-2	456	204	64	4203	1470	1396	74

Tab. 5.2.3 (Teil 2):
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2021 (n=2.613)

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Setting Altenheim	Minimale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha)	Anzahl Todesfälle im Setting Altenheim
Viren	Norovirus	296	942	2	76	3	2	1
	Influenzavirus	1	0	2	2	0	0	0
	Rotavirus	5	11	2	19	0	0	0
	Varicella-Zoster-Virus	6	0	2	7	0	0	0
	Respiratorisches Synzytial-Virus	5	0	2	41	0	0	0
	Masernvirus	0	0	0	0	0	0	0
	SARS-CoV-2	2157	4240	2	176	1660	933	514
	mehrere/ sonstige	16	0	4	52	0	0	0
	Gesamt	2486	5193	2	188	1663	935	515
	Gesamt ohne SARS-CoV-2	329	953	2	136	3	2	1
	Bakterien	<i>Clostridioides difficile</i>	5	2	2	7	2	1
<i>Klebsiella</i> spp.		9	0	2	43	18	18	0
<i>Enterococcus</i> spp.		12	0	2	22	32	32	0
<i>Bordetella pertussis</i>		2	0	2	2	0	0	0
<i>Staphylococcus</i> spp.		7	0	2	8	2	2	0
<i>Streptococcus pyogenes</i>		0	0	0	0	0	0	0
<i>Acinetobacter</i> spp.		7	0	2	11	10	10	0
<i>Salmonella</i> spp.		0	0	0	0	0	0	0
<i>Serratia</i> spp.		0	0	0	0	0	0	0
<i>Escherichia coli</i>		2	0	3	15	0	0	0
<i>Mycobacterium</i> spp.		0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudomonas</i> spp.		3	0	2	16	4	4	0
<i>Clostridium perfringens</i>		0	0	0	0	0	0	0
mehrere/sonstige		4	0	15	15	1	0	0
Gesamt		51	0	2	44	69	68	1
Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	17	33	2	11	0	0	0
	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	5	0	2	10	0	0	0
	mehrere/ sonstige	0	0	0	0	0	0	0
	Gesamt	22	0	2	69	0	0	0
Pilze	<i>Candida</i> spp.	0	0	0	0	0	0	0
Erreger unbekannt	Gesamt	54	162	2	57	0	0	0
Alle	Gesamt	2613	5355	8	358	1732	1003	516
	Gesamt SARS-CoV-2	456	1115	6	182	72	70	2

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 2021: 494
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren
- ▶ Männer sind doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- ▶ Meldepflicht besteht sowohl für Infektionen als auch für Kolonisationen

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 auslösen, wie beispielsweise beatmungsassoziierte Pneumonien 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, z. B. gegen viele Beta-Laktam-Antibiotika wie Ertapenem. *A. baumannii* weist zudem eine außergewöhnliche Fähigkeit auf, Resistenzen gegen Antibiotika auszubilden. Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infek-

tionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase, eines Enzyms, das Carbapeneme spalten kann. Die verminderte Empfindlichkeit umfasst sowohl resistente (R) *Acinetobacter* spp. als auch *Acinetobacter* spp., die in der Empfindlichkeitsprüfung 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=494). Diese wurden entweder in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=490) 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 2021 wurden 494 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,6 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (0,6) gleichgeblieben.

Tab. 6.1.1: Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	109	23 %	95	19 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	223	46 %	231	47 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	148	31 %	168	34 %
alle	480	100 %	494	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	480	100 %	494	100 %

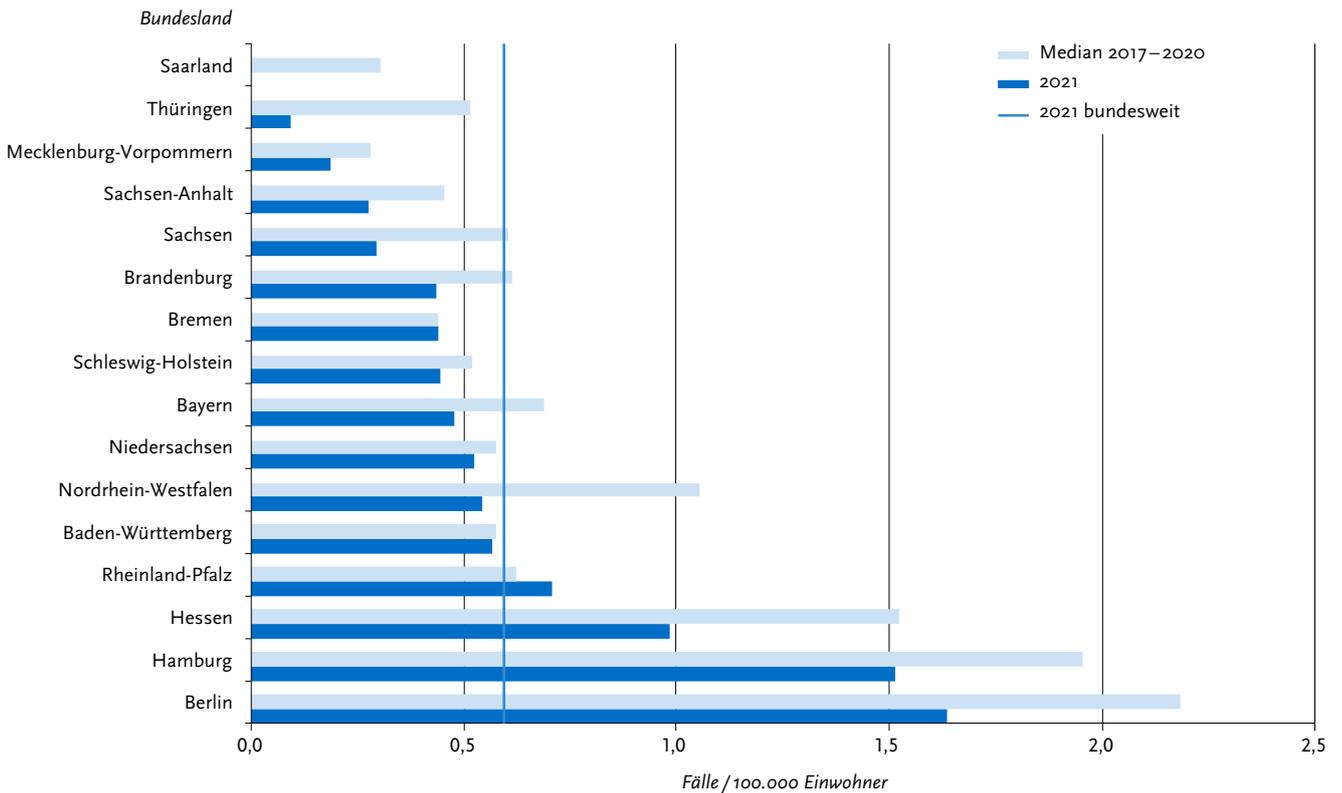
Geografische Verteilung

Die Anzahl der Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurde, bezogen auf die Einwohnerzahl, variierte sehr stark (s. Abb. 6.1.1). Die höchste Inzidenz wurde in Berlin (1,6 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Auch in Hamburg (1,5),

Hessen (1,0) und Rheinland-Pfalz (0,7) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde für Thüringen übermittelt (0,1 Fälle/100.000 Einw.), während aus dem Saarland keine Fälle übermittelt wurden.

Abb. 6.1.1:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=494) im Vergleich mit dem Vorjahr

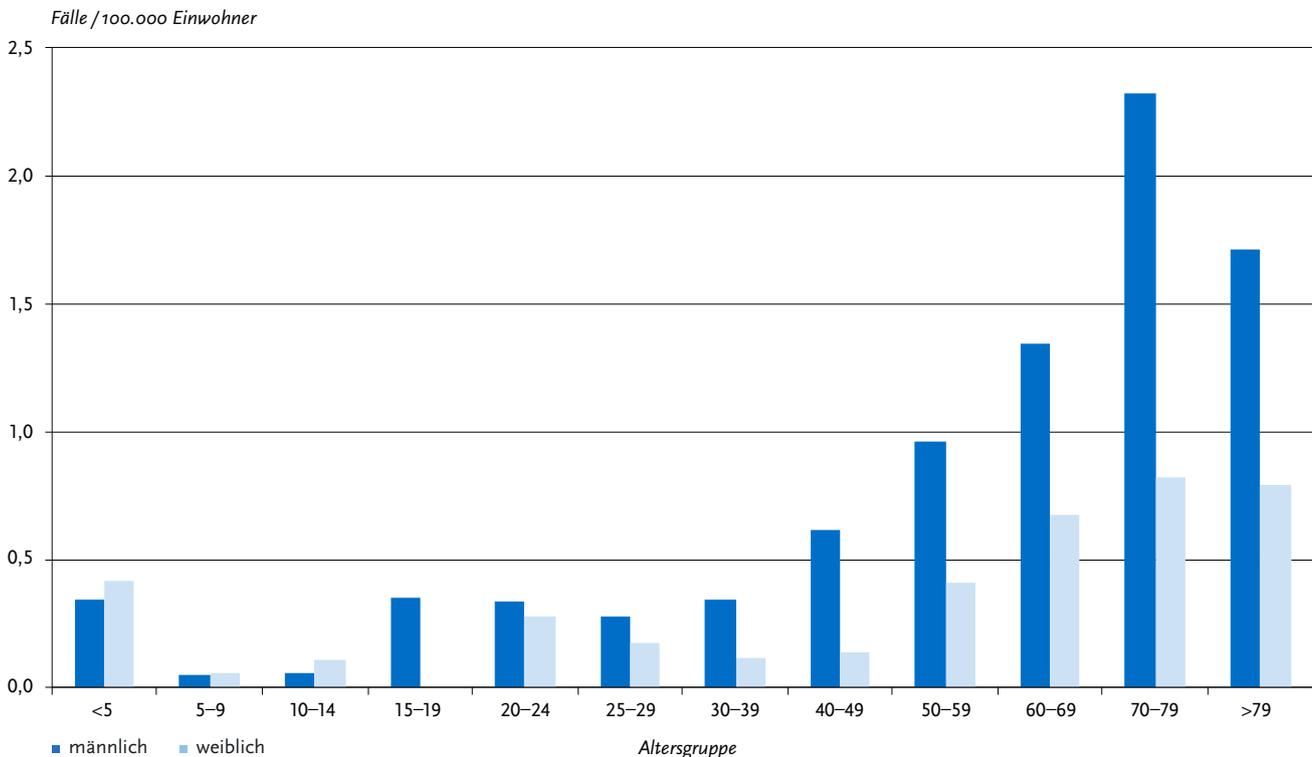


Tab. 6.1.2:

Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2021 (n=494)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	290	58,7 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	123	24,9 %
<i>Acinetobacter</i> spp.	29	5,9 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	22	4,5 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	10	2,0 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	7	1,4 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	5	1,0 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	2	0,4 %
<i>Acinetobacter nosocomialis</i>	2	0,4 %
<i>Acinetobacter dijkschoorniae</i>	2	0,4 %
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	1	0,2 %
<i>Acinetobacter guillouiae</i>	1	0,2 %
Summe	494	100 %

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, 2021 (n=493)



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 (1,5 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Bei den 60- bis 69-Jährigen liegt sie bei 1,0 Fällen/100.000 Einwohner und bei den über 79-Jährigen bei 1,1 Fällen/100.000 Einwohner. Männer (0,8 Fälle/100.000 Einw.) sind doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,4). Die in absoluten Zahlen am stärksten betroffenen Altersgruppen waren Erwachsene ab 50 Jahre (77% aller Fälle).

Klinische Aspekte

Für 254 der übermittelten Fälle (51%) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 102 Fälle (40%) wurden als Infektion und 152 Fälle (60%) als Kolonisation übermittelt.

Für alle 494 Fälle (100%) lagen Angaben zum Entnahmestort der Probe vor, insgesamt gab es 533 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Screening-Abstrichen (231-mal, 43% der Nennungen), in Wundabstrichen (116-mal, 22%), sowie in Tracheal-Abstrichen und der bronchoalveolären Lavage (94-mal, 18%) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 434 Fälle (88%) vorhanden, davon waren 385 Fälle (89%) hospitalisiert. Unter 487 Fällen (99%) mit entsprechender Angabe wurden 48 Todesfälle registriert (10%). Von diesen wurden 12 Fälle (25%) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für alle 494 übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n=290; 59%) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter baumannii*-Komplex (n=123; 25%), *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=29; 6%) und *Acinetobacter pittii* (n=22; 5%).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 417 der 490 Fälle (85%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur verminderten Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 378 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 364 Fälle (96%) gegen Imipenem und 368 Fälle (97%) gegen Meropenem vermindert empfindlich. 356 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 261 von 490 Fällen (53%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 233 Fällen (89%) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Mindestens ein Resistenzgen wurde bei 212 Fällen (91% der getesteten Fälle) nachgewiesen. Für 200 Fälle wurden ein oder mehrere Resistenzgene genannt, am häufigsten die Resistenzgene für OXA-23 (bei 132 Fällen, 66%), OXA-72 (40 Fälle, 20%) und OXA-24/40 (17 Fälle, 9%).

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 9 Ausbrüche mit insgesamt 45 Fällen übermittelt. Dem größten Ausbruch wurden 11 Fälle zugeordnet.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2021 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, nahm allerdings im Vergleich zu den Vorjahren auf 51 % ab. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 53 % 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 dritten 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 2021 zum fünften Mal Daten zu *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante veröffentlicht. Fälle wurden aus allen Bundesländern außer dem Saarland 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. Aufgrund der COVID-19-Pandemie nahmen die Patientenzahlen in den Krankenhäusern ab. Dies kann ein Grund sein, weshalb auch im Jahr 2021 im Vergleich zu den Jahren vor Beginn der COVID-19-Pandemie eine geringere Anzahl an Fällen übermittelt wurde.

Literaturhinweise

- 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. [10.1186/s13756-021-00909-8](https://doi.org/10.1186/s13756-021-00909-8)
- Ayobami O, Willrich N, Suwono B, Eckmanns T, Markwart R: *The epidemiology of carbapenem-non-susceptible Acinetobacter species in Europe: analysis of EARS-Net data from 2013 to 2017*. Antimicrob Resist Infect Control 2020. <https://doi.org/10.1186/s13756-020-00750-5>
- Noll I, Eckmanns T, Abu Sin M: *Antibiotikaresistenzen: Ein heterogenes Bild*. Dtsch Arztebl 2020; 117:A-28/B-26/C-26
- Ayobami O, Willrich N, Harder T, Okeke IN, Eckmanns T, Markwart R: *The incidence and prevalence of hospital-acquired (carbapenem-resistant) Acinetobacter baumannii in Europe, Eastern Mediterranean and Africa: a systematic review and meta-analysis*. Emerg Microbes Infect 2019. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1698273>
- WHO (2021): *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2021*. <https://www.who.int/publications/item/9789240027336>
- WHO (2017): *Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities*. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/259462?locale-attribute=de&>
- Gatermann S, Ziesing S, Einfeld J, et al.: *Entdeckung eines Pseudoausbruches mit Carbapenem-resistenten Acinetobacter baumannii*. Epid Bull 2022; 7:58 – 59. <https://edoc.rki.de/handle/176904/9434>
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger, 2020*. Epid Bull 2021; 36:4 – 11. <https://doi.org/10.25646/8900>
- 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 Antibiotika-resistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021; 7:8 – 11. <https://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>
- RKI: *EUCAST-Neudefinition der Kategorie »I« – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht*. Epid Bull 2019; 9:84. <https://doi.org/10.25646/5917>

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition: 144
- ▶ Anzahl der Erkrankungen während der Corona-Pandemie auf einem im Vergleich zu den Vorjahren besonders niedrigen Niveau
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren

Kurzbeschreibung

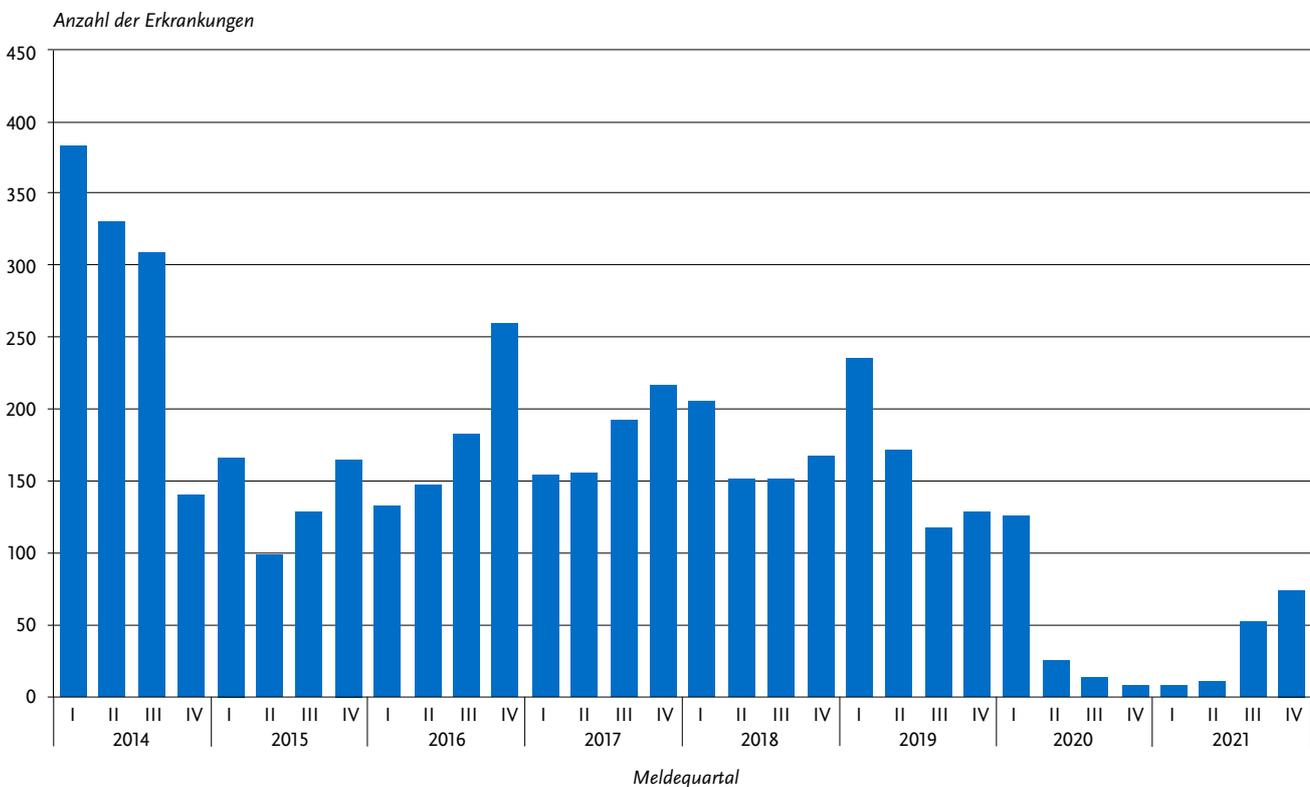
Adenoviren verursachen beim Menschen eine Reihe von Krankheitsbildern und lassen sich aus verschiedenen Materialien nachweisen. Die Meldepflicht gemäß IfSG beschränkt sich auf

den Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich des Auges. Damit wird die Anzahl der Erkrankungen einer epidemischen Keratokonjunktivitis, einer hoch ansteckenden Augenentzündung, erfasst. Sie 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-Konjunktivitiden (pharyngokonjunktivales Fieber, folliculäre 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).

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2021



Tab. 6.2.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	11	5 %	1	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	169	74 %	143	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	4 %	3	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	38	17 %	42	22 %
alle	227	100 %	189	100 %
Referenzdefinition (B+C)	180	79 %	144	76 %

Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland,
Deutschland, 2021 (n=144) im Vergleich mit den Vorjahren

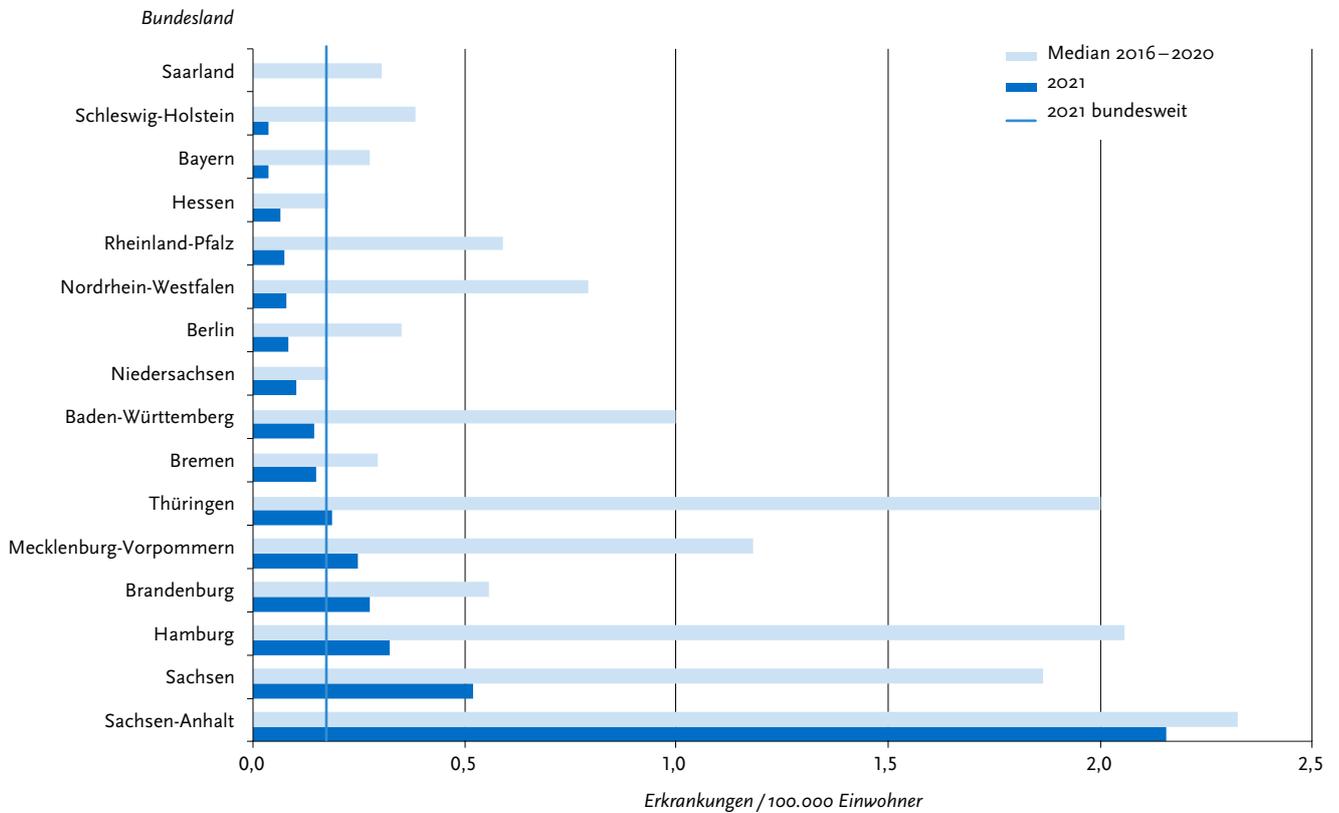
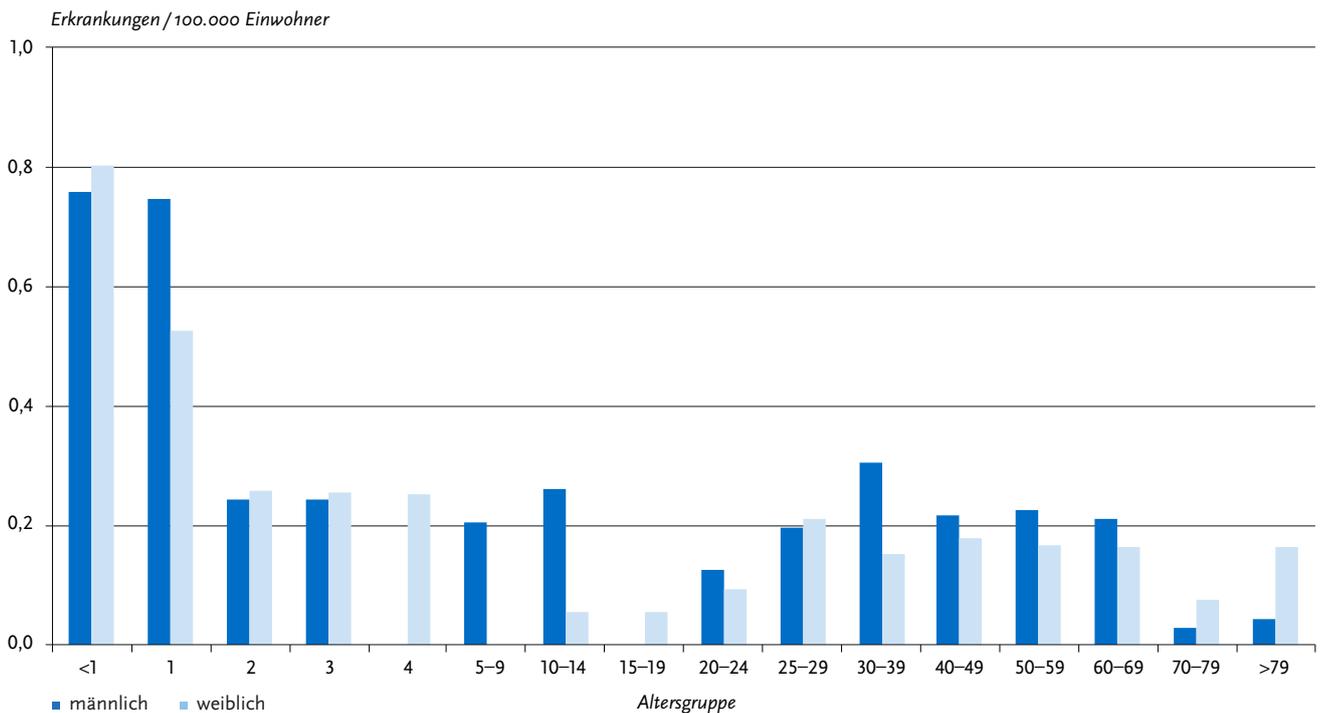


Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2021 (n=144)



Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2020 und 2021

	2020		2021	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	6	13	2	4
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	1	9	1	19
Alle Ausbrüche	7	22	3	23

Zeitlicher Verlauf

Mit 144 Erkrankungen ist die Anzahl der dem Robert Koch-Institut übermittelten Adenovirus-Konjunktividen im Jahr 2021 im Vergleich zum Vorjahr nochmals gesunken und war damit noch niedriger als in den beiden bis dato niedrigsten Jahren 2008 und 2009. In den ersten 2 Quartalen 2021 war die Anzahl der übermittelten Fälle ungewöhnlich gering (18 Fälle) und verblieb damit etwa auf dem Niveau wie im II., III. und IV. Quartal 2020. Im III. und IV. Quartal 2021 wurden dann wieder deutlich mehr Fälle übermittelt (126 Fälle, s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern mit Ausnahme des Saarlands übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen-Anhalt (2,2 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen (0,5 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2). Bei 73 der insgesamt 144 Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich), 69 der 73 Nennungen (95%) entfielen hierbei auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (0,4 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen ebenso häufig betroffen waren wie Mädchen. Weniger betroffen waren Kinder und junge Erwachsene im Alter von 5 bis 25 Jahren sowie ältere Personen ab 70 Jahre (s. Abb. 6.2.3).

Ausbrüche

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Fällen und ein Ausbruch im Zusammenhang mit einer Augenarztpraxis mit 19 Erkrankungen erfasst, der dem zuständigen Gesundheitsamt von einem Untersuchungslabor gemeldet wurde. (s. Tab. 6.2.2).

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 liegt im Jahr 2021 mit 144 Erkrankungen auf einem vergleichsweise sehr niedrigen Niveau. Eine Ursache für den deutlichen Rückgang ist wahrscheinlich in der COVID-19-Pandemie zu sehen. Neben den bei den meisten Infektionskrankheiten sichtbaren Effekten durch Veränderung des Konsultations- und Diagnoseverhaltens ist bei den Adenovirus-Konjunktividen möglicherweise auch ein wirklicher Rückgang der Infektionen durch Veränderung der Kontaktmuster in der Bevölkerung (z. B. Schließung von Gemeinschaftseinrichtungen, Kontaktvermeidung, vermehrte Arbeit im Homeoffice etc.) und durch Umsetzung der Hygienemaßnahmen möglich. Die hohe Inzidenz in Sachsen-Anhalt ist auf einen großen Ausbruch zurückzuführen.

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 hindeutet. Es gibt sehr viele verschiedene Arboviren, darunter auch zahlreiche humanpathogene. Für die Arboviren Chikungunya-, Dengue-, FSME-, West-Nil- und Zikavirus gibt es eigene Übermittlungskategorien, sie werden in jeweils eigenen Kapiteln beschrieben (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) werden im Kapitel »Virale Hämorrhagische Fieber« (s. Kap. 6.62) beschrieben. 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: Das Japan-Meningoenzephalitis-Virus (Flavivirus) wird vor allem von *Culex*-Stechmücken übertragen. 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. Anfang 2022 deutet sich entlang der Ostküste Australiens eine massive Ausweitung des bisherigen Endemiegebietes an.

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 sind asymptomatisch. Das Virus ist sehr eng mit 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 2021 wurden in Deutschland keine Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten.

Nicht die Referenzdefinition erfüllten 2 Usutuivirus-Infektionen bei asymptomatischen Blutspendern in Bayern und Nordrhein-Westfalen (Vorjahr 2020: Eine Usutuivirus-Infektion). Die Infektion in Bayern war offenbar reiseassoziiert in Italien erworben worden.

Das Ausbleiben von Meldungen reiseassoziiertierter Arbovirus-Infektionen im Jahr 2020 und 2021 ist sicherlich dem starken Rückgang von (Fern-)Reisen im Rahmen der SARS-CoV-2-Pandemie geschuldet.

Literaturhinweise

- 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, Lachmann R, et al.: *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 Patienten mit Meningoenzephalitiden in Deutschland. Die Erkrankungsjahre gehen bis 1992 zurück. Aktuell sind 40 PCR-bestätigte Fälle in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben oder dem RKI mitgeteilt worden, alle 40 verliefen tödlich. Zudem sind drei nur durch serologische Diagnose identifizierte Fälle mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis bzw. epidemiologischen Link bekannt. Neununddreißig dieser insgesamt 43 Fälle hatten ihren Wohnort in Bayern, jeweils ein Fall wohnte in Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Thüringen. Bei den bekannten Fällen ist das Geschlechterverhältnis ausgeglichen und es sind alle Altersgruppen ab dem 12. Lebensjahr betroffen. Eine ländliche Wohngegend scheint eine Infektion zu begünstigen.

Bereits vor einiger Zeit konnte die Feldspitzmaus (*Crocodyrus 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. Es wird davon ausgegangen, dass es jährlich 2 bis 6 akute BoDV-1-Infektionen mit dem klinischen Bild einer Meningoenzephalitis in Deutschland gibt. 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 Süd- bzw. 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 serologischer und 2 weitere humane Fälle mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis bzw. mit epidemiologischem Zusammenhang. Alle Fälle traten in Deutschland auf und sind außer dem serologischen Fall 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 2021 wurden 16 PCR-bestätigte Fälle an das RKI übermittelt, von denen 10 in verschiedenen Vorjahren bis zurück ins Jahr 1992 erkrankt waren. Es handelt sich bei den 16 Fällen um 8 Frauen und 8 Männer im Alter von 11 bis 79 Jahren (Median: 59 Jahre). Alle Fälle waren an einer Enzephalitis erkrankt und sind verstorben.

Im Jahr 2021 selbst erkrankten 6 der 16 Fälle; 5 davon in Bayern und einer in Thüringen. Es handelt sich um 2 Frauen und 4 Männer im Alter von 12 bis 79 Jahren (Median: 51 Jahre).

Aus Sachsen-Anhalt wurde 2021 gemäß der dortigen Landesmeldepflicht für Meningoenzephalitis zusätzlich der Fall einer Patientin mit serologischem Nachweis einer BoDV-1-Enzephalitis übermittelt, die die akute Erkrankung überlebte, jedoch im weiteren Verlauf verstarb.

VSBV-1

Im Jahr 2021 wurden, wie auch schon im Vorjahr, keine Fälle von VSBV-1 übermittelt.

Literaturhinweise

- 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>
- Tappe D, Pörtner K, Frank C, et al.: *Investigation of fatal human Borna disease virus 1 encephalitis outside the previously known area for human cases, Brandenburg, Germany – a case report*. BMC Infect Dis 2021. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06439-3>
- 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>

- Cadar D, Allendorf V, Schulze V, et al.: *Introduction and spread of variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) between exotic squirrels and spill-over infections to humans in Germany*. Emerg Microbes Infect 2021. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1902752>
- 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>
- Tappe D, Frank C, Homeier-Bachmann T, et al.: *Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800483>
- 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 das Krankheitsbild des Säuglingsbotulismus hervorrufen oder in Wunden vorkommen (Wundbotulismus).

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 6 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2020: 3 Erkrankungen, 2019: 8 Erkrankungen) (s. Abb. 6.5.1). Es handelte sich um 2 Fälle von Säuglings- und 4 Fälle von Lebensmittelbotulismus.

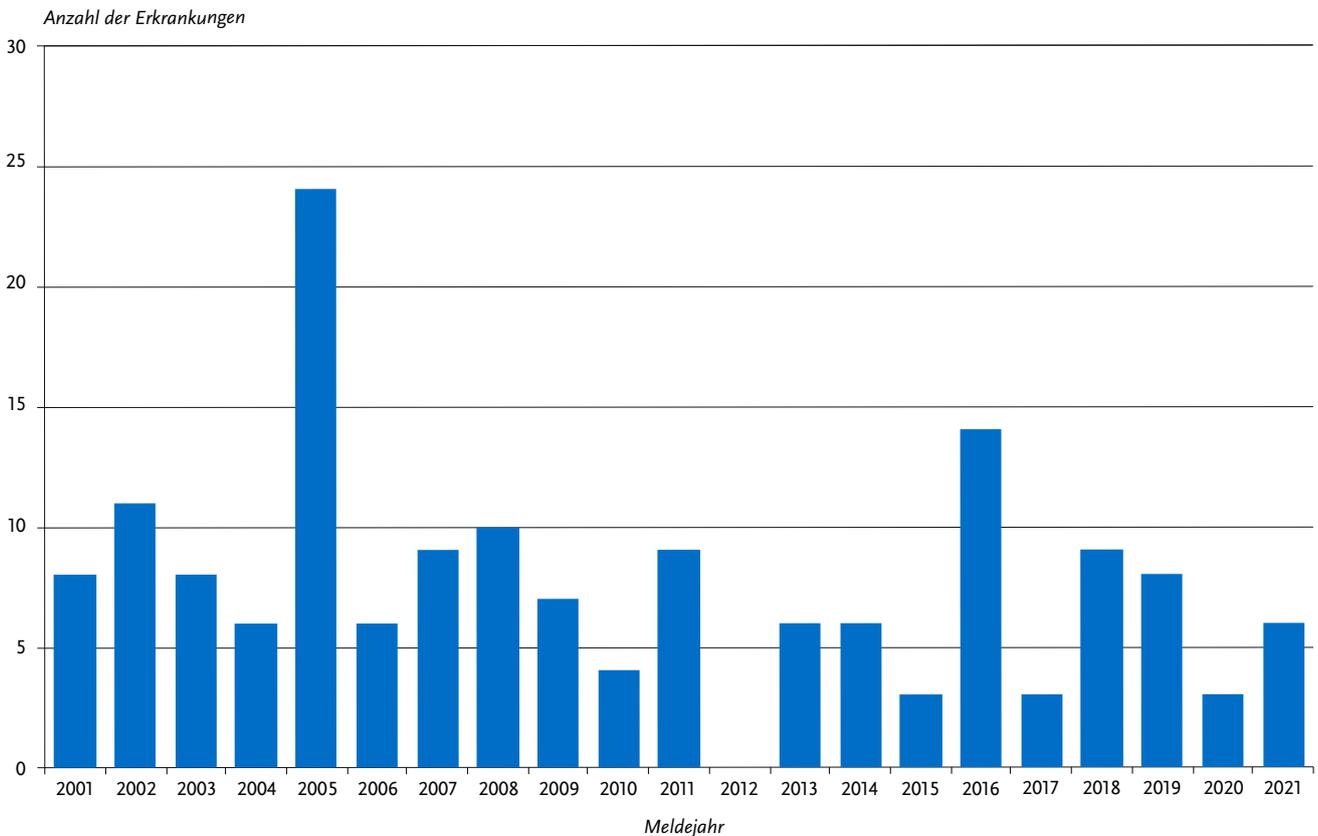
Bei den beiden weiblichen Säuglingen wurde im Konsiliarlabor jeweils Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp B nachgewiesen – bei einem der Fälle war das Infektionsland Deutschland oder Montenegro, bei dem anderen Deutschland. An Lebensmittelbotulismus erkrankten je 2 erwachsene Frauen und Männer. Zwei Personen eines gemeinsamen Haushaltes erkrankten in Deutschland in Folge des Verzehrs einer kommerziellen Mandelsauce mit Nachweis von Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp A bei den Patienten und Resten des Lebensmittels. Bei einem Fall war die Quelle der Intoxikation mit Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp B möglicherweise eine Wurst aus Hausschlachtung, die aus Polen mitgebracht wurde. Bei einem weiteren Fall wurde Botulinum-Neurotoxin vom Serotyp E nachgewiesen, ohne Hinweis auf eine Infektionsquelle oder Infektionsort.

Kein Fall wurde als verstorben übermittelt.

Literaturhinweise

- 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.

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



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

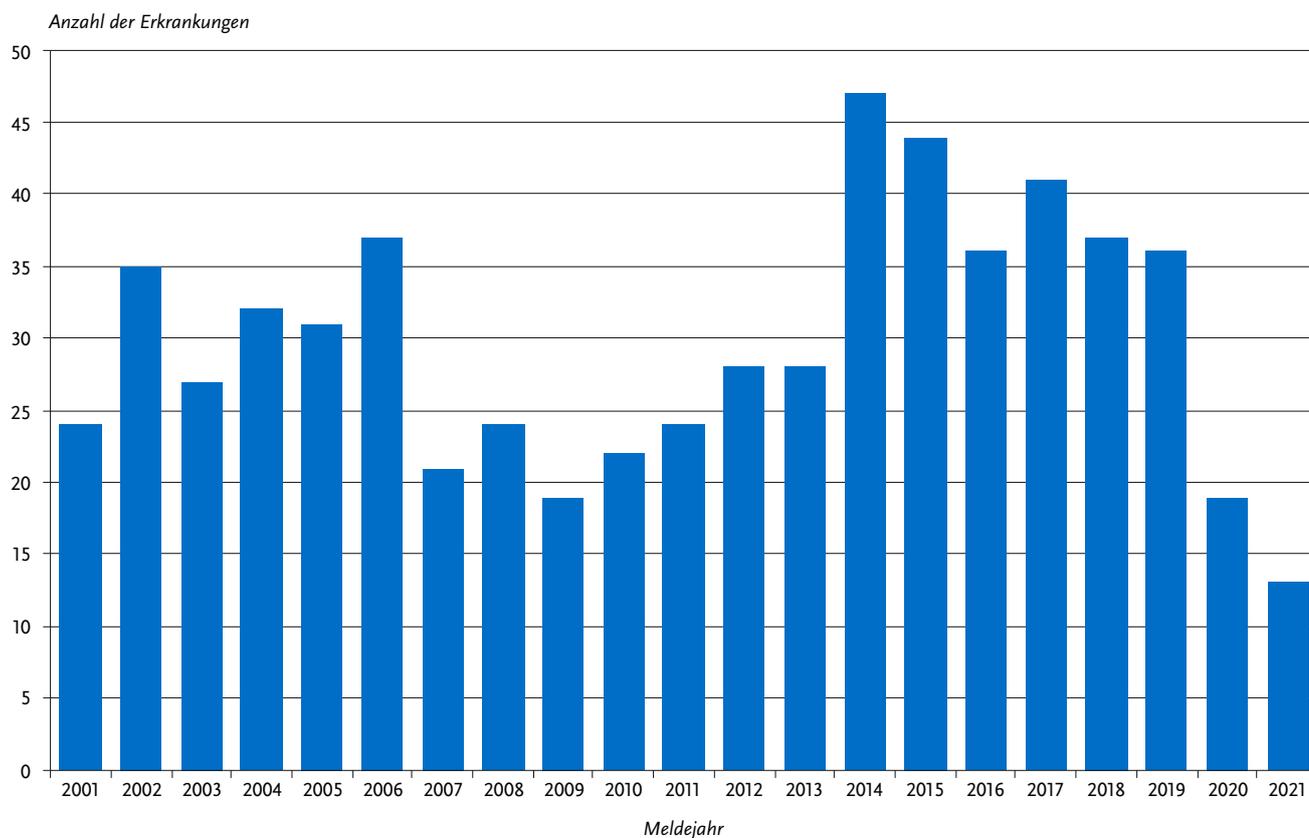
Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die ihren Namen von der Bakteriengattung *Brucella* hat. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutztier (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 Faldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 13 Brucellose-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.6.1), 6 weniger als im Vorjahr. Die starke Abnahme der übermittelten Erkrankungen seit 2019 ist vermutlich vor allem durch die eingeschränkte (Fern-)Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie bedingt. Es erkrankten 8 Männer und 5 Frauen. Aus 8 Bundesländern wurden zwischen ein und 3 Erkrankungen übermittelt.

Für 9 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt; für 6 Erkrankungen (67%) lag mindestens eine Nennung im Ausland. Am häufigsten wurde die Türkei (4 Nennungen) genannt. Italien und Ausland (Land unbekannt) wurden je einmal genannt. Bei 6 von 6 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde *B. melitensis* 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 2021



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

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 2021 wurden insgesamt 48.066 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 58 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2021 um 3 % höher als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war die häufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2021.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juli 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

6.7 Campylobacter-Enteritis

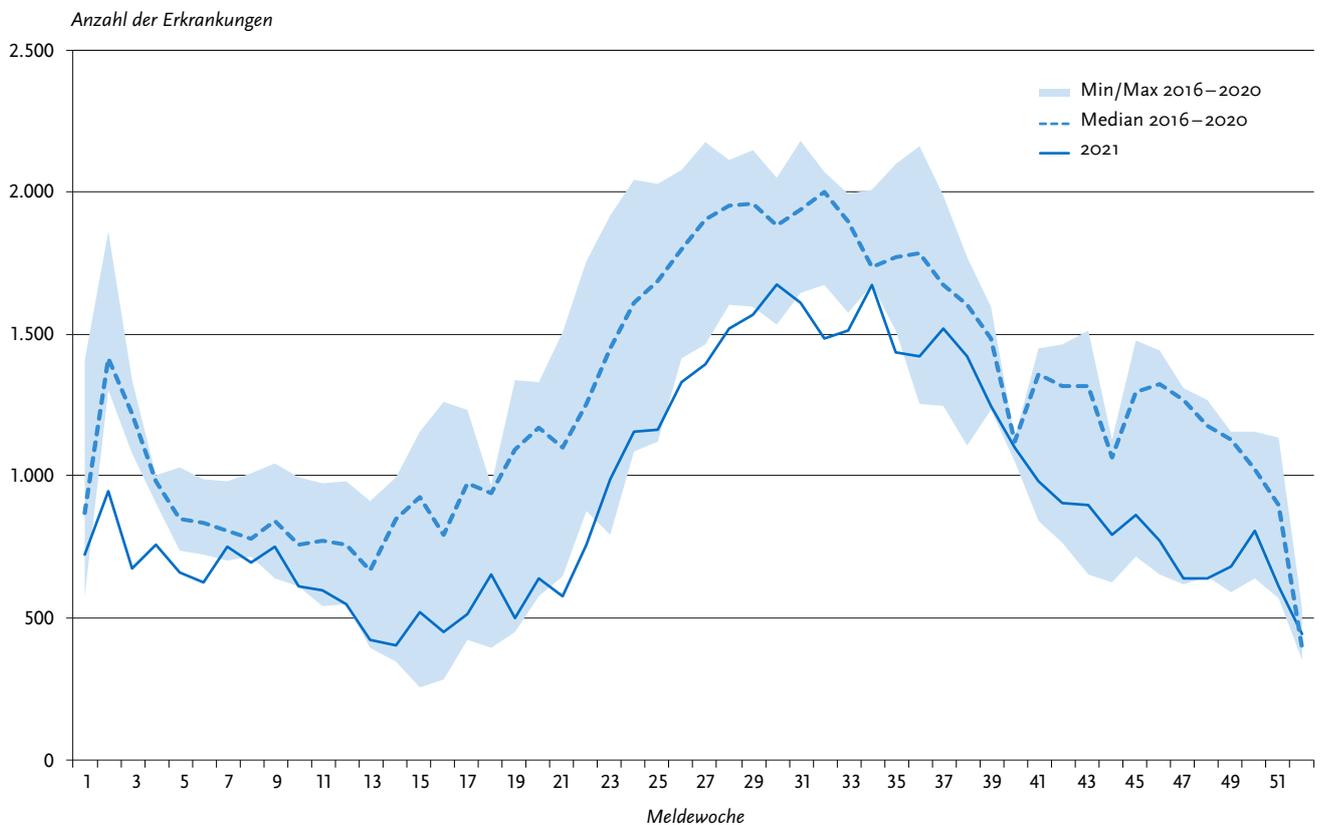


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: **48.066**
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- ▶ Inzidenz um 29 % niedriger als der Median der 5 Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- ▶ Meist sporadische Erkrankungen

Tab. 6.7.1:
Übermittelte Fälle von *Campylobacter-Enteritis* nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	141	0 %	157	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	46.498	83 %	47.909	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	573	1 %	669	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8.828	16 %	8.675	15 %
alle	56.040	100 %	57.410	100 %
Referenzdefinition (B+C)	46.639	83 %	48.066	84 %

Abb. 6.7.1:
Übermittelte *Campylobacter-Enteritiden* nach Meldewoche, Deutschland, 2021 (n=48.066) im Vergleich mit den Vorjahren



eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.7.1).

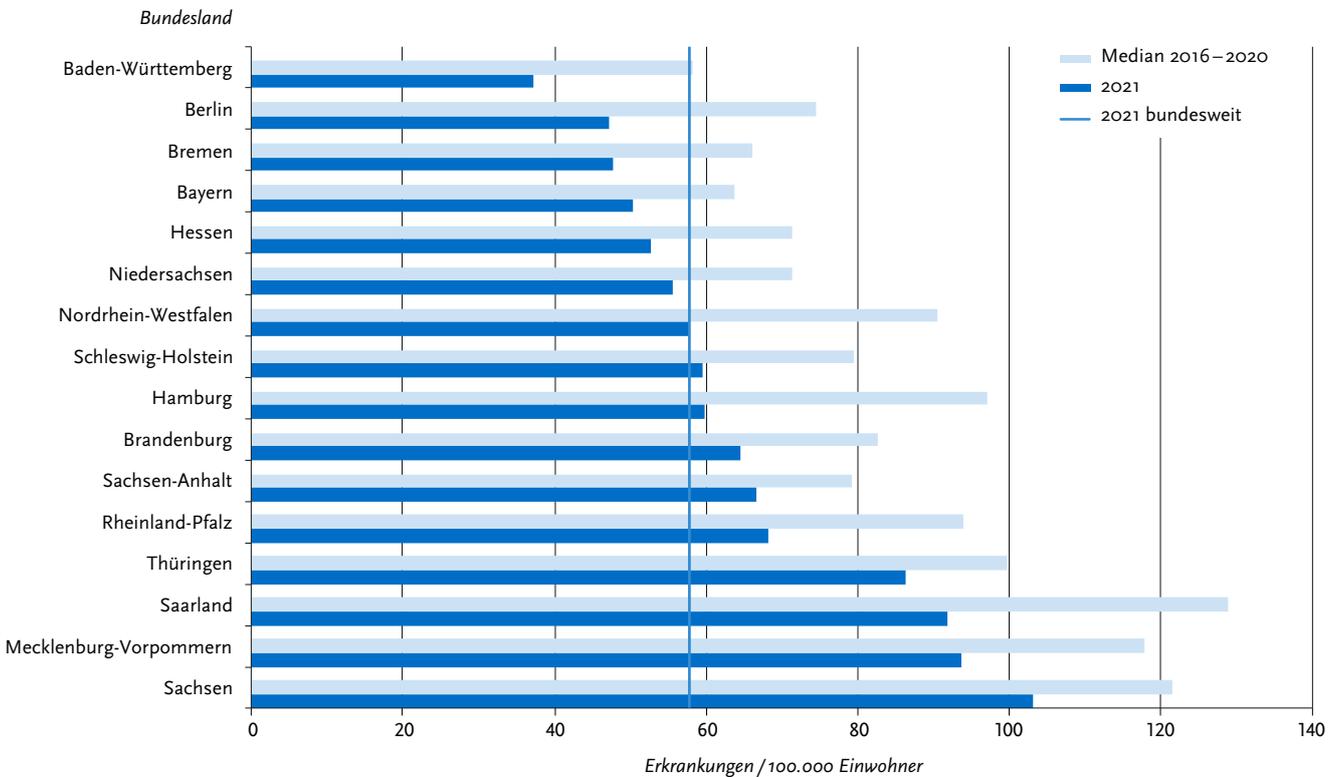
Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (103 Erkr./100.000 Einw.), Mecklenburg-Vorpommern (94) und im Saarland (92) registriert. In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2016 bis 2020 (s. Abb. 6.7.2). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der 5 Vorjahre war in Hamburg (-39 %), Berlin (-37 %), Baden-Württemberg (-36 %), Nordrhein-Westfalen (-36 %) und im Saarland (-29 %) am stärksten. Eine Zunahme der Inzidenz gegenüber dem Vorjahr konnte in 11 Bundesländern beobachtet werden (Hessen [+15 %], Bayern [+11 %], Niedersachsen [+10 %], Saarland [+10 %],

Bremen [+9 %], Baden-Württemberg [+7 %] und Rheinland-Pfalz [+5 %]). In Hamburg, Schleswig-Holstein, Nordrhein-Westfalen, Sachsen, Berlin und Thüringen war die Inzidenz etwa auf dem Vorjahresniveau, während sie in den übrigen 3 Bundesländern im Jahr 2021 niedriger lag als im Vorjahr (Brandenburg [-15 %], Mecklenburg-Vorpommern [-14 %], Sachsen-Anhalt [-13 %]).

Für 28.766 (60 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (28.895 Nennungen; Mehrfachnennung möglich). Dabei entfielen 95 % der Nennungen (27.404) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren Spanien (208 Nennungen), Kroatien (181), Italien (154), Österreich (123), die Türkei (120), Frankreich (94), Griechenland (93), Polen (74) und Portugal (37).

Abb. 6.7.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=48.066) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war wie in den Vorjahren 2-gipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den einjährigen Kindern lag die Inzidenz bei 109 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (78) und den 15- bis 19-Jährigen (68) am höchsten. Jungen und Männer (62) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (53). Lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher als bei den Männern (s. Abb. 6.7.3).

Nachgewiesene Erreger

Zu 34.662 (72%) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 75% auf *C. jejuni*, 10% auf *C. coli* und 13% auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. lari*, *C. fetus* und *C. upsaliensis*, entfielen jeweils etwa 0,1% der Angaben oder weniger.

Klinische Aspekte

Für 48.065 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (99.519 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98% der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen), gefolgt von Bauchschmerzen (66%), Fieber (30%) und Erbrechen (13%). Im Jahr 2021 wurden 7 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 4 Frauen und 3 Männer im Alter zwischen 55 und 87 Jahren.

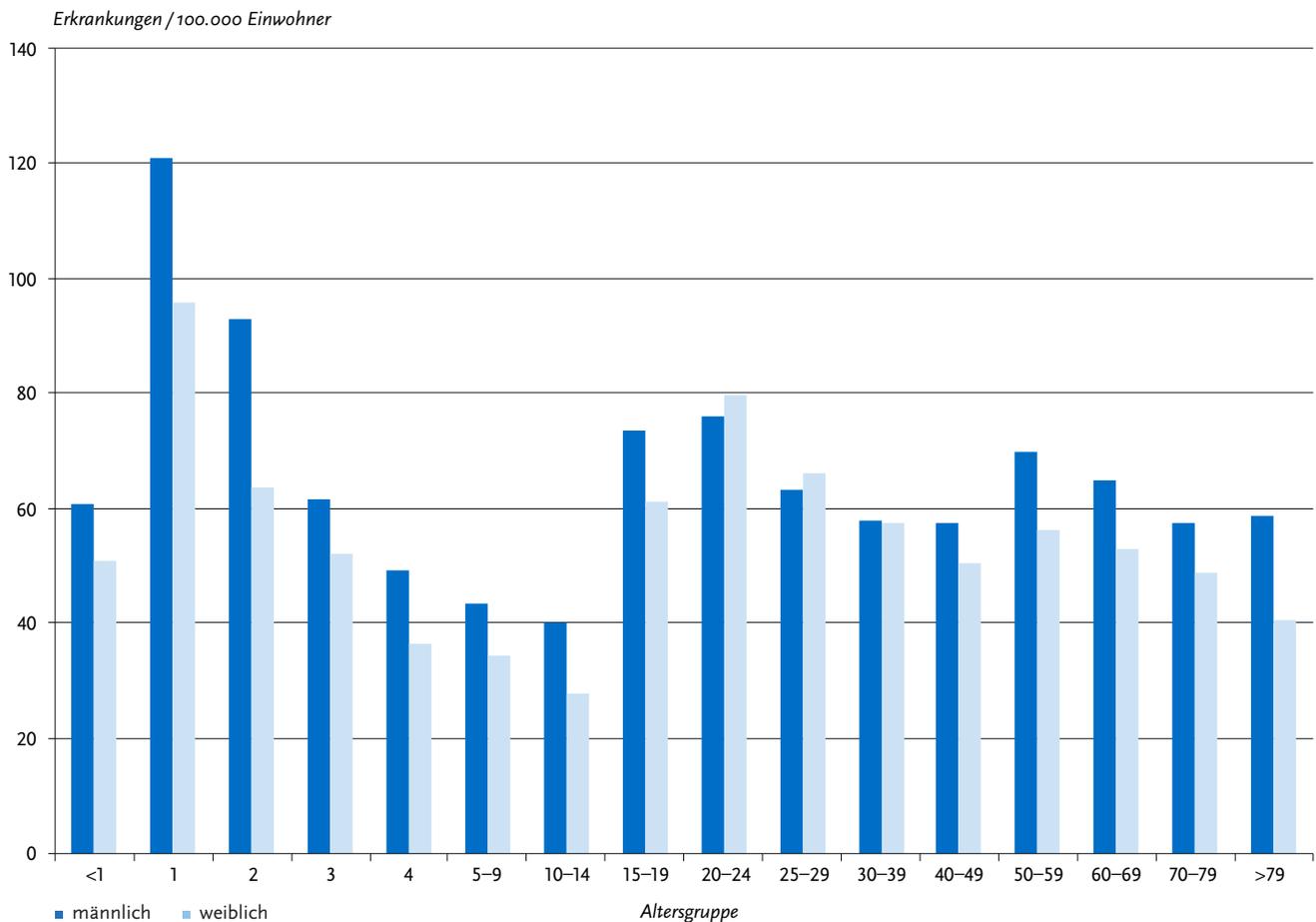
Ausbrüche

Es wurden insgesamt 174 Ausbrüche mit 461 Erkrankungen übermittelt; das entsprach einer Abnahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 22%. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug knapp 1%. Es wurden 168 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 374 Erkrankungen) und 6 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 87 Erkrankungen) übermittelt. Der größte Ausbruch (37 Erkrankungen) war lebensmittelbedingt und wurde aus Brandenburg übermittelt. Mehrere Schulklassen hatten einen landwirtschaftlichen Betrieb besucht und dort Rohmilch verzehrt. Der Erreger konnte in der Rohmilch nachgewiesen werden. Der zweitgrößte Ausbruch mit 29 Erkrankungen war ebenfalls lebensmittelbedingt und ereignete sich in einem Alten-/Pflegeheim in Sachsen-Anhalt. Als verdächtigtes Lebensmittel wurde Geflügel-Leber abgegeben.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2021 mit 48.066 geringfügig über dem Niveau des Vorjahres 2020 (46.639). In beiden Jahren liegen die übermittelten Fallzahlen allerdings deutlich unter dem Niveau der Jahre 2015 bis 2019 (zwischen etwa 62.000 und 74.000). Das niedrigere Niveau der übermittelten Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 im Vergleich zu den Vorjahren steht wahrscheinlich mit der COVID-19-Pandemie in Zusammenhang.

Abb. 6.7.3: Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=47.946)



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>
- 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 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>
- 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 (z. B. dem Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. den Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch in Mittel- und Südamerika vor. Auch in Südeuropa wurden 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. Nach neueren Erkenntnissen treten keine Verläufe auf, die der WHO-Definition für einen hämorrhagischen Verlauf entsprechen würden. Die Erkrankung verläuft in der Regel selbstlimitierend und sehr selten tödlich.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden in Deutschland 4 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten (2020: 26 Fälle, 2019: 87 Fälle, 2018: 26 Fälle). Die vergleichsweise hohe Fallzahl 2019 ging maßgeblich auf einen größeren Ausbruch im beliebten Reiseland Thailand zurück (s. Abb. 6.8.1).

Es erkrankten 4 Männer im Alter von 31 bis 62 Jahren. Todesfälle wurden nicht übermittelt. Die Fälle wurden im II. und III. Quartal übermittelt. Je eine Infektion wurde in Brasilien, Nigeria, Indien und Thailand erworben.

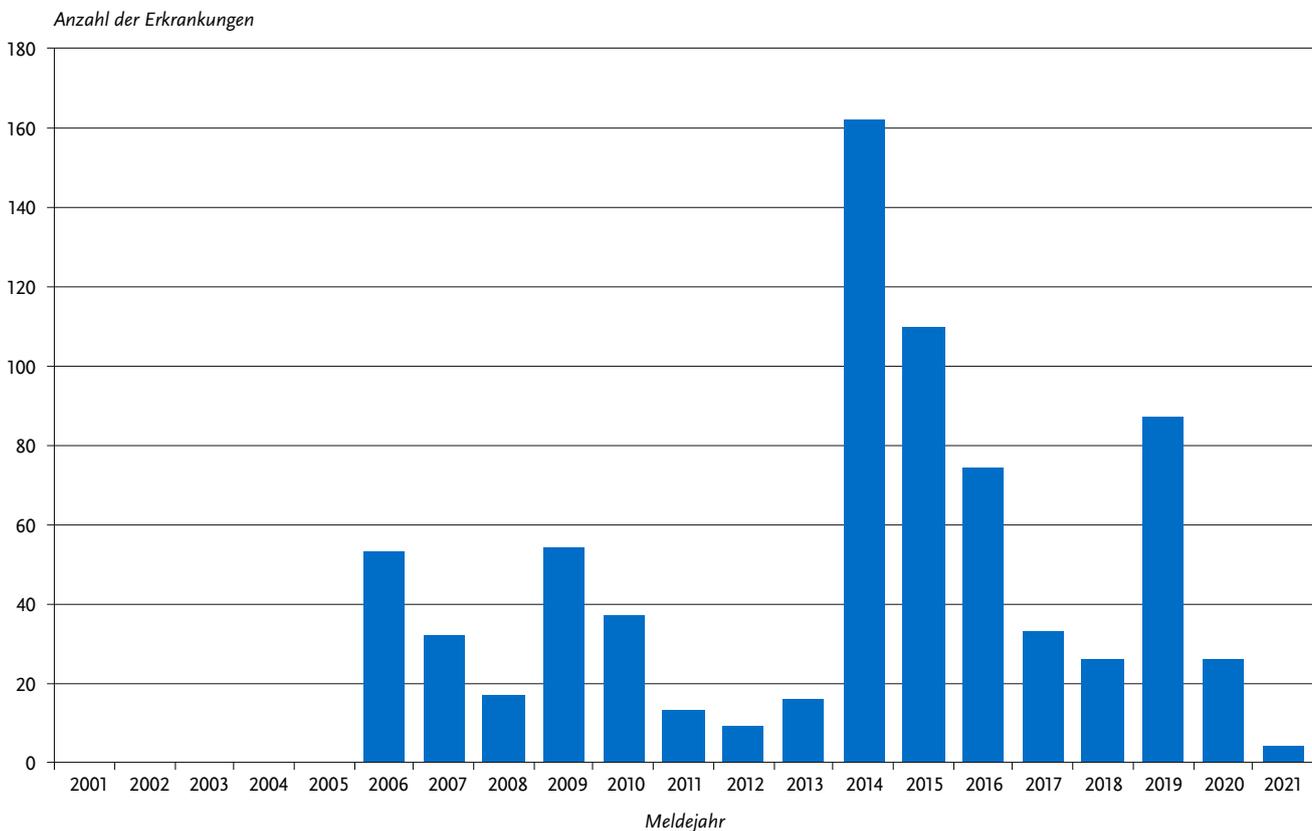
Fazit

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 den starken Rückgang der Fallzahlen nach dem I. Quartal 2020 und im ganzen Jahr 2021 ist sicherlich der beträchtliche Einbruch 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, 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-Županc 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>
- Díaz-Menéndez M, Trigo Esteban E, Ujiie M, et al.: *Travel-associated chikungunya acquired in Myanmar in 2019*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.1.1900721>
- Javelle E, Florescu SA, Asgeirsson H, et al.: *Increased risk of chikungunya infection in travellers to Thailand during ongoing outbreak in tourist areas: cases imported to Europe and the Middle East, early 2019*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.10.1900146>
- 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>
- Walther D, Scheuch DE, Kampen H: *The invasive Asian tiger mosquito Aedes albopictus (Diptera: Culicidae) in Germany: Local reproduction and overwintering*. Acta Trop 2017; 166:186–192.
- 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 2021



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 unbehandelt wegen des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts schnell lebensbedrohlich werden.

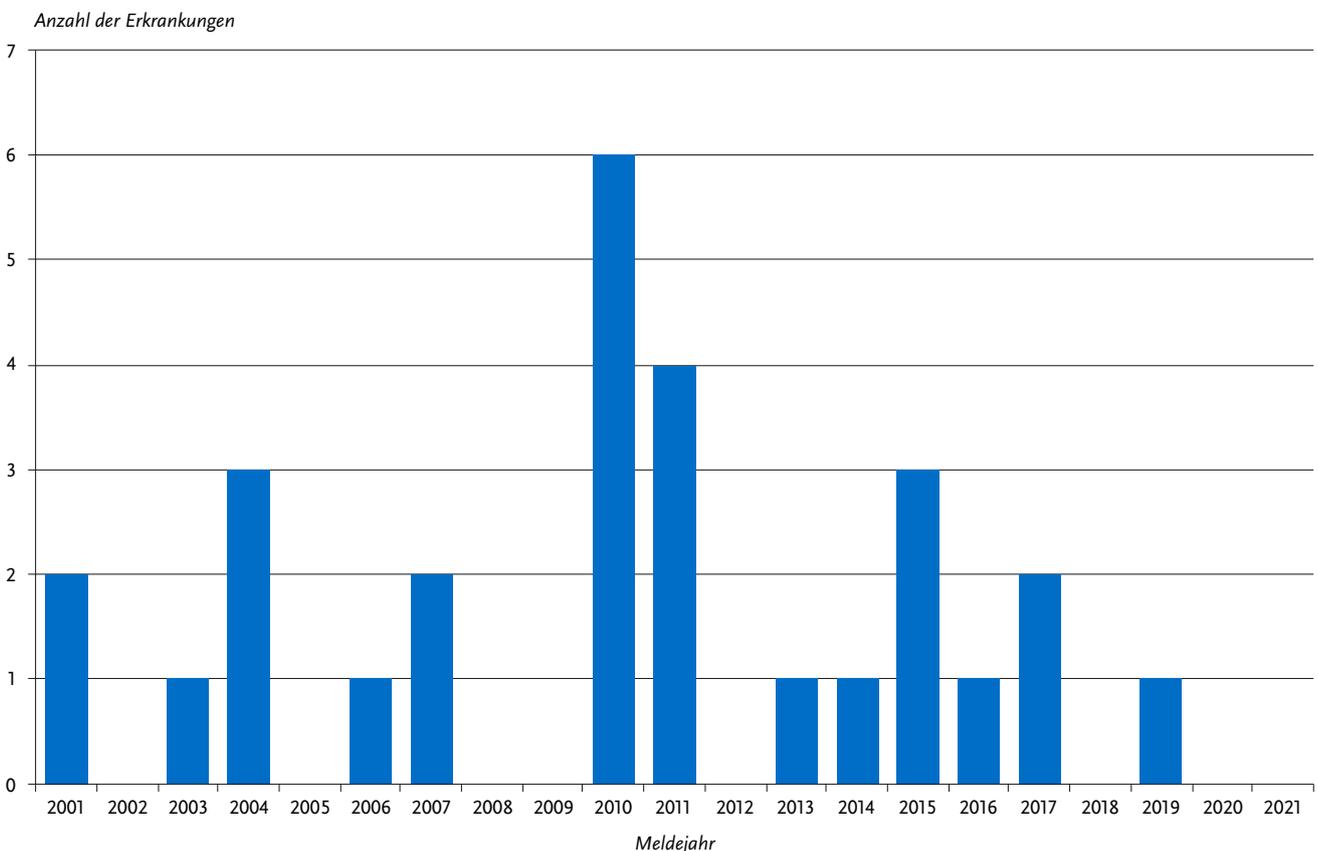
Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden keine Cholera-Erkrankungen übermittelt. Die seit 2001 übermittelten Cholera-Erkrankungen sind in Abb. 6.9.1 dargestellt. Abgesehen von reiseassoziierten Erkrankungen sind dem RKI seit 2001 keine Übertragungen innerhalb Deutschlands bekannt.

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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>
- 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>

Abb. 6.9.1: Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 124
- ▶ Fallzahl im Jahr 2021 etwas über Vorjahresniveau
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 59-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.

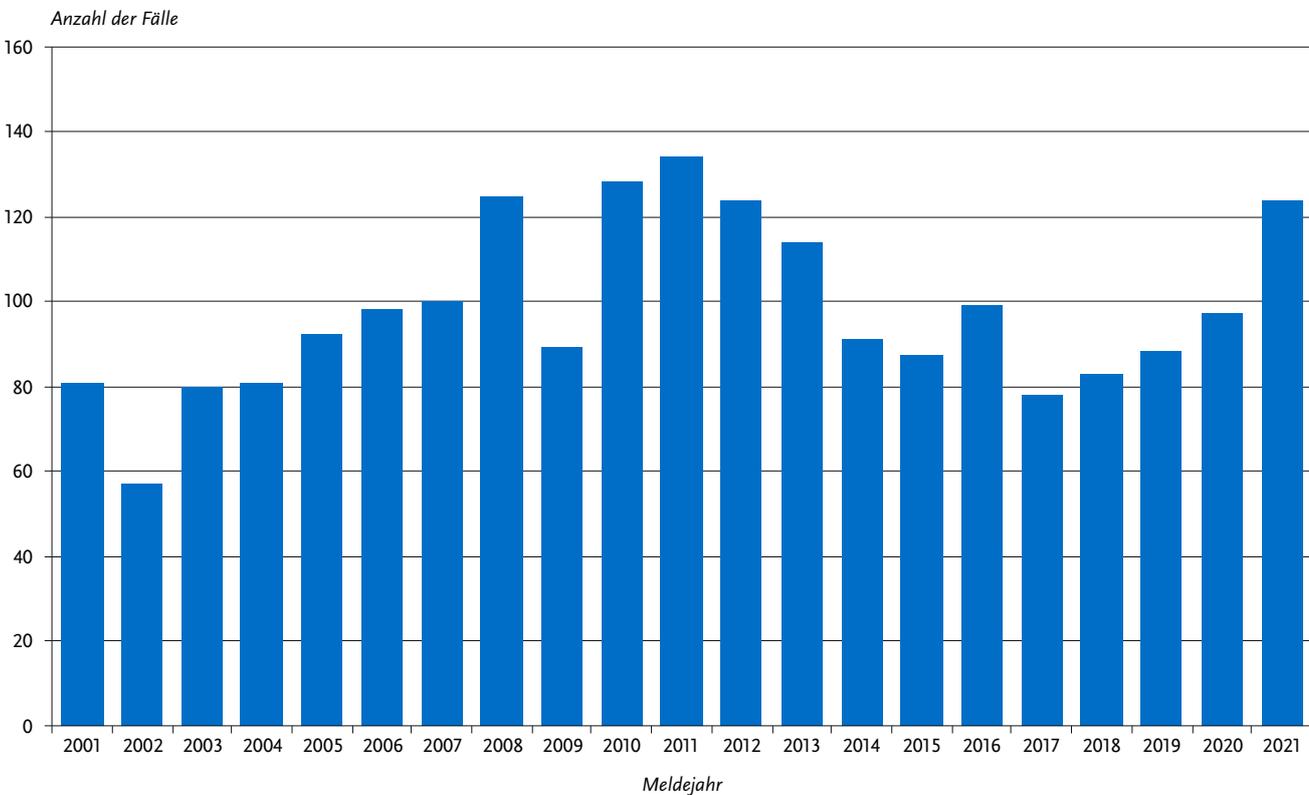
Falldefinition

Seit der Version 2015 der Falldefinitionen werden keine Einzelkriterien für das klinische Bild und den neuropathologischen Nachweis genannt, sondern die Bestätigung beruht auf der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien (TSE).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden dem RKI 124 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.10.1). Damit liegt die Anzahl der übermittelten Fälle deutlich höher als im Jahr 2020 (s. Abb. 6.10.1). Der Anstieg der Fälle

Abb. 6.10.1: Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Tab. 6.10.1: Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	36	37 %	82	66 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	50	52 %	29	23 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	11	11 %	13	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	97	100 %	124	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	97	100 %	124	100 %

im Jahr 2021 scheint methodisch bedingt infolge intensiver Zusammenarbeit mit den Gesundheitsämtern sowie dem NRZ für TSE Göttingen.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Die meisten Fälle wurden aus Baden-Württemberg, Bayern und Nordrhein-Westfalen übermittelt (jeweils 22, 19 und 14 Fälle). Außer dem Saarland haben alle Bundesländer im Jahr 2021 Fälle übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

Ein CJK-Fall trat in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen auf, der Rest der übermittelten Fälle trat bei Personen ab 50 Jahre und älter auf. Die Inzidenz war mit 0,7 Fällen pro 100.000 Einwohner in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Frauen am höchsten. Bei Männern dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz 0,5. Insgesamt waren Frauen im Jahr 2021 mit 70 Fällen häufiger betroffen als Männer mit 53 Fällen.

Klinische Aspekte

Bei 78 der 124 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 62 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 11 Fällen war die Todesursache unbekannt bzw. bei 5 Fällen anderer Genese. 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 2021 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle als klinisch bestätigt übermittelt (82; 66%). Dies erfolgte entsprechend der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien in Göttingen. Der Anteil der klinisch-labor-diagnostisch bestätigten Fälle liegt im Jahr 2021 bei 23% (29 Fälle). 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; PrP^{sc}-Aggregationsassay) erlaubt den direkten Nachweis von PrP^{sc} (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. Im Jahr 2021 lag die CJK-Fallzahl deutlich höher als im Jahr 2020. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch 2021 mit 0,1 Fällen/100.000 Einwohner wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- 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. <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.
- Blenow 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 2021: 1.586
- ▶ Inzidenz von 1,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (entspricht Inzidenz des Vorjahres)
- ▶ 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 ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« ersetzt. 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 therapierefrak-

tären 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.

Zeitlicher Verlauf

Insgesamt wurden 1.586 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten. Die bundesweite Inzidenz lag damit im Jahr 2021 bei 1,9 Erkr./100.000 Einw. und ist auf demselben Niveau wie im Vorjahr, aber im Vergleich zu den Jahren 2018 (3,4) und 2019 (2,7) abnehmend.

Insgesamt wurden 1.053 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 2020 nahm die Anzahl der allein auf Kriterium 1. neu zurückzuführenden Übermittlungen leicht zu. Insgesamt erfüllten 533 Erkrankungen Kriterien, die durch die Änderung der Falldefinition nicht beeinflusst wurden (s.o.). Hier zeigt sich im Vergleich zu den 3 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 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Saarland und 5,0 in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 1,9 Erkr./100.000 Einw. In fast allen Bundesländern nahm die Inzidenz im Vergleich zum Median der 3 Vorjahre ab. Nur im Saarland lag die Inzidenz 2021 mit 0,8 Erkr./100.000 Einw. höher als im Median der Vorjahre (s. Abb. 6.11.2).

Abb. 6.11.1: Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2021

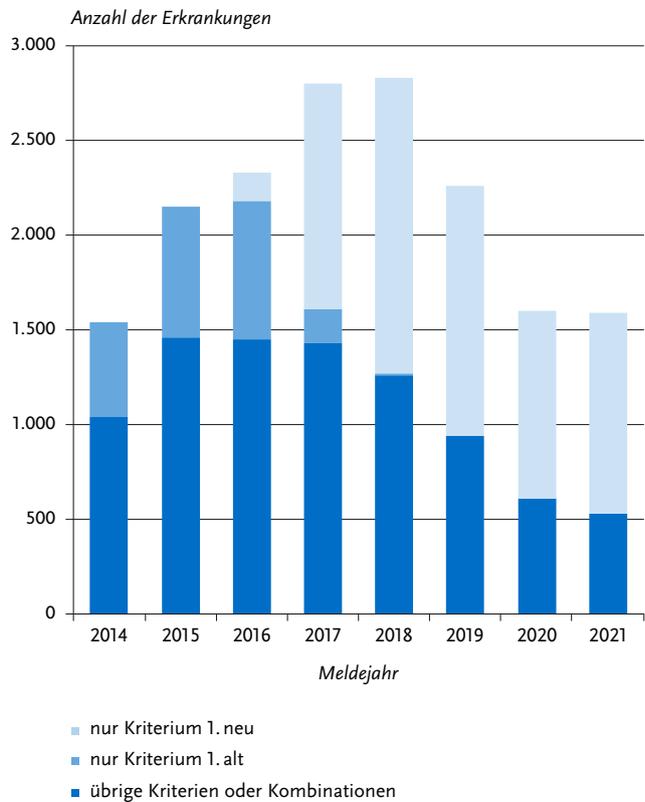


Abb. 6.11.2: Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.586)

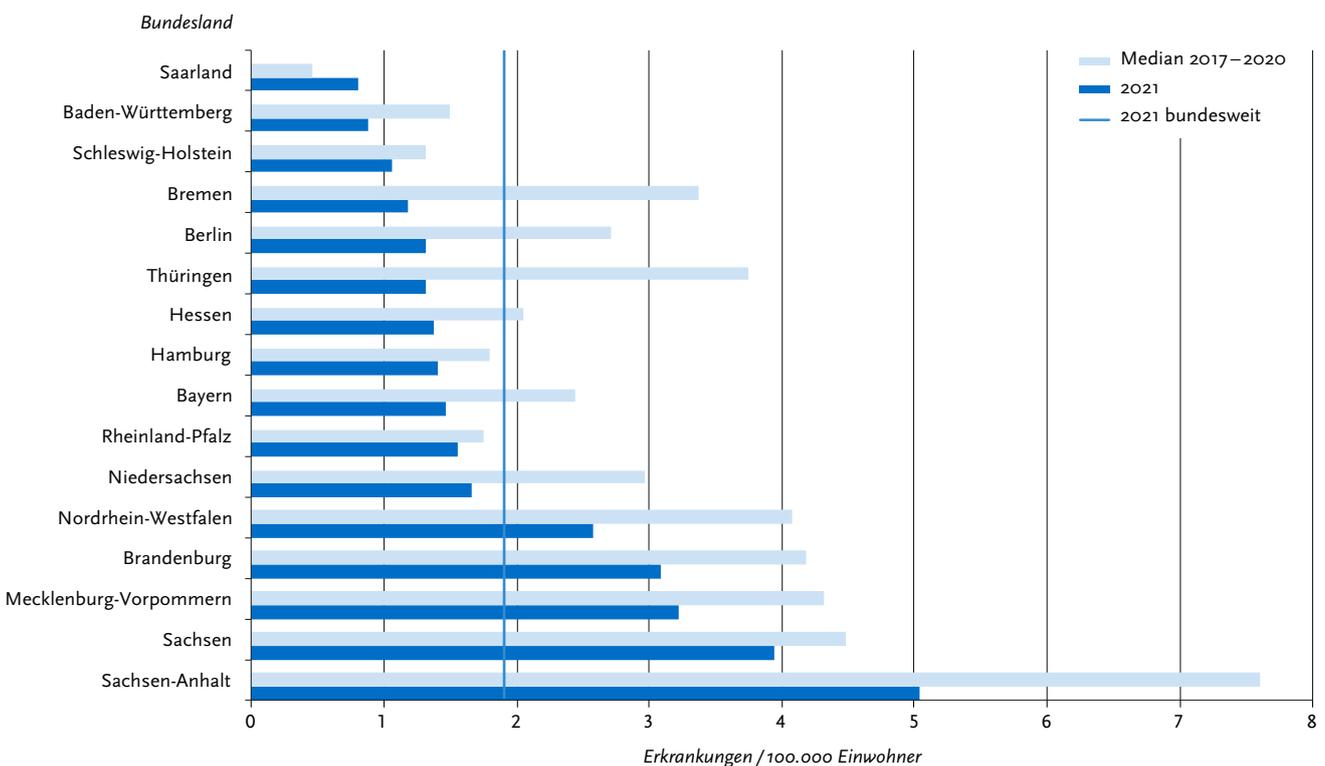
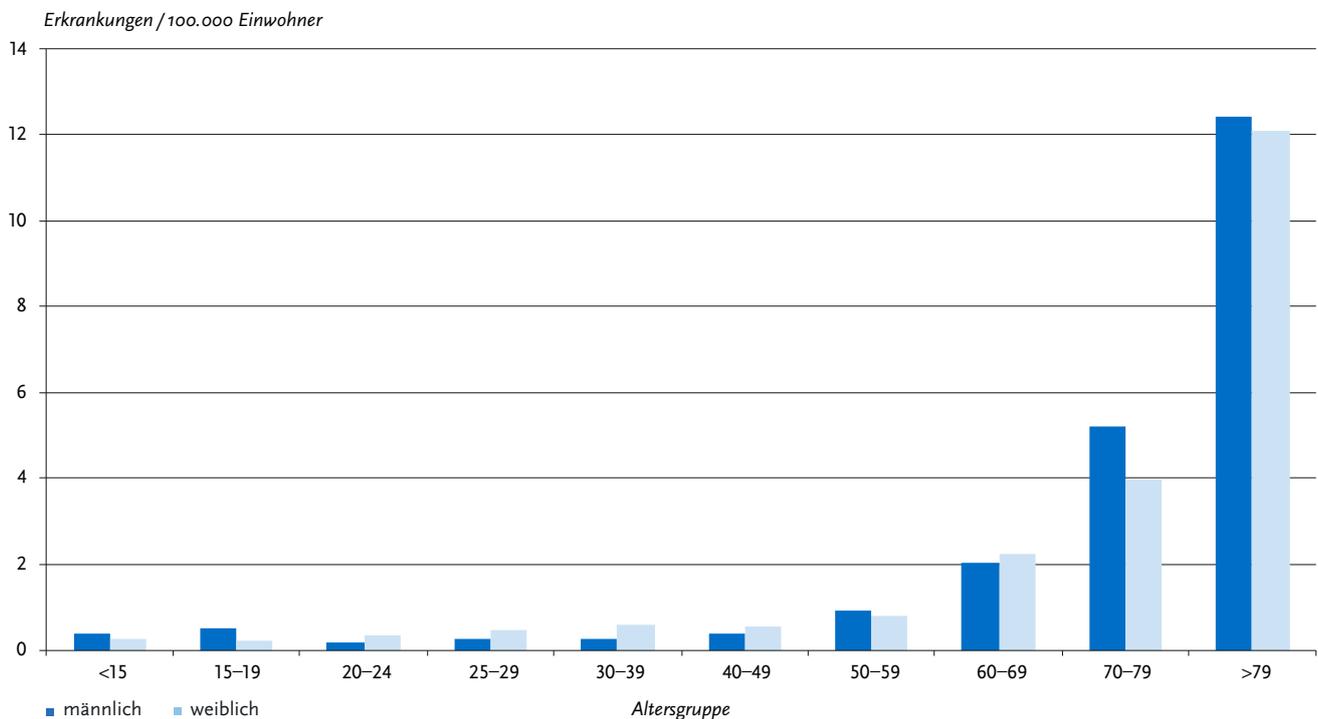


Abb. 6.11.3:
Übermittelte Clostridioides-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner
nach Alter und Geschlecht, 2021 (n=1.581)



Demografische Verteilung

C. difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 1.066 Erkrankte (67%) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,5 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 0,9, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,2 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 4,6. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 12,2 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.11.3) beobachtet. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 1,7 und bei Frauen bei 2,1 Erkr./100.000 Einw.

Klinische Aspekte

Das Kriterium ›Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung‹ war 1.236-mal (66%) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium ›Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation‹ wurde bei 233 (12%) Erkrankungen angegeben. Ein ›chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer therapierefraktären Kolitis‹ wurde bei 42 (2%) der Erkrankungen genannt.

Bei 356 (19%) 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 1,9 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2020 stabil geblieben, aber im Vergleich zum Median der 3 Vorjahre deutlich gesunken. Eine Ursache für den Rückgang sowie der mögliche Einfluss der COVID-19 Pandemie ist anhand der übermittelten Daten nicht direkt ableitbar.

Literaturhinweise

- 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 Prehn 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, Laverne 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 2020. https://www.nrz-hygiene.de/files/Referenzdaten/CDAD/202001_202012CDAD_Ref.pdf
- Tscludin-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

6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 5.440.947
- ▶ Im zweiten Jahr der COVID-19-Pandemie wurden mehrere Erkrankungswellen verzeichnet, wobei die zweite zum Jahreswechsel 2020/21 fließend in die dritte im Frühjahr 2021 übergang und die vierte im Herbst/Winter 2021 folgte
- ▶ Höchste Inzidenz bei Jugendlichen (10 bis 14 Jahre), auch bedingt durch die hohe Testfrequenz in dieser Altersgruppe
- ▶ 158.438 Ausbrüche mit 695.298 Fällen

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 Organ-systemen. 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. Seit Ende 2020 stehen Impfstoffe gegen COVID-19 zur Verfügung, die eine sehr gute Wirksamkeit gegen schwere Krankheitsverläufe haben.

Falldefinition

Im Jahr 2021 wurden 5.444.328 Fälle übermittelt (s. Tab. 6.12.1). Davon entsprachen 5.440.947 der Referenzdefinition. Der Verdacht, die Erkrankung und der Tod, seit Juli 2021 auch die Hospitalisierung in Bezug auf eine Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) sind gemäß § 6 IfSG sowie der Nachweis von SARS-

CoV-2 gemäß § 7 meldepflichtig. Von diesen Meldungen übermittelt das Gesundheitsamt gemäß § 11 Abs.1 IfSG an die zuständige Landesbehörde 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 (Falldefinitions-kategorien B, C, D, E). Im Folgenden berichtet werden Fälle, 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. Zu Beginn des Jahres 2021 war ein fließender Übergang von der zweiten COVID-19-Welle (verursacht durch den SARS-CoV-2-Wildtyp) in die dritte COVID-19-Welle (verursacht durch die Variant of Concern [kurz VOC] Alpha) in der 8. und 9. MW zu beobachten. Für das Jahr 2021 wurden für die zweite COVID-19-Welle, die von der 40. MW 2020 bis zur 8. MW 2021 dauerte, insgesamt 662.320 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.12.1). Der Höhepunkt der zweiten Welle wurde bereits in der 51. MW 2020 mit 174.686 Fällen erreicht. Der zweiten COVID-19-Welle schloss sich die dritte COVID-19-Welle ab der 9. MW 2021 bis zur 23. MW 2021 an. In diesem Zeitraum wurden 1.267.704 Fälle übermittelt, mit einem Höhepunkt in der 16. MW mit 144.759 Fällen. Nach einer Niedriginzidenzphase in den Sommermonaten war ein erneuter Anstieg der Fälle zu beobachten, der in den Beginn der vierten Welle (verursacht durch VOC Delta) ab der 31. MW 2021 mündete. In der vierten Welle, die in der 51. MW 2021 endete, wurden 3.242.859 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. In der 52. MW 2021, die bereits der fünften COVID-19-Welle (VOC Omikron) zugeordnet wird, wurden 208.738 Fälle übermittelt.

Geografische Verteilung

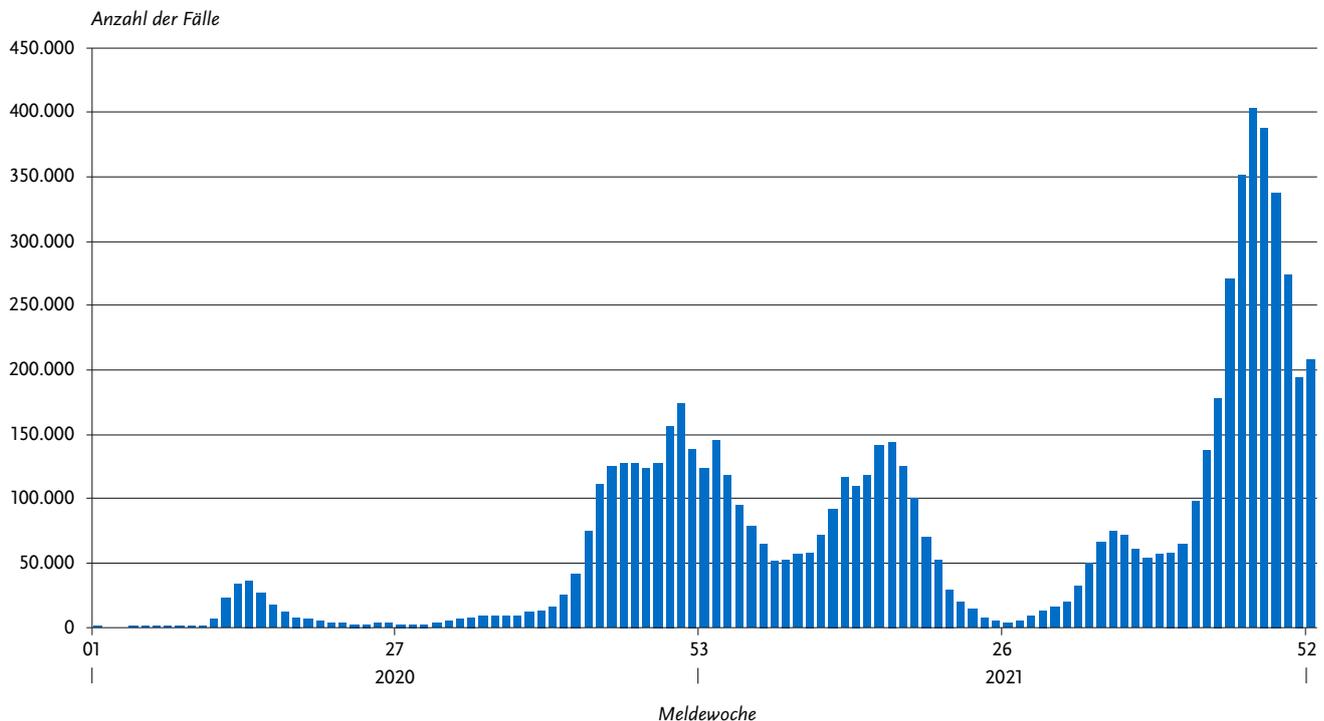
Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2021 lag bei 6.543 Fällen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 2.145). Dabei lag die Inzidenz in den Bundesländern Baden-Württemberg (7.038), Bayern (7.636), Brandenburg (7.873), Sachsen-Anhalt (8.898), Thüringen (11.638) und Sachsen (12.689) über dem bundesweiten Wert.

Unter allen Fällen gemäß Referenzdefinition war für 2.613.342 Fälle (48%) ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für 97% der Fälle eine Exposition

Tab. 6.12.1: Übermittelte COVID-19-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2.909	0 %	3.381	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	816.256	46 %	2.575.813	47 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	483.976	27 %	1.074.437	20 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	483.230	27 %	1.790.697	33 %
alle	1.786.371	100 %	5.444.328	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.783.462	100 %	5.440.947	100 %

Abb. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldeweche, Deutschland, 2020 und 2021



in Deutschland übermittelt. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland eine sehr untergeordnete Rolle.

Mit einem Anteil von 12% wurde in der 34. MW der höchste Anteil an Fällen mit einer Exposition im Ausland berichtet, gefolgt von der 33. MW (11%).

Demografische Verteilung

Für 5.405.103 Fälle (99%) lag eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Die höchste altersspezifische Inzidenz im Jahr 2021 lag bei Personen im Alter von 10 bis 14 Jahren (11.525/100.000), gefolgt von Personen im Alter von 5 bis 9 Jahren (10.423) und den 15- bis 19-Jährigen (9.388). Auch bei der Betrachtung nach Geschlecht waren männliche Fälle im Alter von 10 bis 14 Jahren (11.551) am stärksten betroffen, gefolgt von weiblichen Fällen (11.262) dieser Altersgruppe (s. Abb. 6.12.2). Anders als im Vorjahr war die Inzidenz aller COVID-19-Fälle im Jahr 2021 bei Männern (6.526) höher als bei Frauen (6.479). Der Altersmedian für alle COVID-19-Fälle lag bei 36 Jahren (Vorjahr: 43 Jahre).

Klinische Aspekte

Für 67% aller Fälle (n=3.636.032) waren klinische Informationen verfügbar. Allgemeine Krankheitszeichen traten bei nahezu einem Viertel (23%) dieser Fälle auf, gefolgt von Erkältungssymptomen wie Husten (20%), Schnupfen (17%), Fieber (11%) und Halsschmerzen (9%). Von Geruchs- bzw. Geschmackverlust waren jeweils 7% der Fälle betroffen (Mehrfachnennungen möglich).

Unter allen Fällen lagen für 3.721.423 eine Angabe zur Hospitalisierung vor (68%). Davon wurden im Jahr 2021 252.382 COVID-19-Fälle (7%) stationär aufgenommen. Mit ca. einem Drittel (27%) 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. Mit Blick auf die hospitalisierten Fälle nach Geschlecht, wurden Männer (52%) etwas häufiger stationär aufgenommen als Frauen (48%).

Für das Jahr 2021 lag für 5.244.807 (96%) eine Angabe zum Verstorbenenstatus vor. Unter diesen wurden 65.020 COVID-19-Todesfälle übermittelt. Dies entspricht einem Fall-Verstorbenen-Anteil von rund einem Prozent. Für 55.528 Fälle (85%) wurde angegeben, dass COVID-19 ursächlich zum Tod beigetragen habe. Mit 59% nehmen Personen ab 80 Jahren den größten Anteil unter den Verstorbenen ein, gefolgt von den 70- bis 79-Jährigen (22%). 55% 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 werden die Viren in Varianten (auch Clades bzw. Linien) des ursprünglich identifizierten Wildtyps von SARS-CoV-2 unterteilt. Seit Mitte Dezember 2020 wurde aus dem Vereinigten Königreich über die zunehmende Identifizierung und Verbreitung der sogenannten VOC Alpha berichtet. Diese Viren verbreiteten sich zunächst über den Süden und Südosten des Vereinigten Königreichs, später aber auch in der gesamten europäischen Region. Ebenfalls im Dezember 2020 wurde zudem erstmals vom vermehrten Auftreten einer SARS-CoV-2-Variante in Südafrika (VOC Beta) berichtet. Im Jahr 2021 wurden weitere besorgniserregende Varianten detektiert. So wurden erstmals bei Reisenden aus dem brasilianischen Staat Amazonas die SARS-CoV-2-Variante Gamma zu Beginn des Jahres nachgewiesen. Im Mai erklärte die WHO die zuerst in Indien detektierte Variante Delta als VOC. Die VOC Delta wurde seit März 2021 in Deutschland nachgewiesen und war insbe-

sondere in der zweiten Jahreshälfte die dominierende Variante. Sie wurde erst Ende des Jahres durch die VOC Omikron abgelöst, durch die ein fließender Übergang von der vierten in die fünfte COVID-19-Welle ab der 52. MW 2021 erfolgte.

Für das Jahr 2021 wurde für 718.104 Fälle die Variante Alpha, für 6.689 Fälle die Variante Beta, für 1.495 Fälle die Variante Gamma, für 1.052.871 Fälle die Variante Delta und für 54.530 Fälle die Variante Omikron angegeben.

Impfungen

Die Meldung aller durchgeführten COVID-19-Impfungen an das RKI ist in § 4 der Coronavirus-Impfverordnung für alle Leistungserbringer 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 Vertragsärzte, seit dem 07.06.2021 auch die Betriebs- und Privatärzte. Im Jahr 2021 standen 4 Impfstoffe zur Verfügung, die im Zeitverlauf unterschiedlichen Personengruppen empfohlen wurden: (Comirnaty (BioNTech/Pfizer), Spikevax (Moderna), Vaxzevria (AstraZeneca) und Janssen (Johnson & Johnson)). Zu Beginn der Impfkampagnen standen jedoch zunächst nur begrenzte Mengen verschiedener Impfstoffe zur Verfügung. Daher war bei der Impfpflichtung durch die Ständige Impfkommission (STIKO) zunächst eine Priorisierung von vorrangig zu impfenden Personengruppen erforderlich. Im Zuge dieser Priorisierung wurde die Impfung zunächst nur für Personen 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) empfohlen. Diese Priorisierung wurde mit der Neufassung der Coronavirus-Impfverordnung vom 1. Juni 2021 zum 7. Juni 2021 aufgehoben.

Ende des Jahres 2021 hatten etwa 3 Viertel der Bevölkerung eine Impfdosis (74%) und 70% 2 Impfdosen und etwas mehr als ein Drittel der Bevölkerung (38%) bis zum Ende des Jahres eine Auffrischimpfung erhalten (Stand 31.12.2021).

Die Impfwirksamkeit wird kontinuierlich überwacht. Aktuelle Erkenntnisse zeigen eine hohe Wirksamkeit der mRNA-Impfstoffe (Comirnaty, Spikevax) sowie des Vektor-Impfstoffes (Vaxzevria) gegen einen schweren COVID-19-Krankheitsverlauf. 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

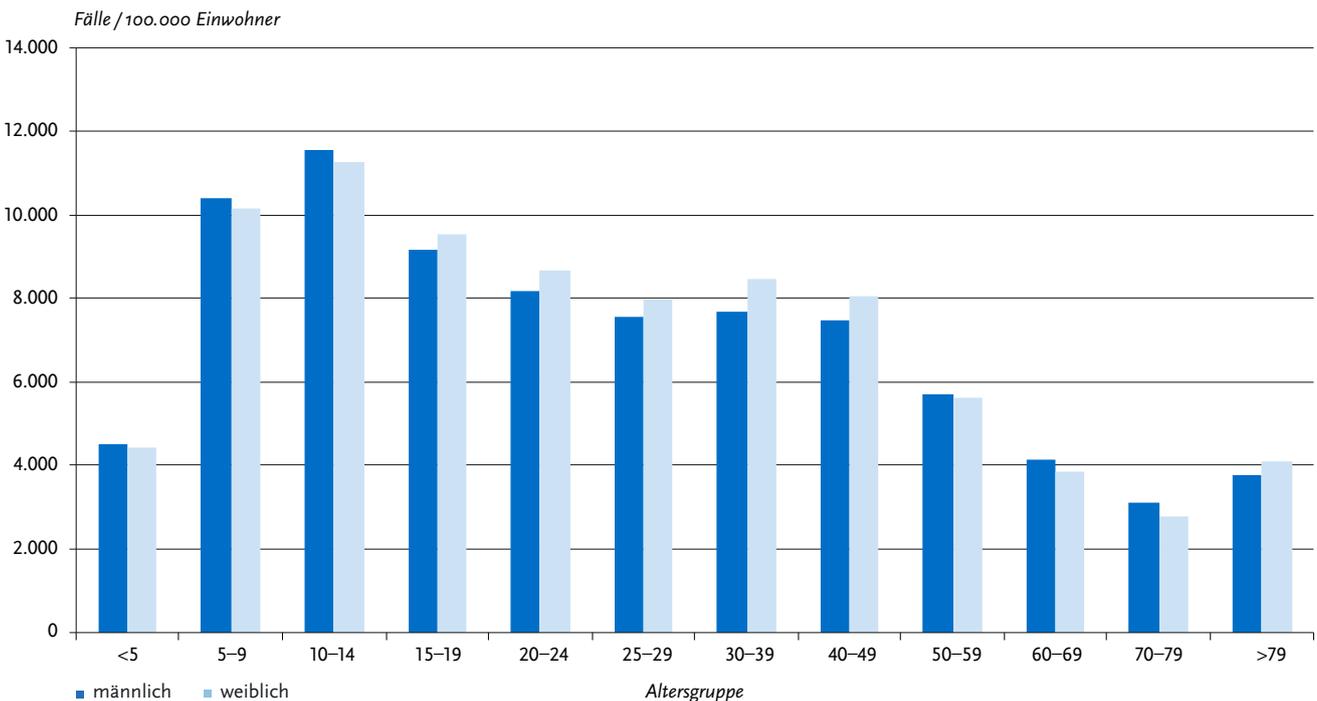
Im Jahr 2021 wurden 158.438 Ausbrüche mit insgesamt 695.298 COVID-19-Fällen übermittelt. Durchschnittlich wurden pro Ausbruch 4 Fälle erfasst. Mehr als die Hälfte (52%) der Fälle gehörte zu größeren Ausbruchsgeschehen mit mindestens 5 Fällen (insgesamt 35.224; 22% aller Ausbrüche).

Der Altersmedian von Fällen in Ausbrüchen lag bei 36 Jahren, wobei Personen im Alter von 30 bis 39 Jahren und 40 bis 49 Jahren jeweils den größten Anteil (jeweils 13%) einnahmen. Mit Blick auf die wahrscheinlichen Ausbruchssettings wurde wie im Vorjahr am häufigsten der private Haushalt genannt. Ausbrüche mit vielen Fällen wurden zudem in Schulen, am Arbeitsplatz sowie in Alten- und Pflegeheimen verzeichnet.

Datenqualität

Aufgrund der Neuartigkeit der Krankheit wurde die Datenerfassung 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.

Abb. 6.12.2: Übermittelte COVID-19-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=5.405.103)



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 der Referenzdefinition des RKI zudem nur durch PCR oder Virusisolierung bestätigte Fälle entsprechen, 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 Melde-daten überrepräsentiert sein.

Fazit

Die COVID-19-Pandemie in Deutschland verlief im Jahr 2021 in mehreren Wellen. Zu Beginn des Jahres war ein fließender Übergang von der zweiten in die dritte Welle zu beobachten, wobei hier unterschiedliche Virusvarianten (Wildtyp gefolgt von Alpha) dominierten. Der Niedriginzidenzphase im Sommer schloss sich dann bereits im Spätsommer die vierte Welle mit einer dominanten Zirkulation von Delta an und ging ebenfalls fließend Ende des Jahres in die fünfte Welle (Omikron) über.

Für die Mehrzahl der Fälle (97%) wurde Deutschland als wahrscheinlicher Infektionsort angegeben. Der höchste Anteil an reiseassoziierten Fällen wurde Ende des Sommers (34. MW) beobachtet. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei Jugendlichen (10 bis 14 Jahre) und Kindern (5 bis 9 Jahre) registriert. In diesen Altersgruppen wurde jedoch der geringste Anteil an hospitalisierten Fällen beobachtet. Hospitalisierte und verstorbene Fälle wurden hauptsächlich bei hochaltrigen Personen (ab 80 Jahren) übermittelt. Geschlechtsspezifische Unterschiede wurden insbesondere unter den schwer verlaufenden Erkrankungen deutlich. Fälle mit männlichem Geschlecht sind etwas häufiger stationär aufgenommen worden bzw. verstorben.

Das Auftreten besorgniserregender Virusvarianten (VOC) wurde erstmals im Dezember 2020 beobachtet. Im Jahr 2021 folgten die Varianten Gamma, Delta und Omikron, wobei die beiden letzteren ab Spätsommer bzw. Ende des Jahres aufgrund ihrer virologischen Eigenschaften zu einer erneut hohen Transmission in der Bevölkerung und damit zu einem starken Anstieg der Fallzahlen führten.

Literaturhinweise

- RKI (2022): Aktuelle Situationsberichte, Wochenberichte und COVID-19-Trends im Überblick. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html
- RKI (2022): COVID-19 und Impfen: Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ). <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQ/COVID-Impfen/gesamt.html>
- STIKO (2022): 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>
- Schilling J, Tolksdorf K., Marquis A, et al.: Die verschiedenen Phasen der COVID-19-Pandemie in Deutschland: Eine deskriptive Analyse von Januar 2020 bis Februar 2021. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03394-x>
- Koppe U, Wilking H, Harder T, et al.: COVID-19-Patientinnen und -Patienten in Deutschland: Expositionsrisiken und assoziierte Faktoren für Hospitalisierungen und schwere Krankheitsverläufe. Bundesgesundheitsbl 2021. <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03391-0>

- 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>
- Schilling J, Buda S, Tolksdorf K: Zweite Aktualisierung der »Retrospektiven Phaseneinteilung der COVID-19-Pandemie in Deutschland«. Epid Bull 2022;10:3–5. <https://doi.org/10.25646/9787>
- RKI (2021): Epidemiologischer Steckbrief zu SARS-CoV-2 und COVID-19. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html

6.13 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 60
- ▶ Extrem geringe Fallzahl, beeinflusst vom Einbruch bei Fernreisen im ganzen Jahr.
- ▶ Alle Infektionen wurden im Ausland erworben, die meisten davon in Indien.

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 2021 wurden 60 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt, noch einmal 71% weniger als im Jahr 2020, (s. Abb. 6.13.1). Eine vergleichbar niedrige Anzahl an Fällen wurde zuletzt 2001 bei Inkrafttreten des Infektionsschutzgesetzes an das RKI übermittelt. Die Inzidenz betrug unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Insgesamt 80% der Erkrankungen wurden im III. und IV. Quartal 2021 übermittelt, als die durch die COVID-19-Pandemie eingeschränkte Reisetätigkeit wieder etwas zunahm.

Geografische Verteilung

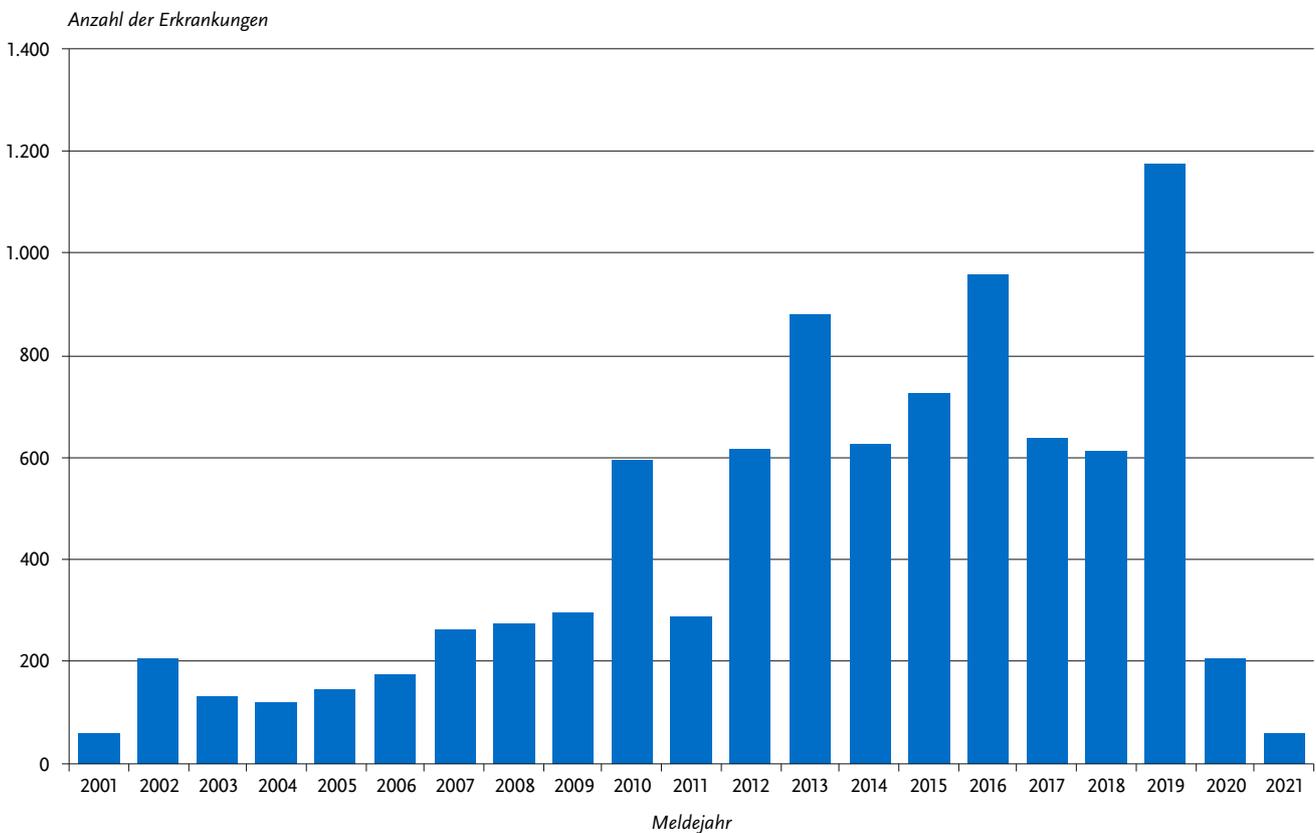
Die höchste Inzidenz betraf das Bundesland Berlin (0,5 Erkr./100.000 Einw.) – aus den Bundesländern Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Thüringen wurden keine Fälle übermittelt.

Zu 60 Erkrankungen lagen 63 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.13.2 sind die 10 mehr als einmal genannten Infektionsländer aufgeführt. Indien wurde am häufigsten angegeben (21% der Nennungen, Vorjahr: 6%). Im Vergleich zum Vorjahr wurden anteilig weniger Infektionen in Süd- und Mittelamerika erworben (17%; Vorjahr: 32%), und weniger in Asien (43%; Vorjahr: 52%). Auf afrikanische Länder entfielen 40% (Vorjahr: 11%); Länder in Australien/Ozeanien wurden nicht genannt (Vorjahr: 2%). Für keine Erkrankung wurden europäische Staaten (Überseegebiete) als Infektionsländer übermittelt (Vorjahr: 7 Erkrankungen, 3%).

Tab. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	205	88 %	60	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	20	9 %	9	13 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8	3 %	0	0 %
alle	233	100 %	69	100 %
Referenzdefinition (C)	205	88 %	60	87 %

Abb. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Im Jahr 2017 hatte es in Ägypten – kein klassisches Dengue-Endemieland – einen größeren Ausbruch gegeben, in dessen Rahmen sich 7 Reisende aus Deutschland infiziert hatten. Nachdem auch in den Folgejahren einige Fälle mit dieser Reiseanamnese auftraten, sind 2021 erstmals keine Dengue-Fälle mit Infektionsland Ägypten übermittelt worden.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 25- bis 39-Jährigen beobachtet. Die wie in den Vorjahren niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Im Gegensatz zu den Vorjahren waren 2021 Jungen/Männer deutlich stärker betroffen als Mädchen/Frauen. (s. Abb. 6.13.2).

Klinische Aspekte

Bei 2 hospitalisierten erkrankten Personen, exponiert in Somalia und Nigeria, waren die Kriterien eines hämorrhagischen Verlaufes erfüllt. Fälle, die die Kriterien für eine Dengue-Schock-Syndrom erfüllen, oder Todesfälle wurden 2021 nicht übermittelt.

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.

Tab. 6.13.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, 60 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

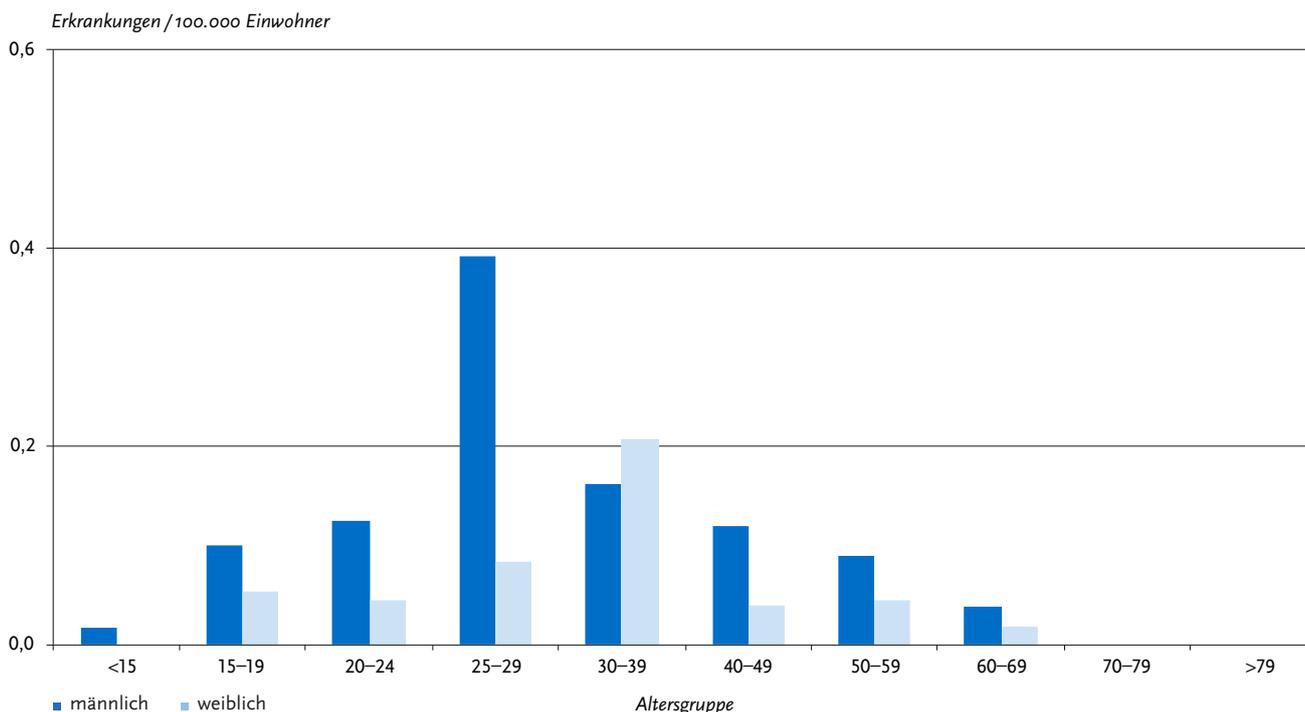
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Indien	13	21 %
Pakistan	5	8 %
Sri Lanka	4	6 %
Costa Rica	4	6 %
Mexiko	3	5 %
Seychellen	3	5 %
Togo	3	5 %
Tansania	2	3 %
Nigeria	2	3 %
Ghana	2	3 %
Andere	22	35 %
Summe	63	100 %

Unabhängig davon sind weiterhin Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch Denguefieber mit hämorrhagischem Verlauf gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG vom behandelnden 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 den Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie von Veränderungen in den Reiseströmen. Der pandemiebedingte starke Rückgang der Fallzahlen nach dem I. Quartal 2020 hielt auch 2021 an, wobei die Reisetätigkeit offenbar im 2. Halbjahr wieder langsam begann. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

Abb. 6.13.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=60)



Literaturhinweise

- 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>
- Shihada S, Emmerich P, Thome-Bolduan C, et al.: *Genetic Diversity and New Lineages of Dengue Virus Serotypes 3 and 4 in Returning Travelers, Germany, 2006 – 2015*. Emerg Infect Dis 2017. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2302.160751>
- Saifullin MA, Laritchev VP, Grigorieva YE, et al.: *Two cases of dengue fever imported from Egypt to Russia, 2017*. Emerg Infect Dis 2018. <https://doi.org/10.3201/eid2404.172131>

- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557 – 567.
- 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*. Diphtherie kann sich unterschiedlich manifestieren, z.B. als klassische Tonsillen- oder Rachendiphtherie mit schwerer Rachenentzündung und weiß-grünlischen 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. Die Erreger der Haut-/Wunddiphtherie werden vorwiegend von Tier zu Mensch 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

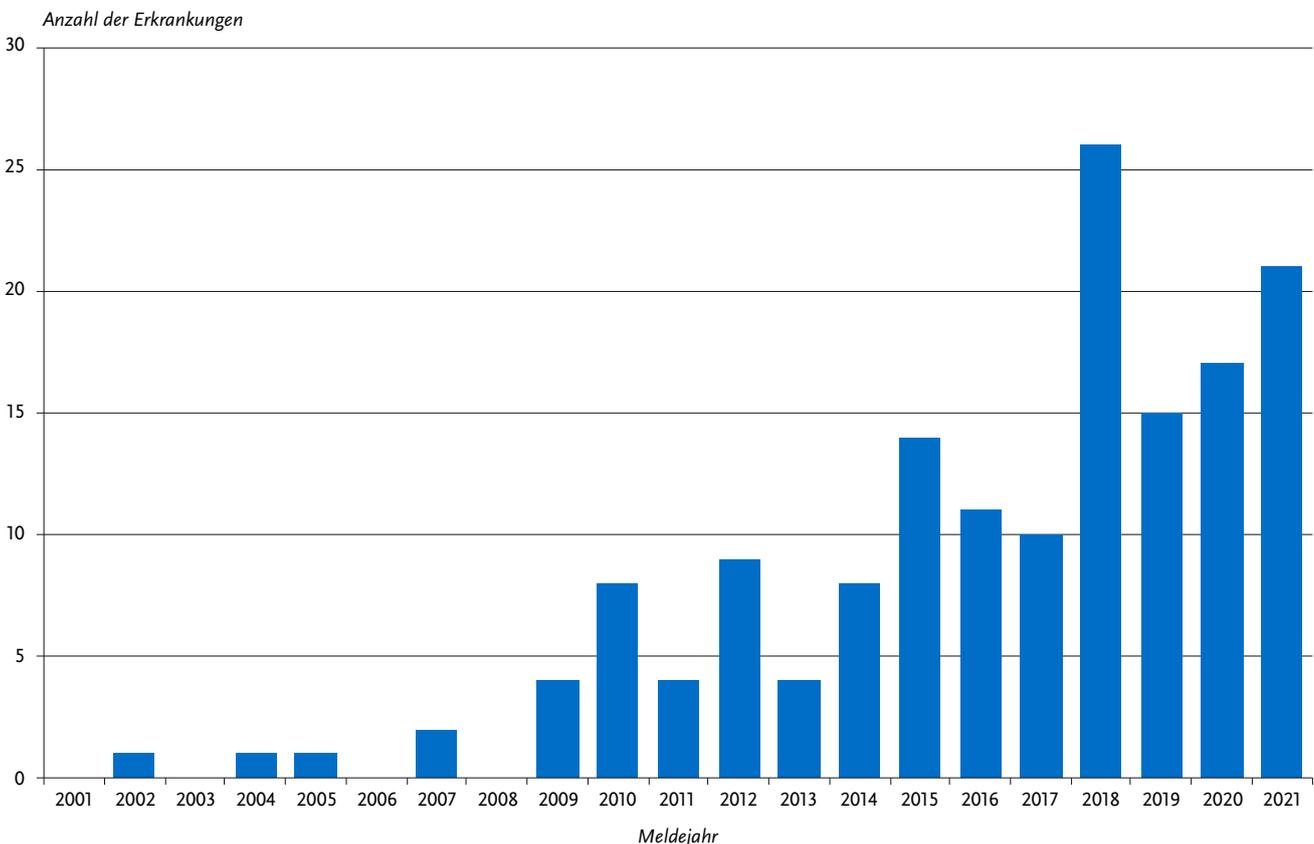
die Grundimmunisierung das von 3+1 auf 2+1 reduzierte Impfschema. Auffrischimpfungen sollten im Alter von 5 bis 6 Jahren sowie im Alter von 9 bis 17 Jahren erfolgen und dann alle 10 Jahre. Der Impfstoff beruht auf dem Diphtherie-Toxin von *C. diphtheriae*. Die Schutzwirkung gegen andere Diphtherie-Toxin-bildende Corynebakterien ist bisher nicht ausreichend nachgewiesen, ein Schutz durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet. Seit einer IfSG-Novellierung im Jahr 2017 gilt die Melde- und Übermittlungspflicht nicht mehr nur für den Nachweis von Diphtherie-Toxin-bildendem *C. diphtheriae*, sondern auch für andere Diphtherie-Toxin-bildende Erreger wie insbesondere *C. ulcerans*.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 22 Diphtherie-Fälle übermittelt, von denen 21 (95%) die Referenzdefinition erfüllten. Dies entspricht einem leichten Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (2020: 16 Fälle, s. Abb. 6.14.1). Die Erkrankungen wurden aus 9 Bundesländern übermittelt: Bayern, Nordrhein-Westfalen und Sachsen (jeweils 4 Fälle), Baden-Württemberg, Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils 2 Fälle) sowie Berlin, Hessen und Schleswig-Holstein (jeweils ein Fall). Die Erkrankung betraf 3 Frauen und 18 Männer im Alter von 15 bis 82 Jahren.

Von den 21 Fällen manifestierten sich 20 als Hautdiphtherie und eine Erkrankung als respiratorische Diphtherie bei einem erwachsenen Mann, der nach Deutschland geflüchtet war und sehr wahrscheinlich hierzulande infiziert wurde. Bei 12 der 20

Abb. 6.14.1: Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Hautdiphtherie-Fälle wurde der Erreger *C. ulcerans* nachgewiesen, bei 8 *C. diphtheriae*, wobei in 2 dieser Fälle der Biotyp *C. diphtheriae mitis* nachgewiesen wurde. Der eine Fall von respiratorischer Diphtherie wurde durch den Erreger *C. diphtheriae* verursacht. Als wahrscheinliches Infektionsland wurde bei 15 Fällen Deutschland angegeben sowie bei jeweils einem Fall Gambia, Österreich, Rumänien, Serbien und Ungarn. Für eine Erkrankung wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt.

Der eine Fall, der nicht die Referenzdefinition erfüllt hat, gehörte zur Falldefinitions-kategorie »Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischem Bild«. Dabei handelte es sich um eine Infektion mit dem Erreger *C. silvaticum*, der im konkreten Fall das Diphtherie-Toxin-Gen trug, aber kein Diphtherie-Toxin produzierte. *C. silvaticum* wurde 2020 erstmals als neue *Corynebacterium*-Spezies und Erreger einer Erkrankung bei Wildschweinen und Rehen beschrieben. Die betroffene Person hatte zuvor Wildschweine gejagt und zerlegt.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

Angaben zum Impfstatus lagen bei 11 der 21 Fälle vor. Demnach waren 3 Fälle zum Zeitpunkt der Erkrankung ungeimpft. Drei Fälle waren zum Zeitpunkt der Erkrankung geimpft, jedoch war weder die Anzahl der insgesamt erhaltenen Impfstoffdosen noch das Datum der jüngst zurückliegenden Impfung angegeben. Bei 3 weiteren Fällen, die als geimpft erfasst worden waren, lag die jüngste Impfung weniger als 10 Jahre zurück, jedoch war dies jeweils nur die einzige dokumentierte Impfung. Bei einem weiteren Fall wurde die Anzahl der insgesamt erhaltenen Impfstoffdosen mit »1« angegeben, jedoch kein Erkrankungsbeginn übermittelt; weiteren vorliegenden Informationen zufolge ist die Impfung erst nach der Erkrankung erfolgt, sodass dieser Fall zum Zeitpunkt der Erkrankung als ungeimpft angesehen werden könnte. Bei dem Fall mit respiratorischer Diphtherie erfolgte die jüngste und zugleich zweite erfasste Impfung ebenfalls erst nach der Erkrankung.

Fazit

Mit 21 Fällen lag die Fallzahl im Jahr 2021 höher als im Vorjahr (16 Fälle). Dieser Anstieg dürfte nach Erkenntnissen des RKI jedoch eher auf ein verbessertes Meldeverhalten als auf tatsächlich mehr Fälle zurückzuführen sein.

Bei 20 der insgesamt 21 Fälle (95%) handelte es sich um Hautdiphtherie. Von diesen 20 Fällen waren 12 Fälle (60%) durch *C. ulcerans* bedingt. Dies dürfte auf mehr Zufallsbefunde zurückgehen, d.h. Fälle, bei denen zunächst kein klinischer Verdacht auf Diphtherie bestand. In den vergangenen Jahren hat sich die Nachweismethode durch die breitere Anwendung des MALDI-TOF-MS-Verfahrens verbessert, sodass nun z.B. bei Hautinfektionen mitunter verschiedene Erreger nebenbefundlich nachgewiesen werden. Da sich die Diphtherie-Impfung gegen das Diphtherie-Toxin richtet und nicht gegen den Diphtherie-Erreger selber, kann es auch bei Geimpften zu einer Besiedelung mit Diphtherie-Toxin-bildenden Erregern kommen, ohne dass Toxin-bedingte Symptome vorliegen.

Die Datenlage zum Impfstatus der übermittelten Diphtherie-Fälle, inkl. Anzahl und Zeitpunkt von Impfungen, ist weiterhin unvollständig. Bei nur 11 (52%) der insgesamt 21 Diphtherie-Fälle lagen Angaben zum Impfstatus vor. Für 5 der 8 geimpften Personen lagen Angaben zur Anzahl und zum Zeitpunkt der jüngst erfolgten Impfung vor. Wegen der unzureichenden Datenqualität wird auf eine Abbildung nach Impfstatus ver-

zichtet. Auch für die als geimpft erfassten Diphtherie-Fälle kann, basierend auf den vorliegenden Daten, nicht beurteilt werden, ob der Impfstatus vollständig war. Somit lassen sich für diese Fälle keine Aussagen zu einem möglichen Impfversagen treffen. Vollständige Impfangaben könnten zukünftig Hinweise dafür liefern, ob aufgrund versäumter Auffrischimpfungen die Immunität in der Bevölkerung mit dem Alter abnimmt, ob die Impfung aufgrund einer zugrundeliegenden Vorerkrankung weniger wirksam ist oder die Impfeffektivität gegen das Diphtherie-Toxin von *C. ulcerans* vermindert ist.

Das RKI führt seit Frühjahr 2019 eine Intensivierte Diphtherie-Surveillance durch, um zusätzliche Informationen zu Diphtherie-Erkrankungen zu erfassen, z. B. zu Risikofaktoren für die Erkrankung.

Literaturhinweise

- 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
- Dangel A, Berger A, Rau J, Eisenberg T et al.: *Corynebacterium silvaticum* sp. nov., a unique group of NTTB corynebacteria in wild boar and roe deer. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004195>
- Berger A, Dangel A, Schober T, et al.: *Whole genome sequencing suggests transmission of Corynebacterium diphtheriae-caused cutaneous diphtheria in two siblings, Germany, 2018*. *Euro Surveill* 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.2.1800683>
- 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 nichtgemeldete 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 89 zystische Echinokokkosen und 40 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 13-mal gemeldet (s. Tab. 6.15.1).

Zystische Echinokokkose

Die 89 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 12 Bundesländern gemeldet: Nordrhein-Westfalen (27 Fälle), Bayern (12), Baden-Württemberg (10), Hessen (10), Rheinland-Pfalz (7), Berlin (6), Hamburg (5), Niedersachsen (5), Schleswig-Holstein (3), Mecklenburg-Vorpommern (2) und jeweils ein Fall aus Sachsen

und Thüringen. Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 57 Meldungen (64%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 6 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 15 in Syrien, 9 in Bulgarien, 5 in Rumänien und der Türkei und weitere 17 in anderen Ländern (s. Tab. 6.15.1).

Eine Angabe des Geschlechts lag für 87 Personen und eine Altersangabe für 88 Personen vor. Demnach erkrankten 44 Personen männlichen und 43 Personen weiblichen Geschlechts an zystischer Echinokokkose. Von den Erkrankten waren 91% 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 4 Jungen und 4 Mädchen im Alter von 10 bis 19 Jahren an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 80 Fällen. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2016 mit einer deutlich höheren Fallzahl von 122 Fällen (s. Abb. 6.15.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2021 wurden insgesamt 40 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Patienten aus 12 Bundesländern: Baden-Württemberg (16 Fälle), Bayern (8), Niedersachsen (4), Hessen (3), Berlin (2) und jeweils ein Fall aus Brandenburg, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland und Thüringen. 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 29 Fälle (73%) vor, darunter entfielen 27 (93%) auf Deutschland (s. Tab. 6.15.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden Österreich und Syrien je einmal genannt. Zu den 40 Erkrankten zählten 23 männliche und 17 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 25 Jahre waren betroffen, sowie ein Junge im Alter von 15 bis 19 Jahren.

Die Meldezahlen im Jahr 2021 liegen im Bereich des Median der letzten fünf Jahre (s. Abb. 6.15.2).

Tab. 6.15.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2021

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	6	27	6	39
Syrien	15	1		16
Bulgarien	9			9
Rumänien	5			5
Türkei	5			5
Irak	4			4
Kosovo	2			2
Russische Föderation	2			2
Nordmazedonien	2			2
Andere	7	1	2	10
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	57	29	8	94
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	32	11	5	48
Summe Fälle	89	40	13	142

Abb. 6.15.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021

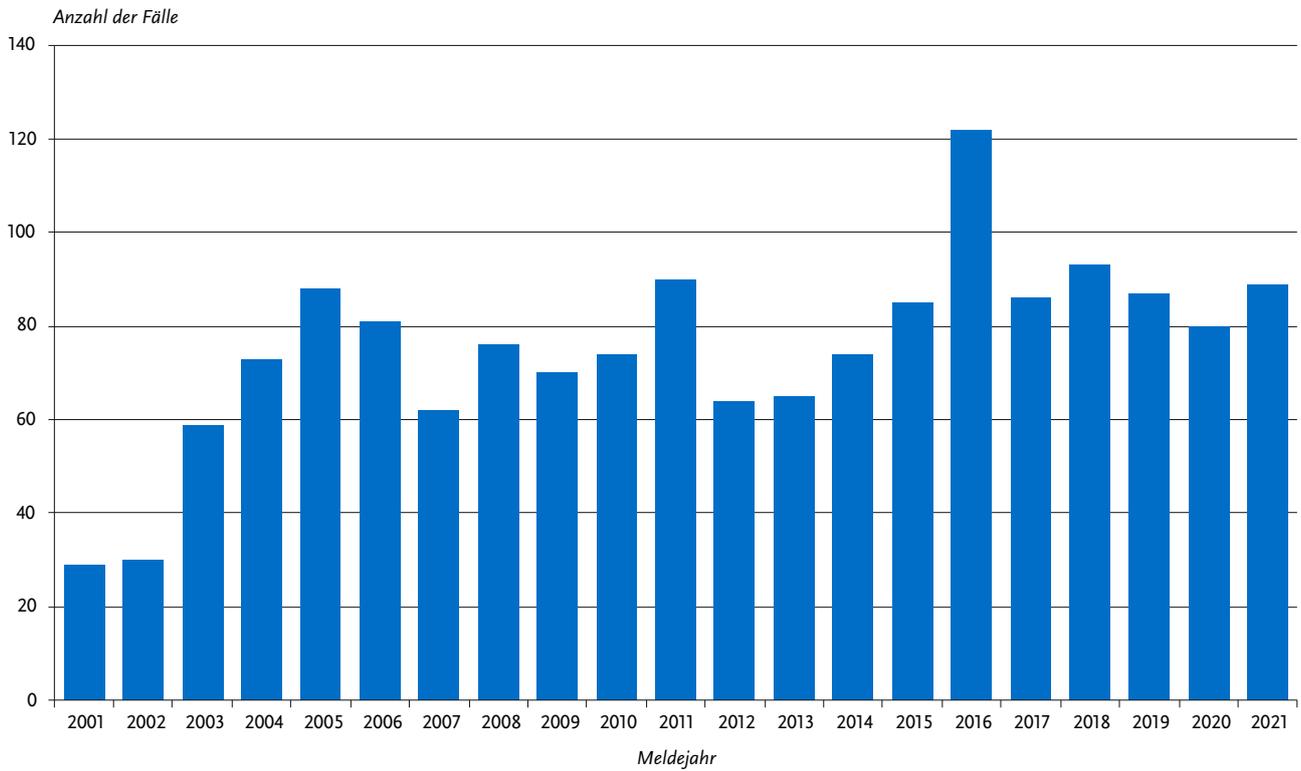
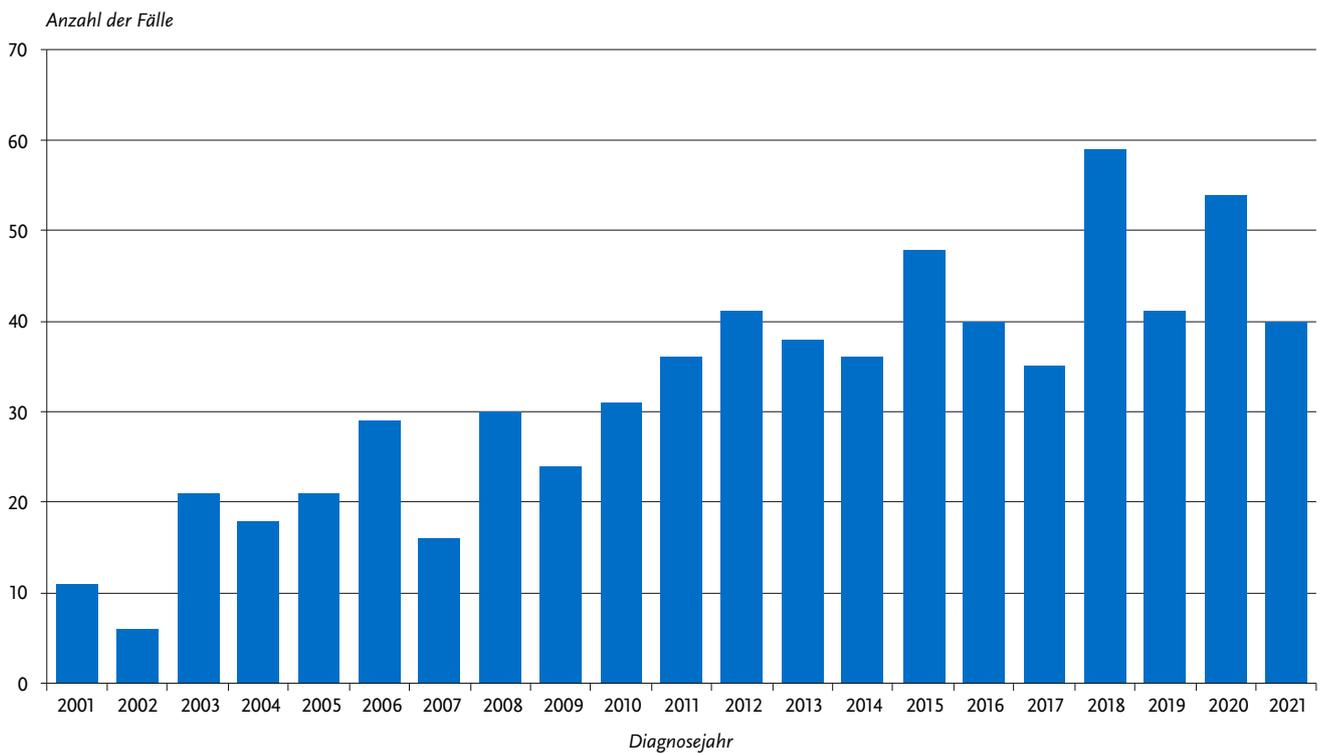


Abb. 6.15.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 13 Fälle lag im Jahr 2021 keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 5 Fälle aus Baden-Württemberg, 2 Fälle aus Hessen, und jeweils ein Fall aus Bayern, Brandenburg, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und dem Saarland gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 8 Fälle (62%) vor, darunter entfielen 6 Nennungen auf Deutschland und jeweils eine auf Afghanistan und Ägypten (s. Tab. 6.15.1). Unter den Erkrankten waren 8 Personen männlichen und 5 Personen weiblichen Geschlechts. Die Betroffenen waren alle älter als 25 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).

Datenqualität

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

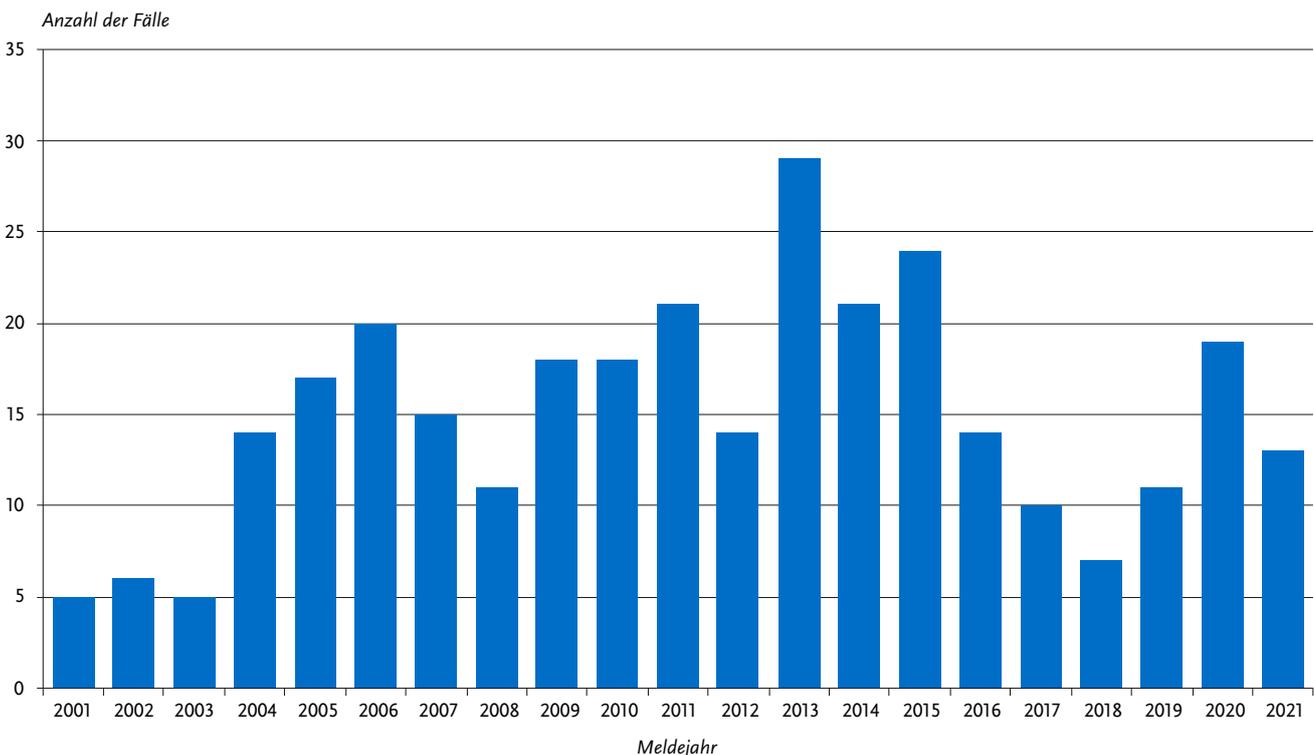
Fazit

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.

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.
- Brehm K: *Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie*. Epid Bull 2017; 15:127–132. RKI-Ratgeber (2005). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.15.3: Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



6.16 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 1.601
- ▶ 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 Erregeraufnahme über den Kontakt mit Tierfäzes, über kontaminierte Lebensmittel oder kontaminiertes Wasser erfolgt, aber auch durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch.

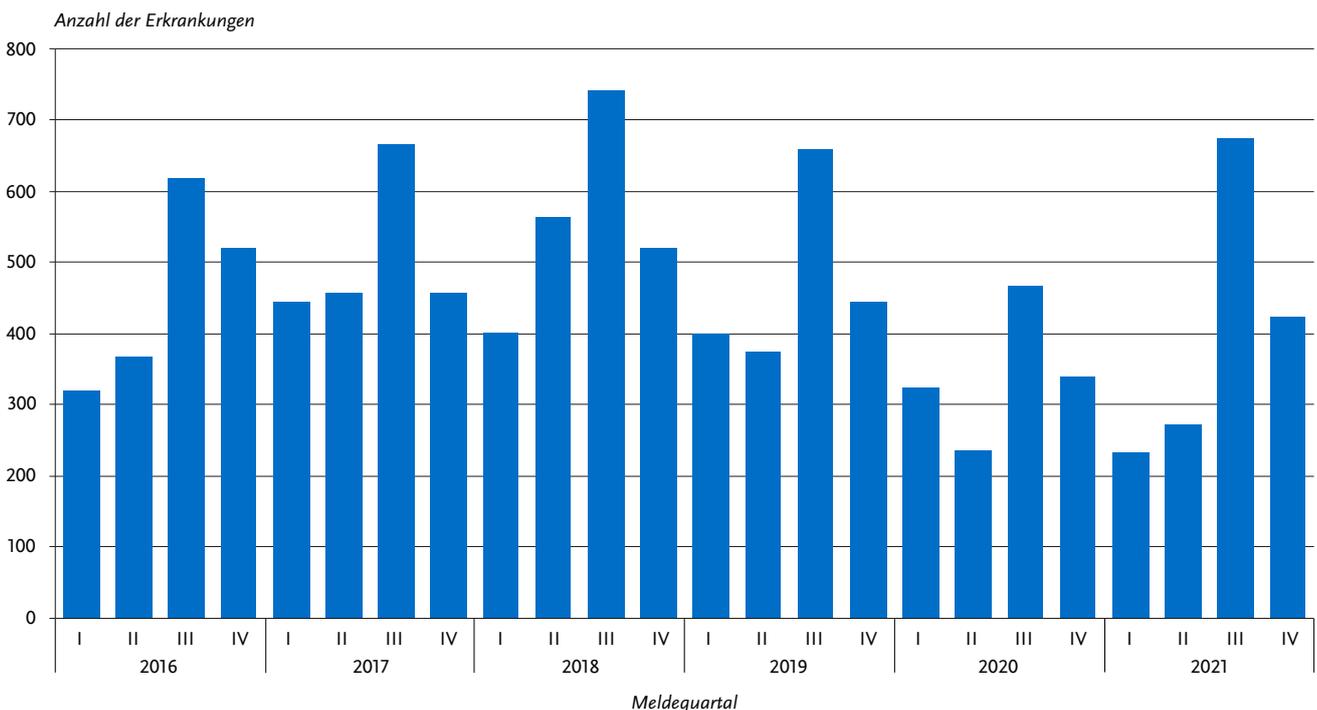
Falldefinition

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 2021 wurden 1.601 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2020: 1.371; Median 2016 bis 2020: 1.877). Dies ist eine Zunahme um 17% gegenüber dem Vorjahr. Die meisten Erkrankungen (n=674; 42%) wurden wie in den Vorjahren im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.16.1).

Abb. 6.16.1: Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021



Tab. 6.16.1: Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10	1 %	6	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.361	71 %	1.595	73 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	224	12 %	242	11 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	330	17 %	335	15 %
alle	1.925	100 %	2.178	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.371	71 %	1.601	74 %

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz betrug 1,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2020: 1,6 Erkr./100.000 Einw.). Wie im Vorjahr war die Inzidenz in Hessen (1,0), im Saarland (0,9) und in Bremen (0,7) am niedrigsten und in Mecklenburg-Vorpommern (3,2) und Sachsen-Anhalt (3,7) am höchsten. In den meisten Bundesländern lag die Inzidenz niedriger als im Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.16.2).

Bei 990 Erkrankungen (62 %) wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (998 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 891-mal genannt (89 % der Nennungen). Der Anteil anderer Infektionsländer stieg von 7 % der Nennungen im Jahr 2020 auf 11 %. Am häufigsten wurden die Türkei (36-mal), Polen, Kosovo, Kroatien und Ägypten (je 5-mal) genannt.

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (16 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,2) (s. Abb. 6.16.3); 39 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (33 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf.

Die Inzidenz bei weiblichen und männlichen Personen war annähernd gleich (2,0 vs. 1,9). Bei Kindern unter 5 Jahren hatten Jungen eine etwas höhere Inzidenz als Mädchen (16,4 im Vergleich zu 14,8), bei Personen ab 5 Jahren lag die Inzidenz dagegen bei weiblichen Personen mit 1,4 Erkr./100.000 Einw. höher als bei männlichen Personen (1,1).

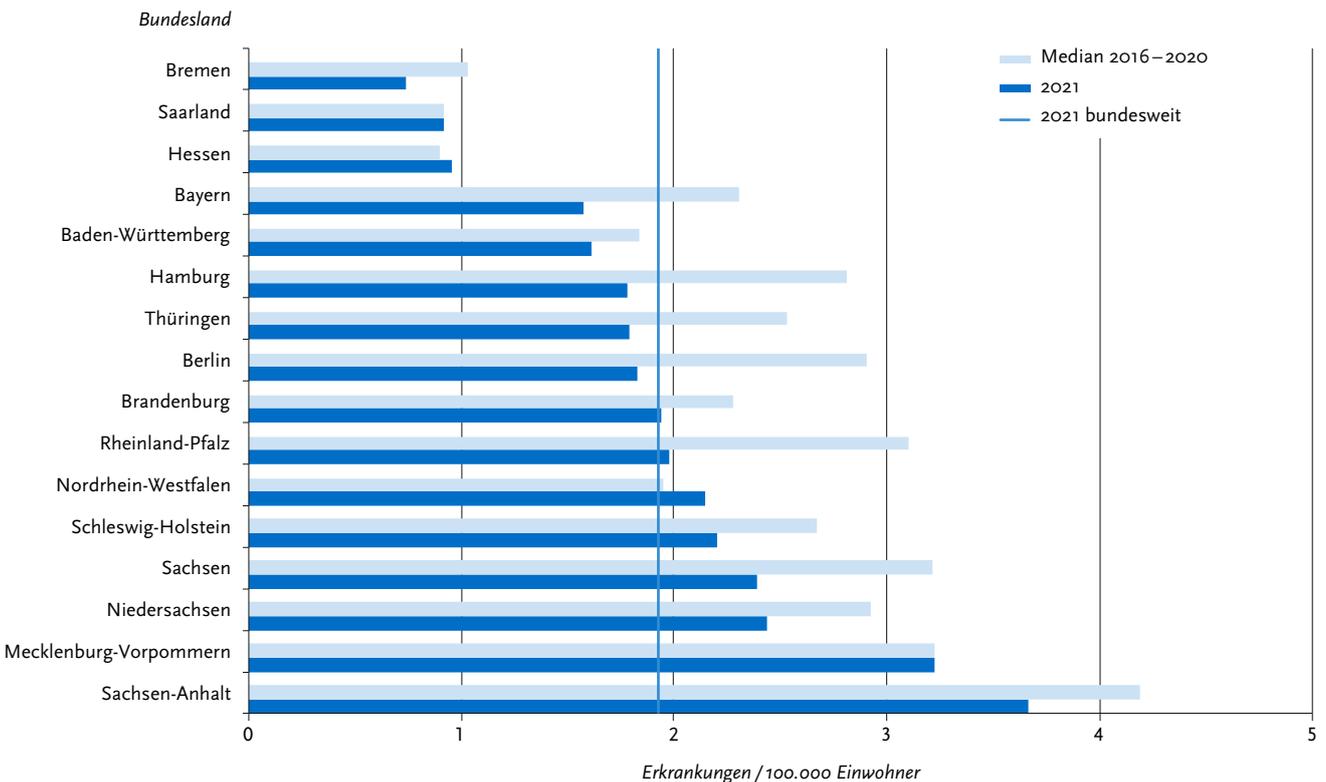
Nachgewiesene Erreger

Für 237 EHEC-Erkrankungen (15%; 2020: 15%) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.16.2). Die häufigste Angabe war mit 19 % (2020: 21%), dass das O-Antigen nicht typisierbar war (»Ont«). Meistgenannte Serogruppen waren wie im Vorjahr O26, O103, O157 und O91. Die Serogruppe O157 (24 Fälle) wurde ähnlich häufig angegeben wie 2020 (21 Fälle); ihr Anteil lag bei 10 %. Im Vergleich zum Vorjahr

Tab. 6.16.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2021 (n=237)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Ont (nicht typisierbar)	45	19 %
O26	31	13 %
O103	29	12 %
O157	24	10 %
O91	23	10 %
O145	13	5 %
O146	9	4 %
O128	7	3 %
O125	6	3 %
O111	5	2 %
Andere	45	19 %
Summe	237	100 %

Abb. 6.16.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.601)



sind Fälle mit den Serogruppen O103 (von 20 auf 29), O91 (von 12 auf 23) und O145 (von 6 auf 13) am deutlichsten angestiegen. Bei der Serogruppe O91 (10%) hat sich der rückläufige Trend der Vorjahre (von 14% im Jahr 2018 auf 6% im Jahr 2020) nicht fortgesetzt.

Klinische Aspekte

Für alle 1.601 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 2.917 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (89% der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (58%), Fieber (18%) und Erbrechen (18%). Im Jahr 2021 wurden 2 (2020: 2) Todesfälle aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Es handelte sich um 2 Personen im Alter von 2 bzw. 79 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 22 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 54 Erkrankungen übermittelt (2020: 16 Ausbrüche mit 70 Erkrankungen). Die Ausbrüche betrafen maximal 4 Personen und ereigneten sich überwiegend in privaten Haushalten. Ein Ausbruch mit 4 Fällen betraf 3 Kinder und eine Mitarbeiterin einer Kita; bei einer erkrankten Person wurde EHEC der Serogruppe O146 nachgewiesen. EHEC-Ausbrüche, in denen auch HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.27 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.

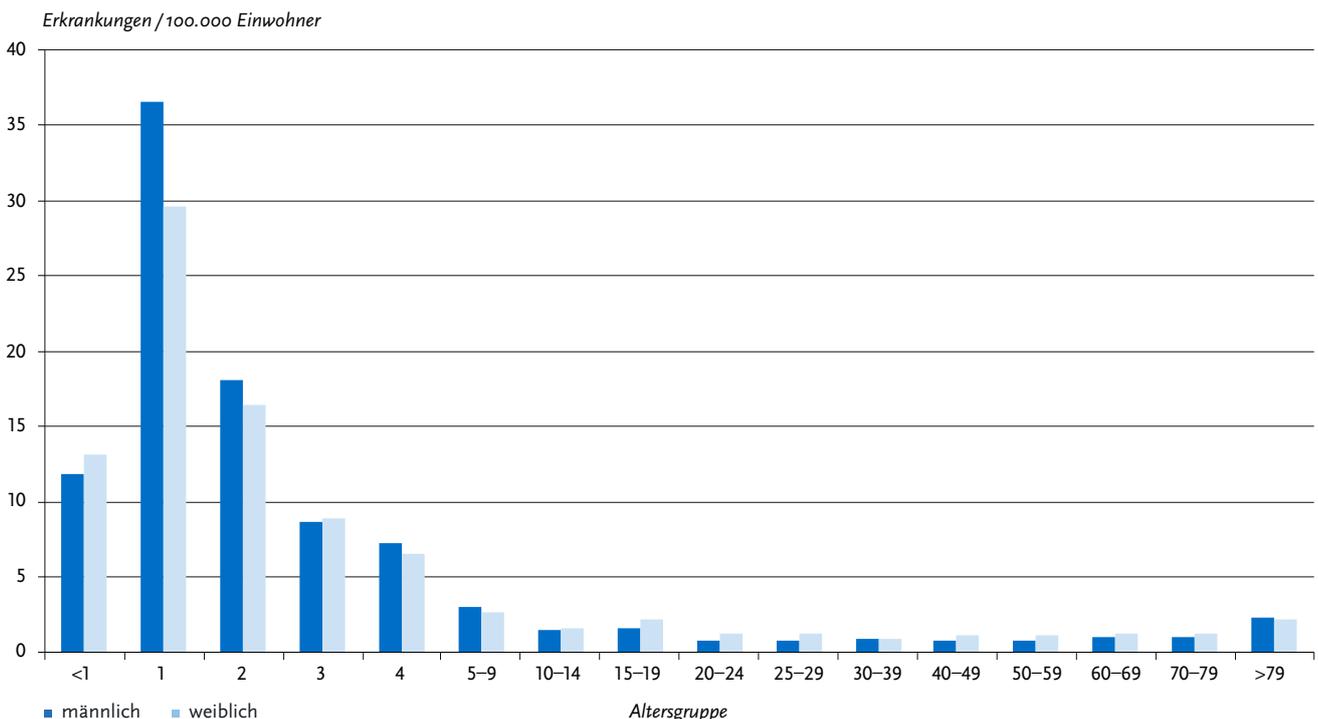
Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da wie im Vorjahr nur für 15% der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft. Bei 335 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Nach einem stetigen Anstieg der Fallzahlen von 2012 bis 2018 war es 2019 zu einem Rückgang um 16% im Vergleich zum Jahr 2018 gekommen. Im Jahr 2020 wurden 27% weniger Fälle als 2019 übermittelt, wobei sich der Anteil der im Ausland erworbenen Erkrankungen deutlich verringert hatte. Zwar ist 2021 die Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr angestiegen, liegt aber weiterhin deutlich unter der Fallzahl des Jahres 2019. Die niedrigeren Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 stehen sehr wahrscheinlich mit der COVID-19-Pandemie im Zusammenhang.

Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe übermittelt wurden, lag 2021 mit 15% ähnlich niedrig wie in den Vorjahren und deutlich unter dem Wert von 30% im Jahr 2012 und dem Anteil in den Jahren davor. Ohne Kenntnis der Serogruppe ist die Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei scheinbar sporadischen EHEC-Erkrankungen nahezu unmöglich. Die häufigere Bestimmung und Übermittlung der Serogruppe ist dringend wünschenswert, um so die Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei scheinbar sporadischen EHEC-Erkrankungen zu verbessern.

Abb. 6.16.3: Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.597)



Literaturhinweise

- 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>
- Pedersen RM, Nielsen MTK, Möller S, et al.: *Shiga toxin-producing Escherichia coli: incidence and clinical features in a setting with complete screening of patients with suspected infective diarrhoea*. Clin Microbiol Infect 2017. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2017.10.002>
- Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiedertzulassung 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 2021: 4.040 (sowie 57 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 wieder zu, aber erreichten nicht das Niveau von vor der COVID-19-Pandemie

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 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 (65% und 50%), 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 Nichtempfindlichkeit, sondern der Begriff verminderte Empfindlichkeit 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 57 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacterales wurden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n=3.959) und bei Nutzung veralteter Software in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« (WBK) (n=81) übermittelt. Beide werden in der ersten Zeile der Tab. 6.17.1 als eine Übermittlungskategorie zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 4.097 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 2021

Meldekategorie	Anzahl
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	4.040
Salmonellose	31
EHEC-Erkrankung	11
Yersiniose	8
Typhus abdominalis	4
Shigellose	3
Gesamt	4.097

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 »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.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden 4.040 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 4,9 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (4,3) gestiegen.

Tab. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	636	18 %	613	15 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.689	47 %	2.017	50 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.240	35 %	1.410	35 %
alle	3.565	100 %	4.040	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	3.565	100 %	4.040	100 %

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.17.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin (9,0 Fälle/100.000 Einw.), Hessen (8,2), Nordrhein-Westfalen (6,5), Sachsen (5,5), Bremen (5,3) und Sachsen-Anhalt (5,1) verzeichnet, die geringste Inzidenz in Thüringen (1,4).

Demografische Verteilung

Der Großteil der übermittelten Fälle (82%) 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 (10,3 Fälle/100.000 Einw.) besonders stark betroffen (s. Abb. 6.17.2). Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (13,9) bzw. der über 79-Jährigen beobachtet (13,6). Jungen und Männer (6,3 Fälle/100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (3,4), besonders in den hohen Altersgruppen.

Klinische Aspekte

Für 2.147 der 4.040 Fälle (53%) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 674 Fälle (31%) wurden als Infektion und 1.473 Fälle (69%) als Kolonisation übermittelt.

Für 4.038 Fälle (99,95%) lagen Angaben zum Entnahmepunkt der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (2.053-mal, 49% der 4.162 Nennungen), im Urin (889-mal, 21%) und in Wundabstrichen (457-mal, 11%) (Mehrfachangaben möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 3.605 Fälle (89%) vorhanden. Demnach waren 3.304 Fälle (92%) hospitalisiert. Unter 3.918 Fällen (97%) mit entsprechender Angabe wurden 227 Todesfälle verzeichnet (6%). Von 206 Todesfällen, für die Angaben zur Todesursache vorlagen, wurden 34 Fälle (17%) als »an der gemeldeten Krankheit verstorben« übermittelt, darunter 20 Fälle mit *Klebsiella* spp., 6 Fälle mit *Escherichia* spp., 3 Fälle mit *Serratia* spp., 3 Fälle mit *Enterobacter* spp. und je ein Fall mit *Citrobacter* spp. und *Cronobacter* spp..

Abb. 6.17.1:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=4.040)

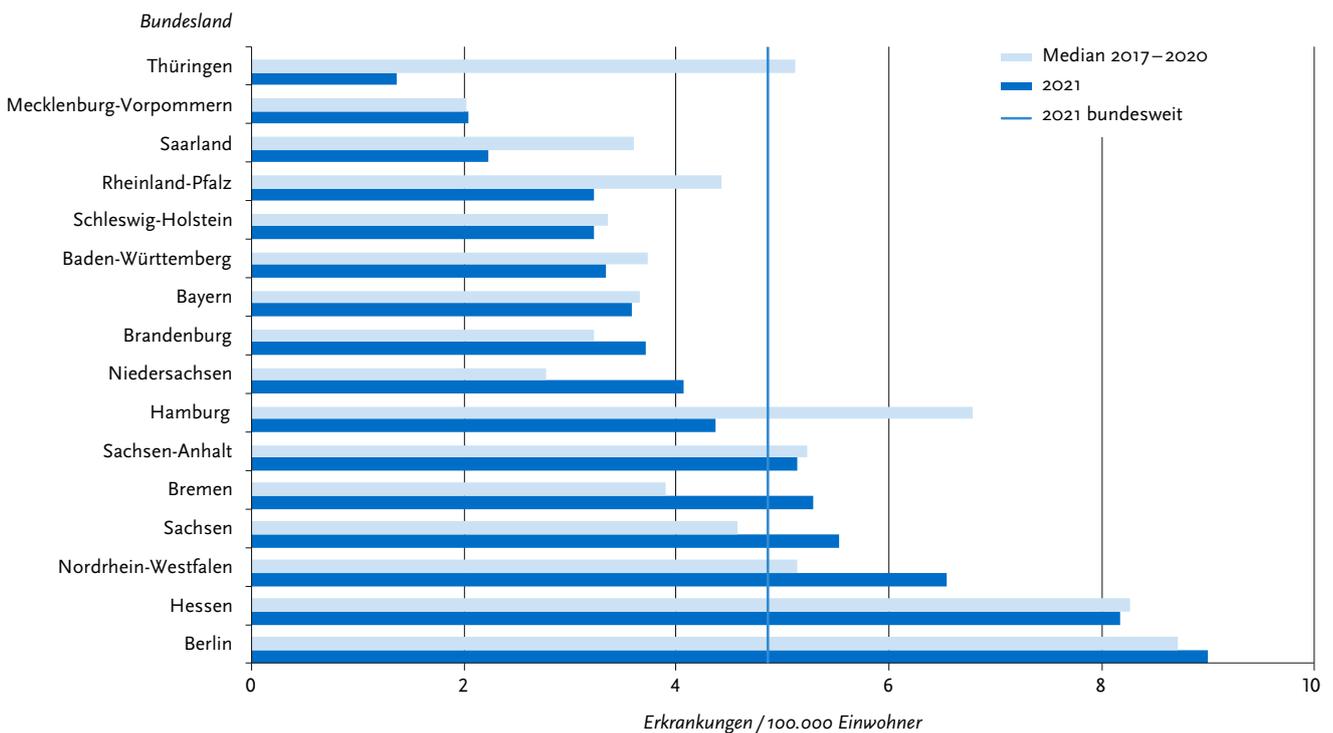
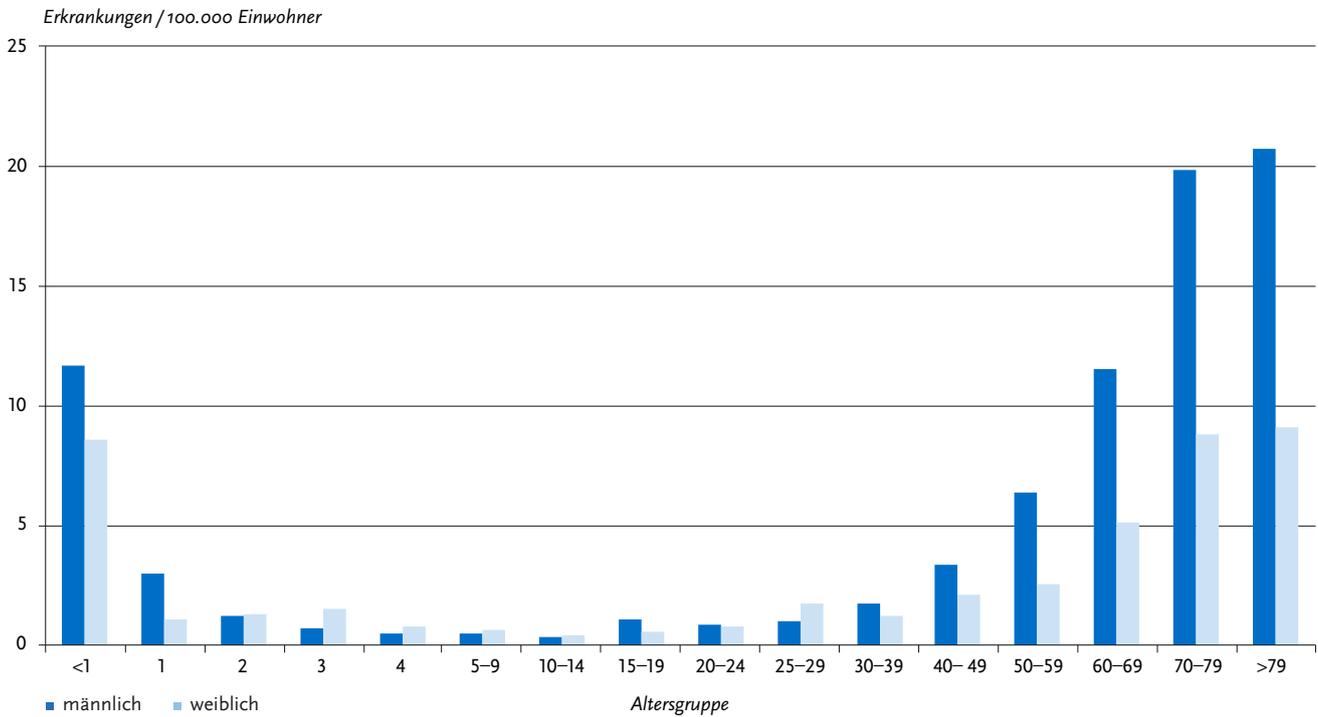


Abb. 6.17.2:
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=4.032)



Nachgewiesene Erreger

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (1.382 Fälle, 34% aller Fälle). Es folgten *Enterobacter* spp., darunter am häufigsten *E. cloacae* (534 Fälle, 13%), und *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (602 Fälle, 15%) (siehe Tab. 6.17.3).

Tab. 6.17.3:
Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland 2021 (n=4.039)

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 %

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 3.959 Fälle war die Angabe zu Resistenzene gegen einzelne Carbapeneme aufgrund der verwendeten Softwareversion möglich. Für die 81 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, lagen diese Angaben nicht vor. Bei 3.451 von 3.959 Fällen (87%), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, lagen weitergehende Informationen zur verminderten Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 1.783 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 1.736 Fälle (97%) vermindert empfindlich gegen Ertapenem, 1.150 Fälle (64%) gegen Imipenem und 1.107 Fälle (62%) gegen Meropenem. 988 Fälle (55%) waren vermindert empfindlich gegen alle 3 Carbapeneme.

Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)

Für 2.327 von 3.959 Fällen (59%) lagen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 1.988 Fällen (85%) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 1.521 Fällen (77% der getesteten Fälle) nachgewiesen, am häufigsten Carbapenemasen vom Typ OXA-48-like (inklusive OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 692 Fälle, 45%).

Bei *Klebsiella* spp. (1001 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 694 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (329 Fälle, 47%), NDM-1 (26 Fälle, 4%), KPC-2 (11 Fälle, 2%), KPC-3 (10 Fälle, 1%) und VIM-1 (9 Fälle, 1%) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (363 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 322 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (199 Fälle, 62%), darunter OXA-244 (26 Fälle, 8%), NDM-1 (7 Fälle, 2%), NDM-5 (3 Fälle, 1%) und VIM-1 (2 Fälle, 1%) übermittelt. Bei *Entero-*

bacter spp. (284 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 215 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (53 Fälle, 25 %), VIM-1 (29 Fälle, 13 %), IMI-1 (3 Fälle, 1 %) und KPC-2 (3 Fälle, 1 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 16 Ausbrüche mit insgesamt 63 Fällen übermittelt. Bei 5 Ausbrüchen wurden 5 Fälle oder mehr übermittelt (insgesamt 35 Fälle (56 %)). Insgesamt wurden 13 der 16 Ausbrüche durch *Klebsiella pneumoniae* verursacht (insgesamt 57 Fälle), ein Ausbruch durch *Klebsiella aerogenes* (2 Fälle), ein Ausbruch durch *Cronobacter* spp. (2 Fälle) und ein Ausbruch durch *Escherichia coli* (2 Fälle).

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag bei 53 %. Ergebnisse zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein bestimmter Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 59 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie leicht die verminderte Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen übertragen werden kann, da die Carbapenemase-Gene oft auf Plasmiden sitzen und so zwischen verschiedenen Enterobacteriales ausgetauscht werden können. Zudem ist die Angabe des Resistenzgens wichtig zur 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 Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein. Im Vergleich zu 2020 stiegen die Fallzahlen 2021 wieder, erreichten aber noch nicht das Niveau von vor Beginn der COVID-19-Pandemie. Die Fallzahlen von *E. coli* nahmen hingegen weiter ab. Die hohe Auslastung der Krankenhäuser, v. a. der Intensivstationen, kann ein Grund für die gestiegene Anzahl der Ausbrüche sein.

Literaturhinweise

- von Laer A, Eckmanns T, Zacher B, et al.: *Geographical differences of carbapenem non-susceptible Enterobacteriales 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>
- 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>
- 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>

- Noll I, Eckmanns T, Abu Sin M: *Antibiotikaresistenzen: Ein heterogenes Bild*. Dtsch Arztebl 2020; 117:A-28/B-26/C-26
- WHO (2021): *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2021*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240027336>
- Lübbert C, Lippmann N, Busch T, et al.: *Long-term carriage of Klebsiella pneumoniae carbapenemase-2-producing K pneumoniae after a large single-center outbreak in Germany*. Am J Infect Contr 2014; 42:376–380.
- WHO (2017): *Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities*. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/259462?locale-attribute=de&>
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger, Zeitraum 1. Januar 2020 bis 31. Dezember 2020*. Epid Bull 2021; 36:4–11. <https://doi.org/10.25646/8900>
- Reuss A, Klingeberg 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. <https://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>
- RKI: *EUCAST-Neudefinition der Kategorie »I« – zum Umgang hinsichtlich der Meldepflicht*. Epid Bull 2019; 9:84. <https://doi.org/10.25646/5917>

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

2021 wurden dem RKI ein Fall von Fleckfieber übermittelt, der die Referenzdefinition erfüllt. Ein 49-jähriger Mann erkrankte im Laufe einer Südafrika-Reise im Januar.

In den Jahren 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)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 417
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr Rückgang der Erkrankungen um 41%
- ▶ Inzidenz am höchsten bei 50- bis 79-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- ▶ Inzidenz wie in den Vorjahren in Bayern und Baden-Württemberg am höchsten
- ▶ 50 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 84 % hospitalisiert
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten mit bekanntem Impfstatus (99 %) nicht oder unzureichend geimpft

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 2021 erfüllten 417 der 449 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 295 Erkrankungen (41%) abgesunken (s. Tab. 6.19.1). Entsprechend der Zeckenaktivität wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 355 der 417 Erkrankungen (85%) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.19.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der übermittelten FSME-Erkrankungen lag in den meisten Bundesländern mit Risikogebieten unter dem jeweiligen Median der Vorjahre 2016 bis 2020. In wenigen Bundesländern lag die Inzidenz über dem Median der Vorjahre, insbesondere in Sachsen. Mit 1,4 bzw. 1,3 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 135 der 169 im Jahr 2021 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Thüringen, Hessen, Sachsen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt. 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 Meldezahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Erkrankungszahlen 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 355 von 373 Erkrankungen (95%), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war (Mehrfachnennung möglich), wurde ausschließlich Deutschland genannt. Daneben wurden noch Österreich (9 Nennungen), Schweden (3) und jeweils einmal Ägypten, Estland, Frankreich, Italien, Kroatien und die Schweiz als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Für 44 Erkrankungen (11%) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 0,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner höher als bei Mädchen und Frauen (0,4). Die höchsten Inzidenzen wurden mit etwa 0,9 bei Männern in der Altersgruppe 50 bis 79 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.19.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre am höchsten (0,7).

Tab. 6.19.1: Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	712	94 %	417	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	18	2 %	13	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	3 %	19	4 %
alle	756	100 %	449	100 %
Referenzdefinition (C)	712	94 %	417	93 %

Abb. 6.19.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021 (n=2.993)

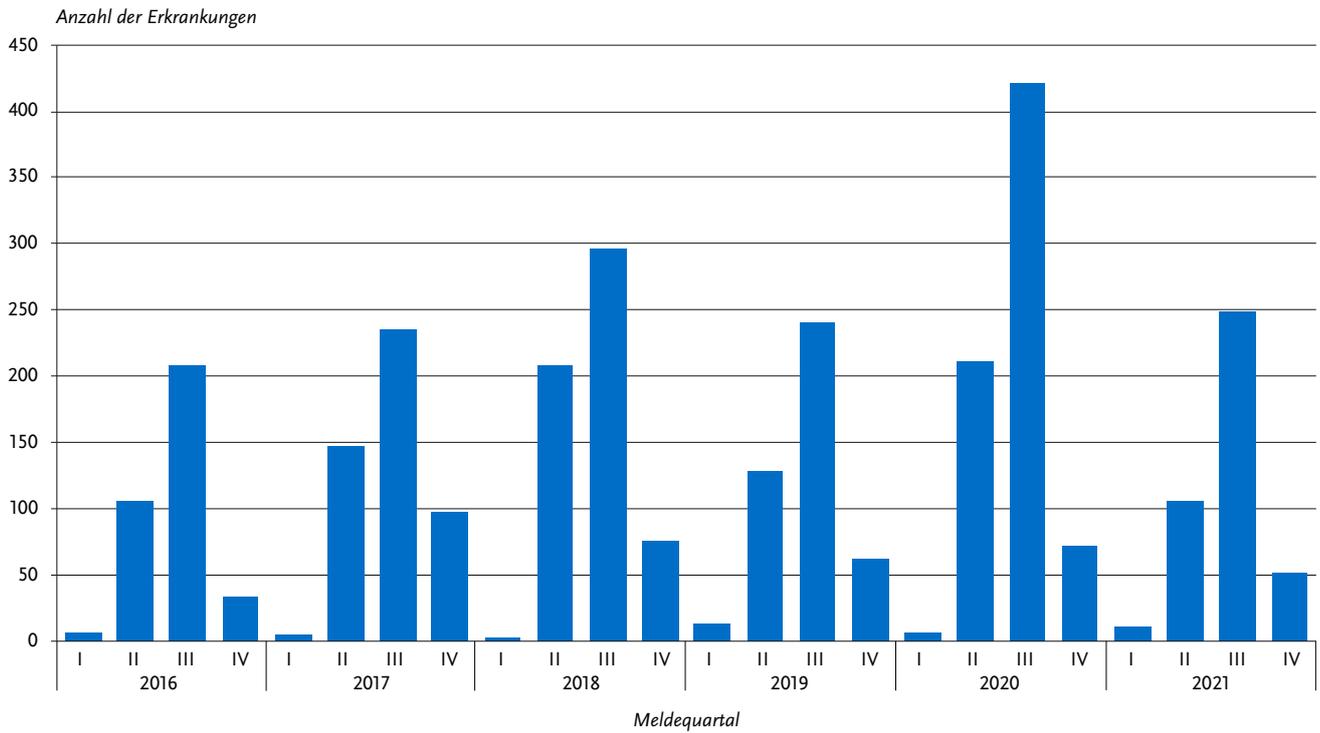


Abb. 6.19.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=417) im Vergleich mit den Vorjahren

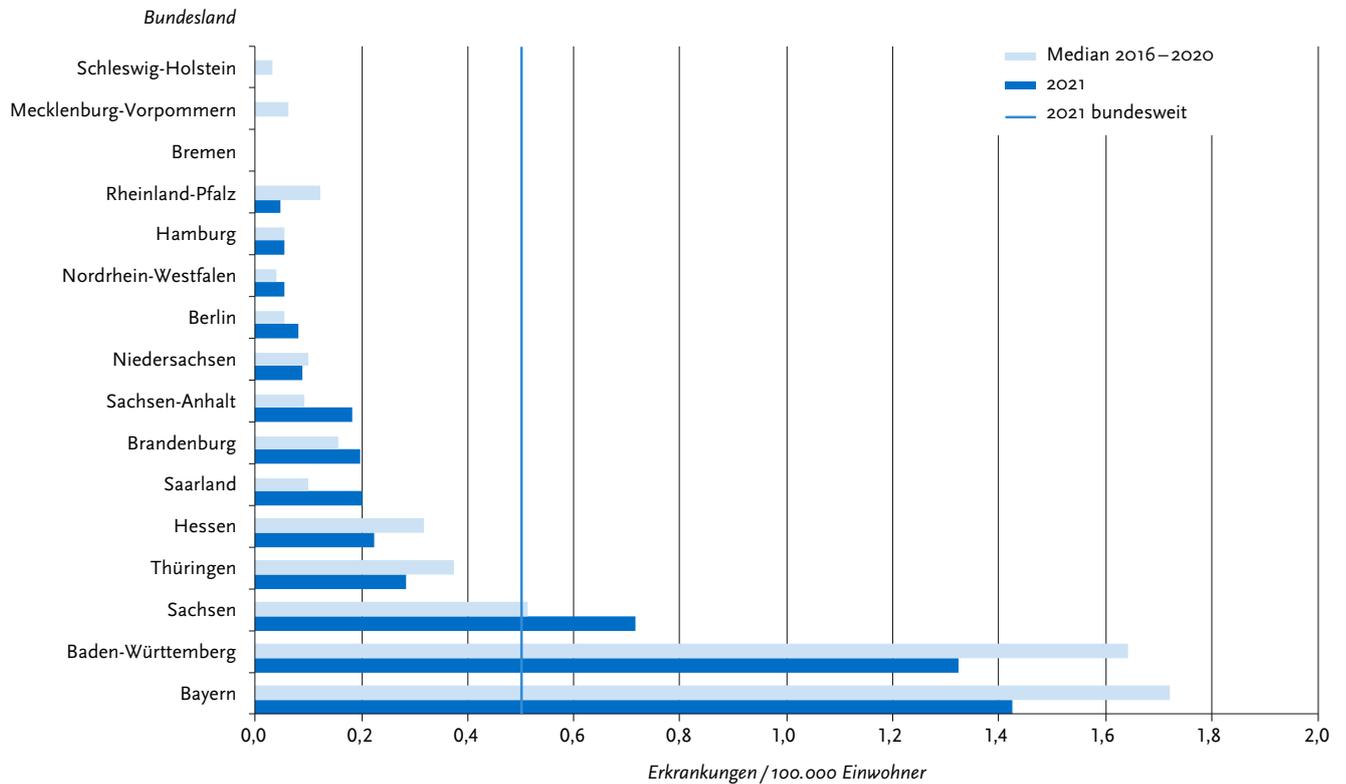
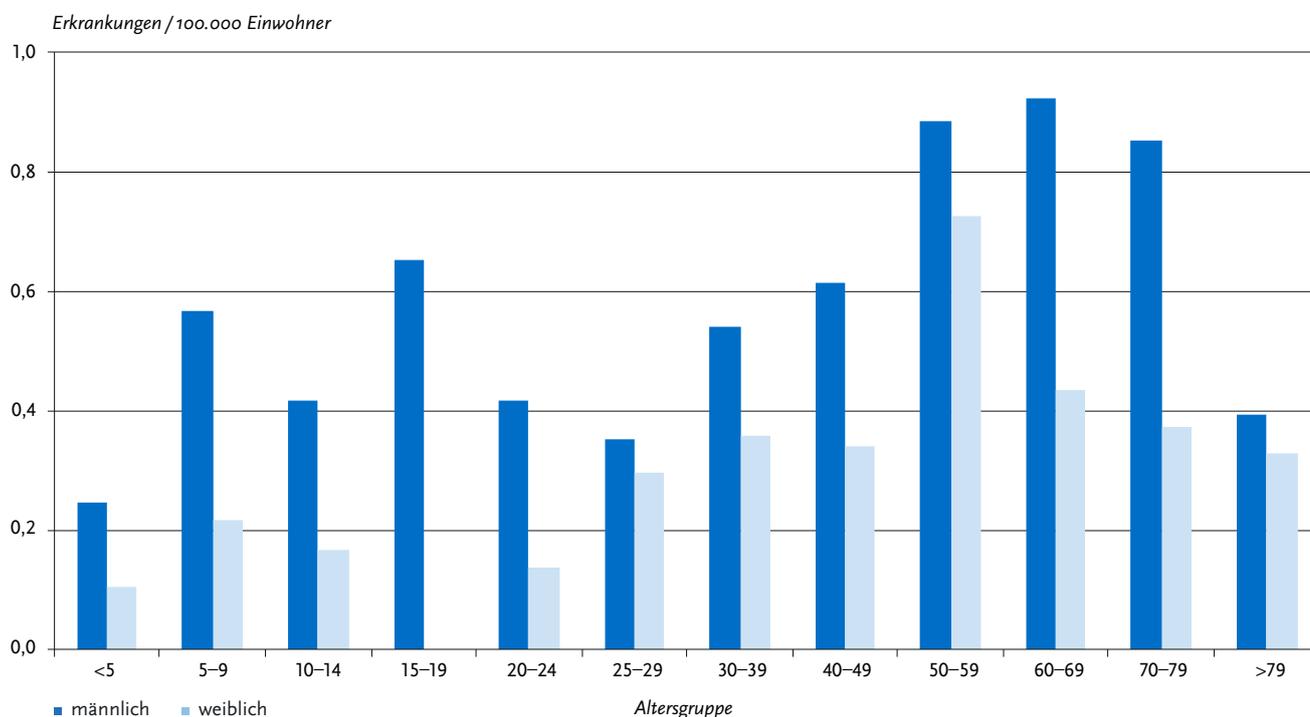


Abb. 6.19.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=416)



Klinische Aspekte

Bei allen 417 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 15 der 33 (45%; Vorjahr: 46%) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 12 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 3 mit zusätzlicher Enzephalitis. Bei 3 Kindern wurde eine isolierte Enzephalitis berichtet.

Von den 384 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 192 (50%; Vorjahr: 50%) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 117 Erkrankte (30%) eine isolierte Meningitis. Bei 4 Erkrankten trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 66 Erkrankten (17%) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 35 zusätzlich eine Meningitis und 4 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 5 Personen wurde eine isolierte Myelitis berichtet.

Somit wurde bei insgesamt 81 Erkrankten (19%) die besonders schweren Formen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

Von den 417 übermittelten Erkrankungen wurde bei 352 (84%) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS wurde häufiger eine Hospitalisierung angegeben (188/207; 91%) als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeine Krankheitssymptome angegeben wurden (164/210; 78%). Es wurden 3 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt, bei 2 Personen älter als 80 Jahre und bei einer Person mit Vorerkrankungen in der Altersgruppe 20 bis 25 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 Diagnose der Erkrankung 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 FSME-Diagnosen bei Personen mit vorausgegangenem Impfungen durch weitere Untersuchungen in einem spezialisierten Labor häufig nicht bestätigen lassen. Bei Auftreten einer Infektion trotz Impfung zeigt der Verlauf der FSME-spezifischen Antikörper ein charakteristisches Muster, das durch geeignete Diagnosemethoden untersucht werden kann. Bei Verdacht auf Infektion trotz Impfung kann außerdem ein NSI-Antikörpertest klären, ob eine Erkrankung oder eine falsch positive Diagnostik vorliegt. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels einer dieser Methoden durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

Von den 417 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 394 (94%) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 33 (8%) als geimpft und 361 (92%) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn

erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 33 geimpften Erkrankten lagen bei 20 (61%) 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 381 (91%) Erkrankten bewertet werden konnte (361 Ungeimpfte und 20 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 20 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 15 (75%) als unzureichend geimpft eingestuft (7 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 4 Erkrankte mit 2 Impfdosen und jeweils 2 Erkrankungen mit 5 bzw. 6 Impfdosen). Dieser Anteil lag damit in der Größenordnung der Vorjahre (2020: 78%, 2019: 69%). 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 5 (25%) 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 und eine mit 4 Impfdosen (< 50 Jahre), deren letzte ≤ 5 Jahre vor der Erkrankung verabreicht wurde. Von den 5 mit Impfdurchbrüchen eingestuften Erkrankten wies eine ZNS-Symptome in der Form einer Meningitis und Enzephalitis auf.

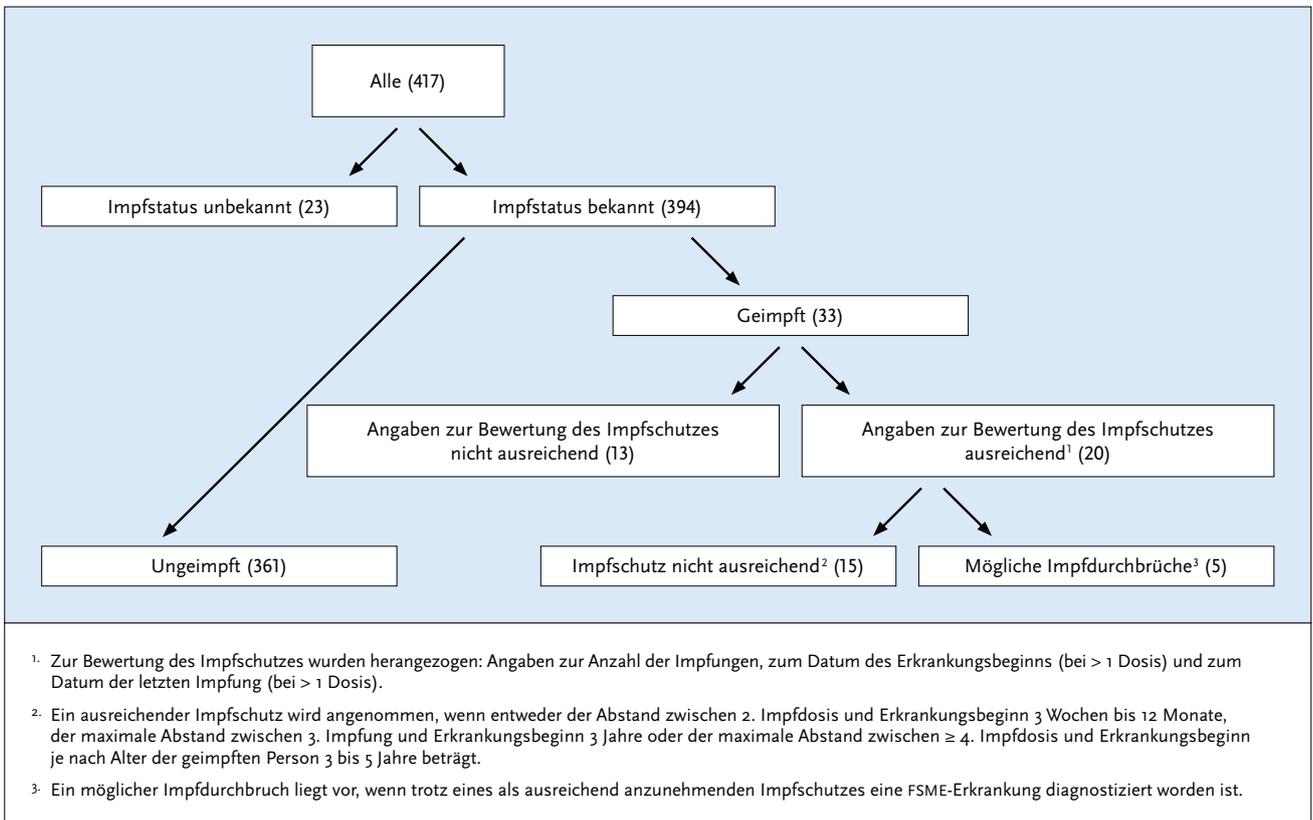
Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 39% 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 52 (12%) der 417 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 2021 wurden deutlich weniger FSME-Erkrankungen übermittelt als im vorangegangenen Rekordjahr 2020. Eine Befragung von 581 FSME-Erkrankten aus den Jahren 2018–2020 hat ergeben, dass die ungewöhnlich hohe Fallzahl im Jahr 2020 mit verändertem Freizeitverhalten zusammenhängen könnte, verursacht durch die COVID-19-Pandemie. Insbesondere Spaziergänge in Wald und Wiesen wurden 2020 deutlich häufiger angegeben als in den Vorjahren. Die Anzahl der FSME-Erkrankungen lag jedoch auch im Jahr 2021 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

Abb. 6.19.4: Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2021 (n=417)



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.

Hervorzuheben bleibt, dass die Mehrzahl (99 %) 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.

Literaturhinweise

- 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>
- GirI P, Bestehorn-Willmann M, Zange S, Borde JP, Dobler G, von Buttlar 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>
- Riccardi N, Antonello RM, Luzzati R, Zajkowska J, Di Bella S, Giacobbe DR: Tick-borne encephalitis in Europe: a brief update on epidemiology, diagnosis, prevention, and treatment. *Eur J Intern Med* 2019. <https://doi.org/10.1016/j.ejim.2019.01.004>
- RKI: FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2022). *Epid Bull* 2022; 9:3–21. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/F/FSME/Karte_Tab.html
- RKI: Fünfjahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2021. *Epid Bull* 2022; 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.
- 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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

6.20 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 1.304
- ▶ Seit 2011 tendenziell abnehmender Trend der Fallzahlen; 2021: 22 % weniger Fälle als im Vorjahr
- ▶ 24 % der Infektionen im Ausland erworben (Vorjahr: 33 %)
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kindern zwischen 1 und 9 Jahren sowie bei 25- bis 59-Jährigen; überwiegend männliche Personen betroffen
- ▶ 5 Ausbrüche mit 12 Erkrankungen, davon kein 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 2021 wurden 1.304 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 365 (21,9 %) weniger als im Vorjahr. Die Gesamtinzidenz sank auf 1,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 2,0).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 0,7 Erkr./100.000 Einw. in Bremen und Niedersachsen und 4,7 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.20.1). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 1,6 lagen außer Berlin auch Sachsen (3,3), Mecklenburg-Vorpommern (2,5), Hamburg (2,3) und Sachsen-Anhalt (2,1). Bei 764 Erkrankungen (59 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 779 Nennungen wurde für 76 % der übermittelten Fälle Deutschland als wahr-

Tab. 6.20.1: Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.665	69 %	1.302	70 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	158	7 %	156	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	581	24 %	394	21 %
alle	2.408	100 %	1.854	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.669	69 %	1.304	70 %

scheinliches Infektionsland angegeben. Der Anteil an im Ausland erworbenen Infektionen ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 33 % auf 24 % gesunken. Die zweithäufigsten wahrscheinlichen Infektionsländer waren Costa Rica und Spanien (jeweils 11 Nennungen, 1 %) (s. Tab. 6.20.2). Der Anteil importierter Infektionen und die Liste der wahrscheinlichen Infektionsländer wurde vermutlich auch im Jahr 2021 maßgeblich durch geltende Reisebeschränkungen während der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Tab. 6.20.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, 764 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	595	76 %
Costa Rica	11	1 %
Spanien	11	1 %
Griechenland	10	1 %
Mexiko	10	1 %
Dominikanische Republik	8	1 %
Türkei	8	1 %
Rumänien	7	1 %
Afghanistan	7	1 %
Indien	5	1 %
Andere	102	14 %
Summe	779	100 %

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweigipflig (s. Abb. 6.20.2) mit einem Inzidenzspitzen bei Kindern zwischen 1 und 9 Jahren (1,9 Erkr./100.000 Einw.) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren (1,9). Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (2,0 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (1,1); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von 0 Jahren sowie in fast allen Altersgruppen ab 25 Jahren.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 5 Ausbrüche übermittelt (2020: 13). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 12 (2020: 33). In jedem der Ausbrüche wurden weniger 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 weiter an Bedeutung gewinnen wird. Im Jahr 2021 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 59 % ausschließlich Antigentest; 20 % ausschließlich Mikroskopie; 14 % ausschließlich PCR sowie 6 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.304) im Vergleich mit den Vorjahren

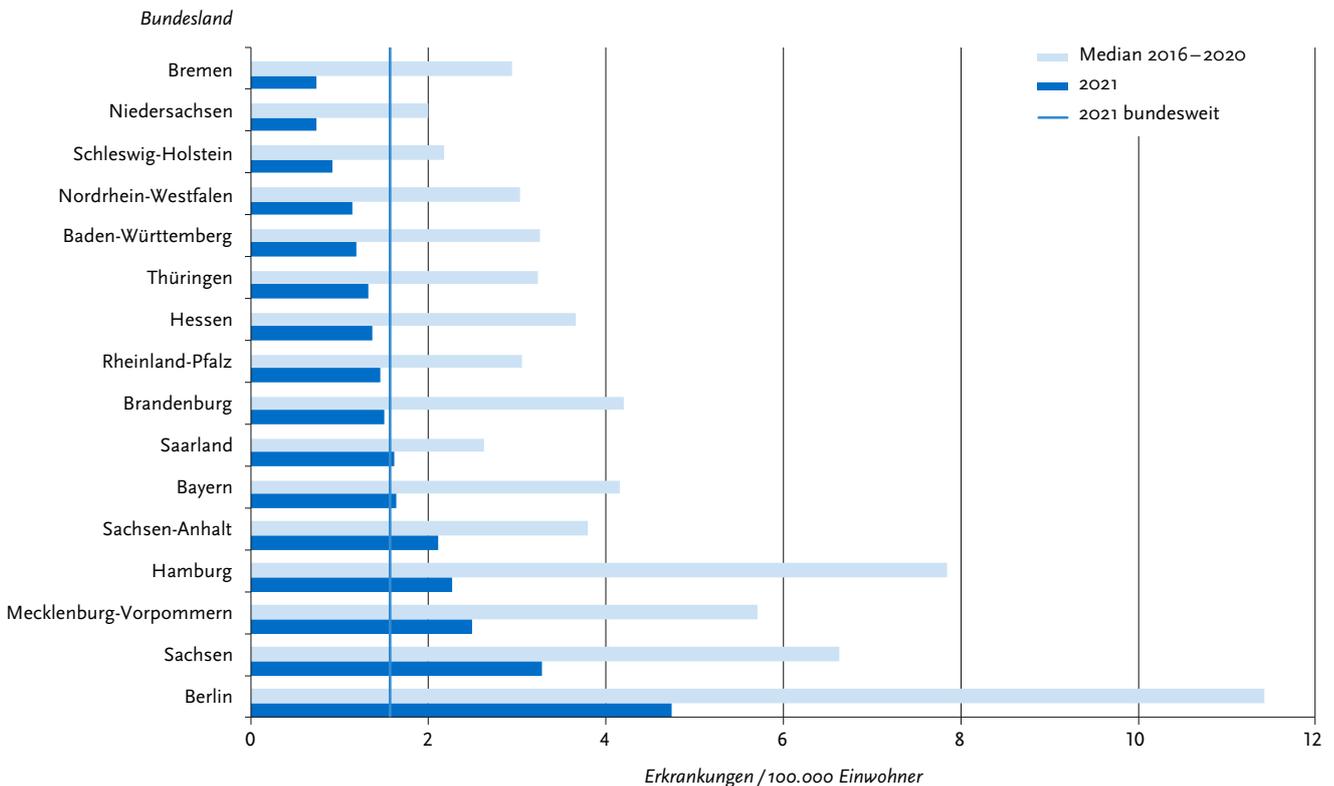
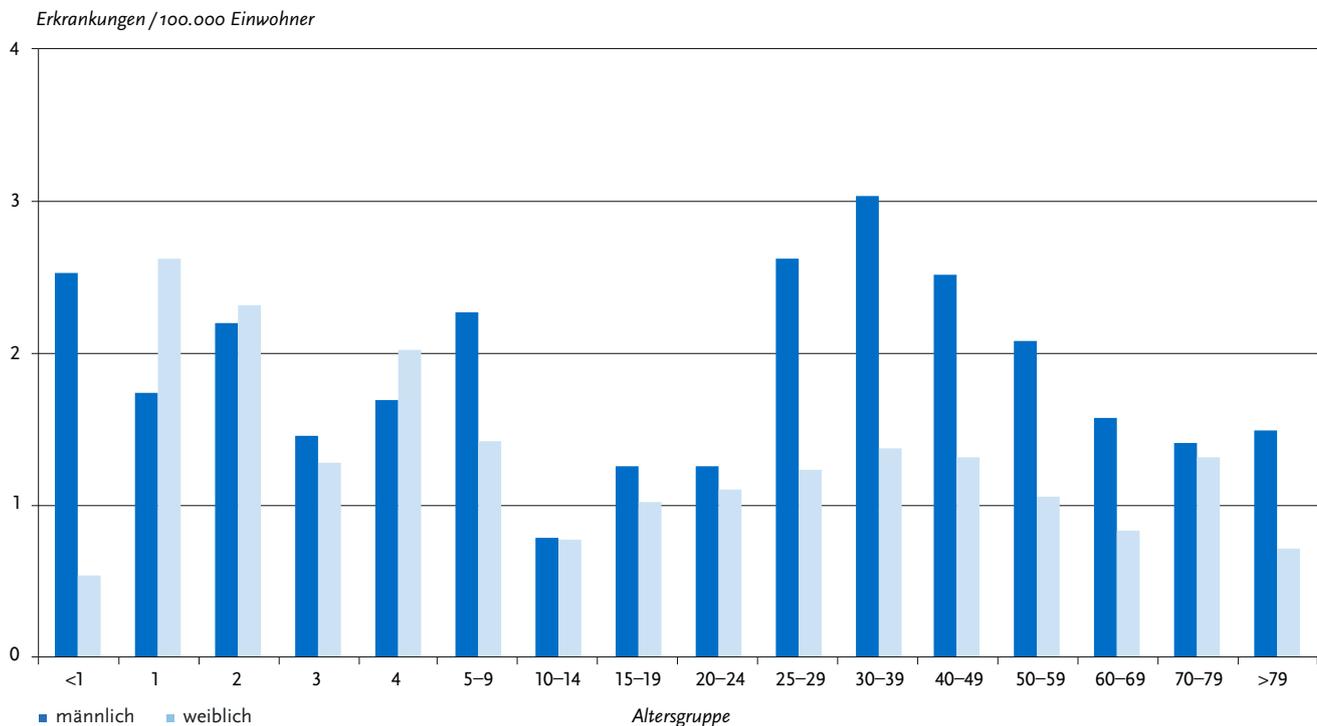


Abb. 6.20.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.304)



Fazit

Im Jahr 2021 hat sich die Anzahl der übermittelten Giardiasis-Fälle weiter deutlich verringert. Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen außerhalb Deutschlands. Der Rückgang der Fallzahlen kann im Zusammenhang mit der verringerten Reiseaktivität 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. Der Einfluss von während der Pandemie implementierte Maßnahmen, wie Abstands- und Hygieneregeln, Kontaktbeschränkungen einschließlich Schließungen von Schulen, Kitas und Schwimmbädern könnten die Mensch-zu-Mensch-Übertragung beeinflusst und somit zur Reduktion der Fallzahlen beigetragen haben.

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 2021: 366
- ▶ Deutlicher Rückgang der Fallzahlen in den letzten beiden Jahren, davor seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen über 69 Jahren und Kindern unter 1 Jahr
- ▶ Häufige Symptome sind Fieber (64%), Lungenentzündung (47%) und Sepsis (27%)
- ▶ 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 kapselte (Kapseltypen a bis f) oder unkapselte 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 kapselte (»typisierbare«) von unkapselten (»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 Falldefinitionskategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren laboridiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitionskategorien D und E). Für das Jahr 2021 wurden 366 Fälle erfasst

und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefinitionskategorie C (80%) übermittelt, wobei dieser Anteil im Vergleich zum Vorjahr anstieg (2020: 75%) (s. Tab. 6.21.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurde mit 366 übermittelten invasiven *Haemophilus influenzae*-Fällen im Vergleich zum Vorjahr ein weiterer deutlicher Rückgang der Fallzahlen beobachtet. Diese Beobachtung konnte während der COVID-19-Pandemie bei vielen meldepflichtigen Krankheiten gemacht werden. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um 30% gesunken, der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen setzte sich damit ein zweites Jahr in Folge nicht weiter fort (s. Abb. 6.21.1). Im IV. Quartal 2021 war zum ersten Mal seit Beginn der COVID-19-Pandemie ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen zu beobachten, der jedoch noch nicht mit den Fallzahlen aus dem entsprechenden Zeitraum der vorangegangenen Jahre vergleichbar war. Eine Saisonalität war damit im Jahr 2021 nicht zu beobachten.

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,05 und 0,8 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 0,4 (Median der 5 Vorjahre: 1,0). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Die Inzidenz lag in allen Bundesländern niedriger als der Median der Vorjahre. Dieser Rückgang war in Brandenburg und Thüringen am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.21.2). Für 184 Fälle (50%) 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 13% (n=48) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, etwa zwei Drittel (64%; n=234) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu: sie stieg von 0,7 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 1,0 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 1,6 bei den über 79-Jährigen. Trotz des deutlichen Rückgangs der Fälle im Vergleich zum Vorjahr erhöhte sich 2021 damit die Inzidenz bei den ab 70-Jährigen von 0,3 Fällen/100.000 Einw. im Jahr 2007 auf 1,2 Fällen/100.000 Einw.; dies entspricht einer Erhöhung um

Tab. 6.21.1: Übermittelte invasive *Haemophilus influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0%
klinisch-laboridiagnostisch (C)	391	75%	291	80%
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	46	9%	30	8%
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	86	16%	45	12%
alle	523	100%	366	100%
Referenzdefinition (B+C+D+E)	523	100%	366	100%

Abb. 6.21.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021

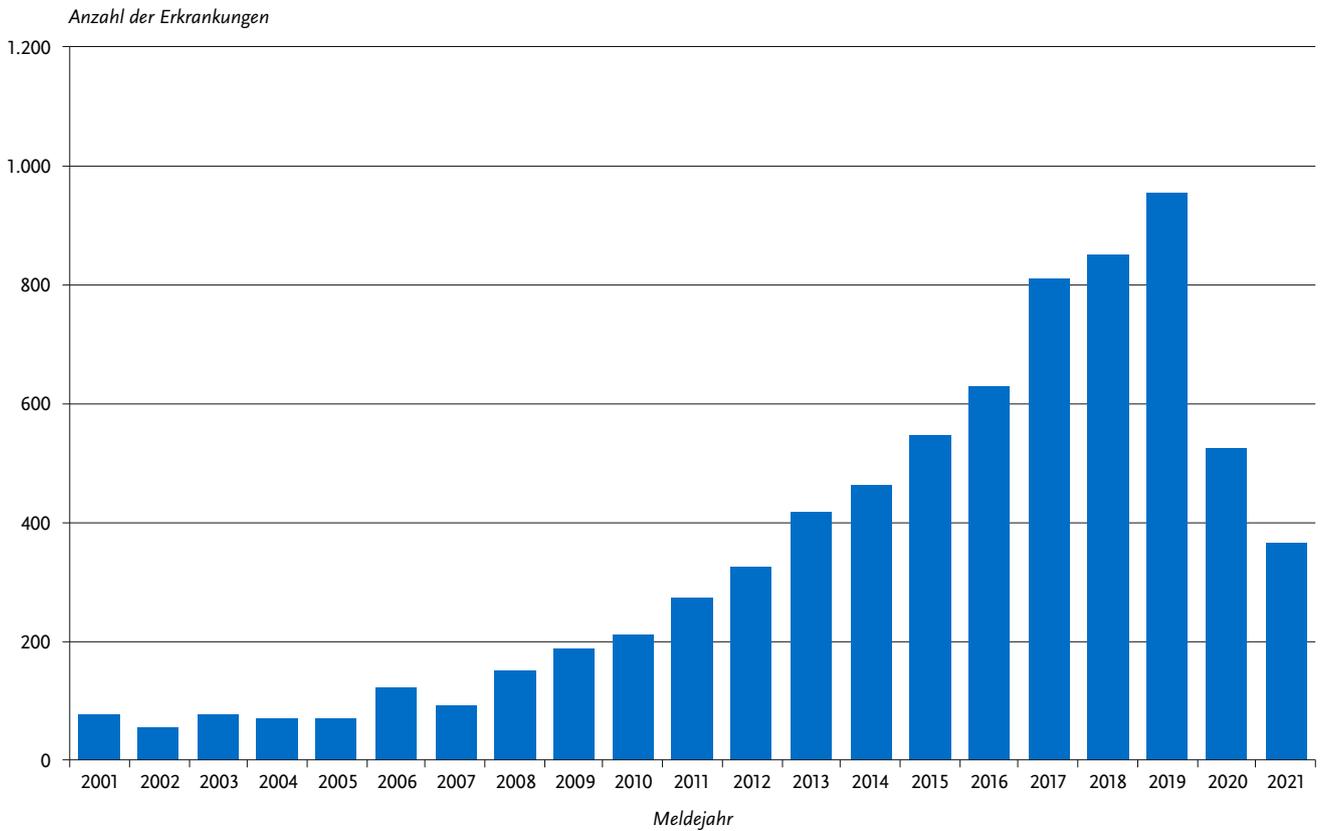
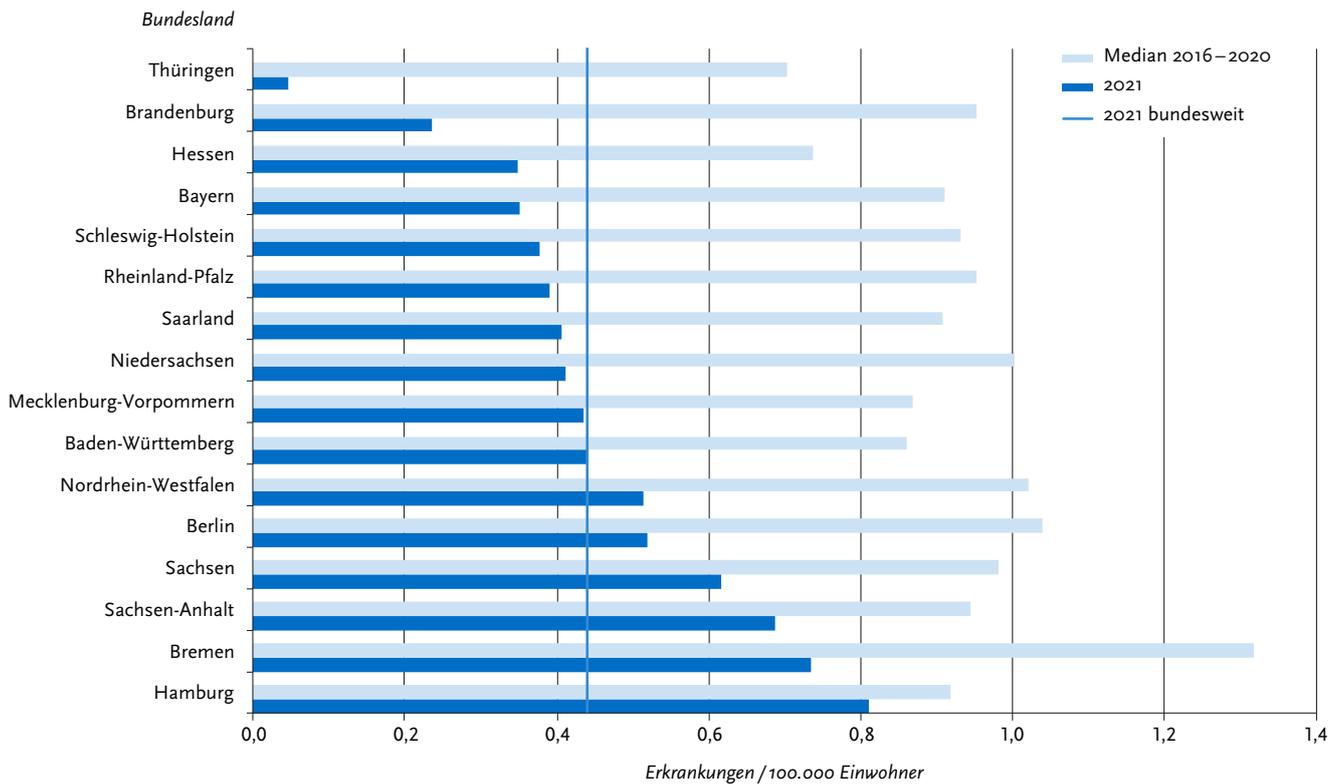


Abb. 6.21.2:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=366) im Vergleich mit den Vorjahren



das 4-Fache. Dagegen stieg die Inzidenz bei unter 5-Jährigen im Verhältnis nur moderat um den Faktor 2,4 (2007: 0,5; 2020: 1,2).

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern (0,5 Fälle/100.000 Einw.) insgesamt und in den meisten Altersgruppen höher als bei Mädchen und Frauen (0,4 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.21.3).

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung stieg im Vergleich zum Vorjahr an. Für das Jahr 2021 lag bei 77% (n=280) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor (2020: n=347; 66%). Darunter war mit 10 Fällen (3,6%) ein deutlich niedrigerer Anteil als im Vorjahr (2020: n=28; 8,1%), bei denen das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert wurde. Bei 270 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 174-mal (64%; 2020: 73%) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 51 Fällen (19%; 2020: 14%) handelte es sich um den Typ f, jeweils 16-mal wurde der Typ b bzw. Typ e (je 5,9%; 2020: 3,4% bzw. 2,2%), 9-mal (3,3%; 2020: 0,9%) wurde der Typ a angegeben und 4-mal (1,5%; 2020: 5,8%) der Typ non-b.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 289 (79%) Infektionen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren Fieber in 185 Fällen (64%), Lungenentzündung in 135 Fällen (47%) und ein septisches Krankheitsbild in 79 Fällen (27%) (Mehrfachnennungen möglich). Als mögliche meningitische Zeichen traten in 54 Fällen Nackensteifigkeit, Erbrechen, veränderte Bewusstseinslage, aufgetriebene Fontanelle oder andere Hirndruckzeichen auf.

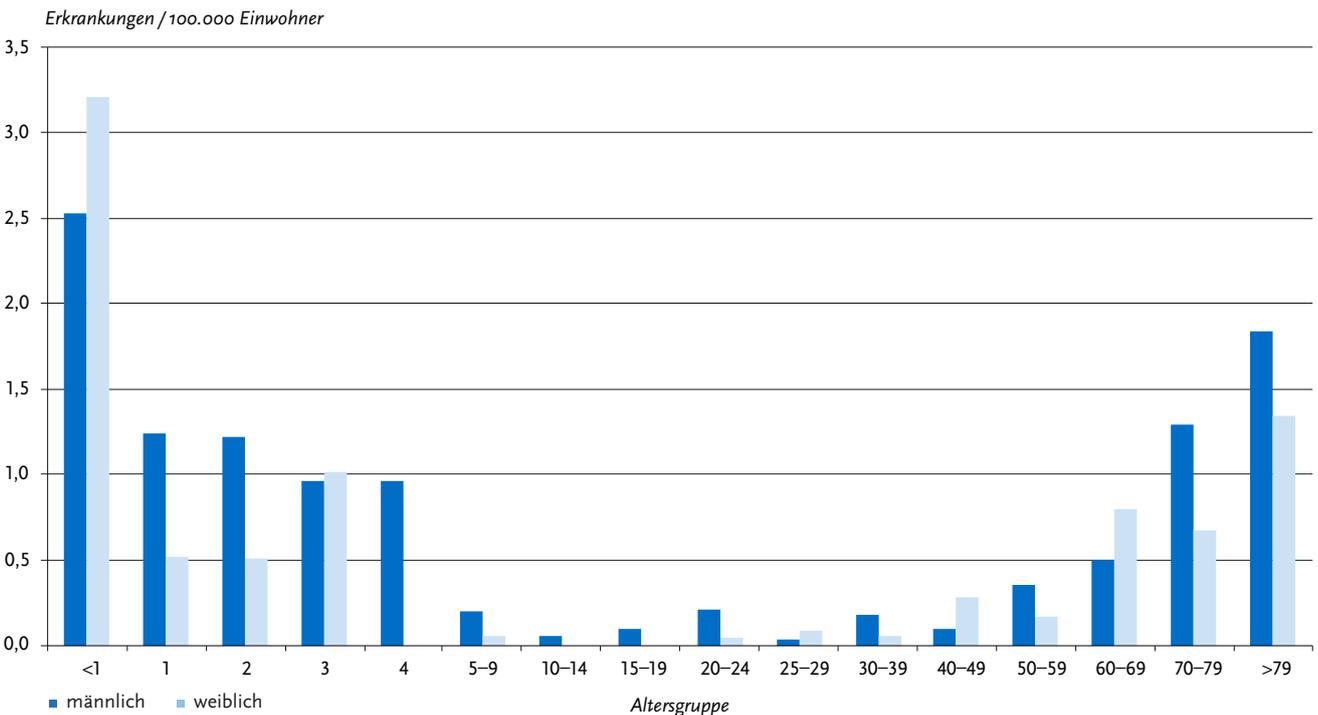
Es wurden 21 Todesfälle (5,7%) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Drei Todesfälle betrafen Kleinkinder: ein ungeimpftes einjähriges Kind mit einem septischen Krankheitsbild, bei dem in der Blutkultur der Typ b nachgewiesen wurde, ein 2-jähriges Kind mit septischem Krankheitsbild, bei dem in der Blutkultur der Typ f nachweisbar war sowie ein weiteres 2-jähriges Kind mit septischem Krankheitsbild und meningealen Zeichen, bei dem in der Blutkultur der Typ a nachgewiesen wurde. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 32 bis 91 Jahre alt; das mediane Alter betrug 76 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 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 des Patienten zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

Abb. 6.21.3: Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=364)



Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die erkrankten Personen im Alter von 0 bis 31 Jahren beschränkt.

Für 11 der 66 Personen in dieser Altersgruppe wurde der impfpräventable Typ b als Erreger angegeben. Drei dieser Fälle waren geimpft, 8 Fälle waren ungeimpft. Von den 3 geimpften Fällen lagen bei einer erwachsenen immunsupprimierten Person keine näheren Angaben zur Impfung vor. Zwei Säuglinge hatten die letzte der 2 verabreichten Impfstoffdosen etwa 3 bzw. etwa 5 Monate vor Erkrankungsbeginn erhalten. Nach dem aktuell für sie empfohlenen 2 + 1-Impfschema waren damit beide Kinder ihrem Alter entsprechend noch nicht vollständig grundimmunisiert. Keiner der 3 geimpften Fälle 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 deutlichen Steigerung im Jahr 2021 ebenfalls weiterhin so 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

Invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen gehören weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl in den Jahren bis 2019 kontinuierlich angestiegen ist. Der Großteil der invasiven Erkrankungen wird durch unkapselfeldige *Haemophilus influenzae* (NTHi) verursacht, gefolgt von *Haemophilus influenzae* Typ f. Da bisher weiterhin noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht wird, 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
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim 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 2021; 49:6 – 29. <https://doi.org/10.25646/9355>
- 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>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.22 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 1.668 (Vorjahr: 235)
- ▶ 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 Gelbhalbmaus. 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 2021 wurden 1.668 Erkrankungen (2,0 pro 100.000 Einwohner) übermittelt, d.h. etwa 7-mal mehr als im Vorjahr. Die Mehrzahl der Fälle (57%) trat im II. Quartal auf. Der fehlende deutliche Rückgang der Fallzahlen im IV. Quartal 2020 deutete bereits auf ein bevorstehendes Ausbruchsjahr 2021 hin (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 2021 wurde unter allen Bundesländern die höchste Inzidenz in Baden-Württemberg

Tab. 6.22.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	5	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	234	84 %	1.663	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	3 %	40	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	34	12 %	216	11 %
alle	278	100 %	1.924	100 %
Referenzdefinition (B+C)	235	85 %	1.668	87 %

(10,1 Erkr./100.000 Einwohner) und Bayern (2,4) beobachtet. In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert von 2,0 Erkr./100.000 Einwohner.

Bei 1.357 Erkrankungen (81%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 1.361 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 1.345 (99%) auf Deutschland. Weitere europäische Länder wurden je ein- bis viermal genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am höchsten (3,3 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung selten (1,2% der Erkrankungen, Inzidenz: 0,17). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (65%); die höchste Inzidenz (4,1) wurde für die 40- bis 59-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.22.2).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.207 Erkrankungen wurde eine zugehörige Virenspezies genannt, bei 1.196 Erkrankungen (99%) wurde das Puumala-Virus, bei 8 Erkrankungen (0,7%) das Dobrava-Virus und bei 3 Erkrankungen (0,2%) das Seoul-Virus angegeben. Für 427 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virusspezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Puumala-Virus-Infektionen wurden überwiegend (97%) aus Baden-Württemberg, Bayern, Hessen und Nordrhein-Westfalen übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 1.212 Erkrankten (73%) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde ein Todesfall (männlich, 68 Jahre) im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

Abb. 6.22.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021

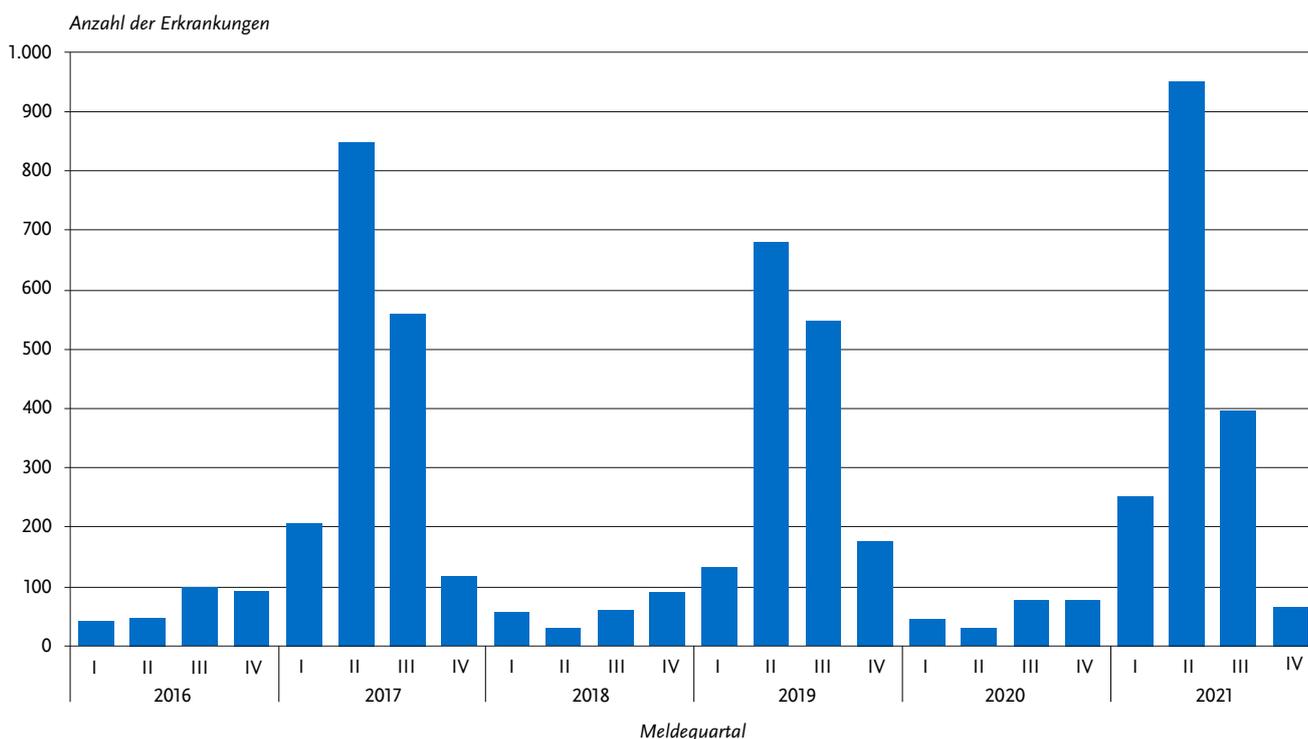
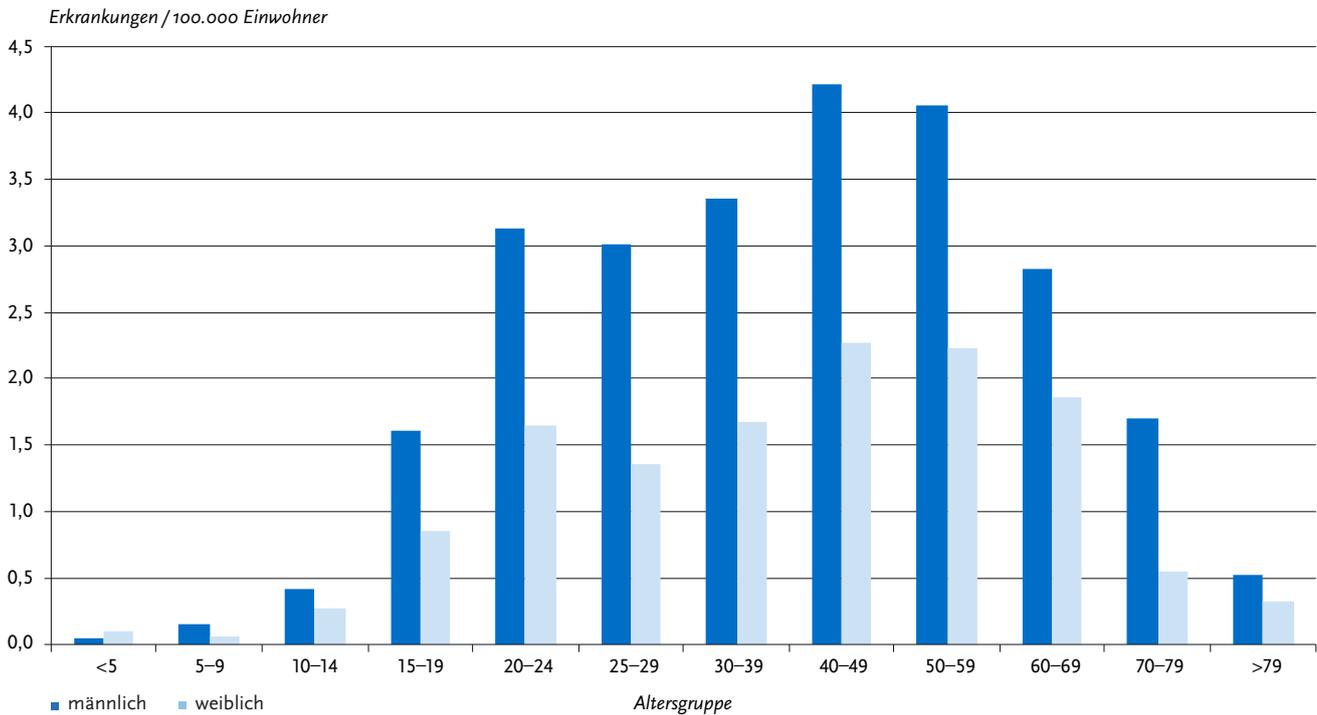


Abb. 6.22.2:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.664)



Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 4 Ausbrüche mit insgesamt 11 Fällen übermittelt. Darunter befand sich ein Cluster von 3 Seoul-Virusinfektionen bei Personen mit Kontakt zu Heimratten.

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 starken Buchenmast im Jahr 2020 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumala-Virus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2021 wieder sehr hoch, erreichte aber nicht das Niveau des bisherigen Rekordjahres 2012 mit insgesamt 2.823 übermittelten Fällen. Die Inzidenz war in den südlichen und westlichen Bundesländern, wo fast ausschließlich das Puumala-Virus auftritt, am höchsten. In Deutschland und anderen Ländern wiederholt aufgetretene Fälle von Seoul-Virusinfektionen bei Rattenhaltern deuten auf ein relevantes Expositionsrisiko bei dieser Personengruppe hin.

Literaturhinweise

- Hofmann J, Loyer M, Faber M, Krüger DH: *Hantavirus-Erkrankungen: Ein Update*. Dtsch Med Wochenschr 2022. <https://doi.org/10.1055/a-16664-7259>
- 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: *Hantaviruserkrankungen 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

6.23 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 591
- ▶ Ähnliche Erkrankungszahlen wie im Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz im Alter über 79 Jahren, unabhängig vom Geschlecht
- ▶ 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 übertragen. 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

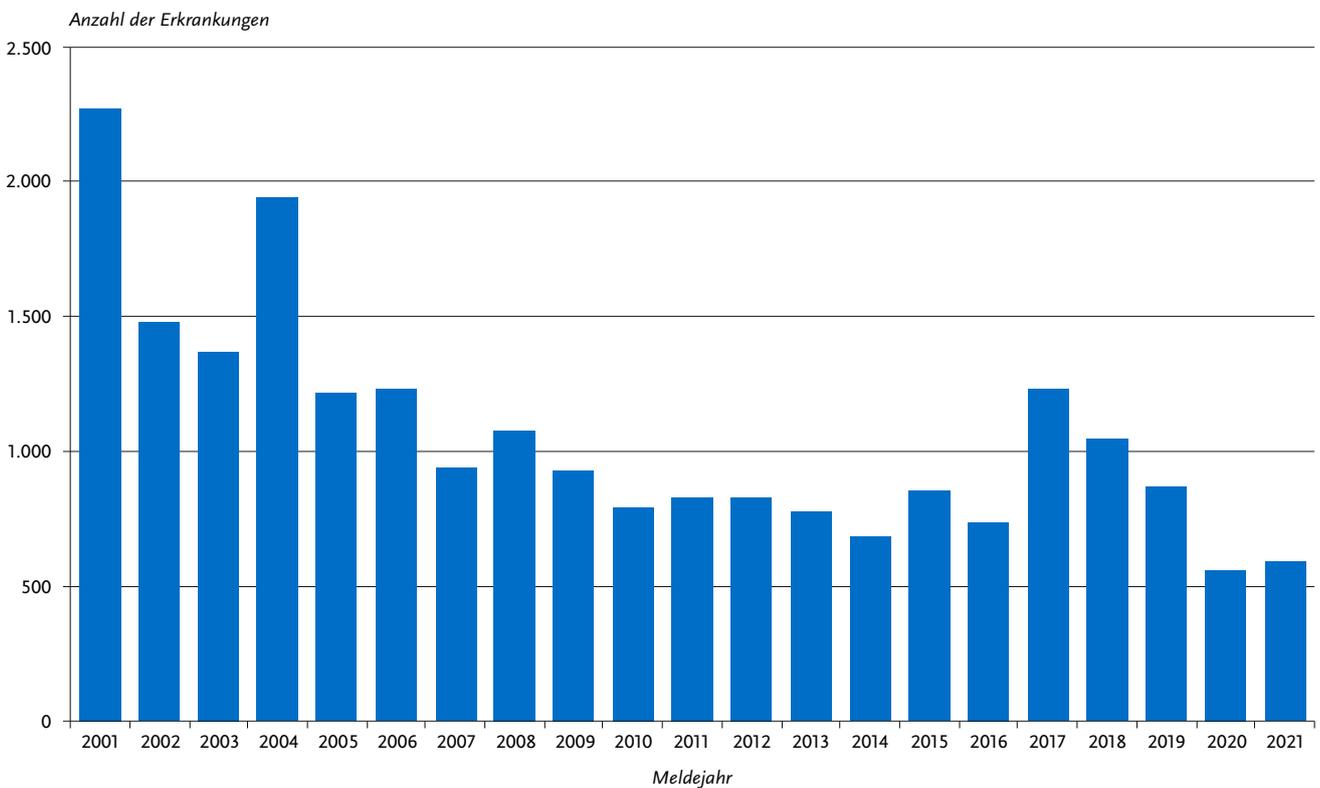
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.23.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden 591 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 30 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.23.1). Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A betrug wie im Vorjahr 0,7 pro 100.000 Einwohner.

Eine Saisonalität war nicht erkennbar (s. Abb. 6.23.2).

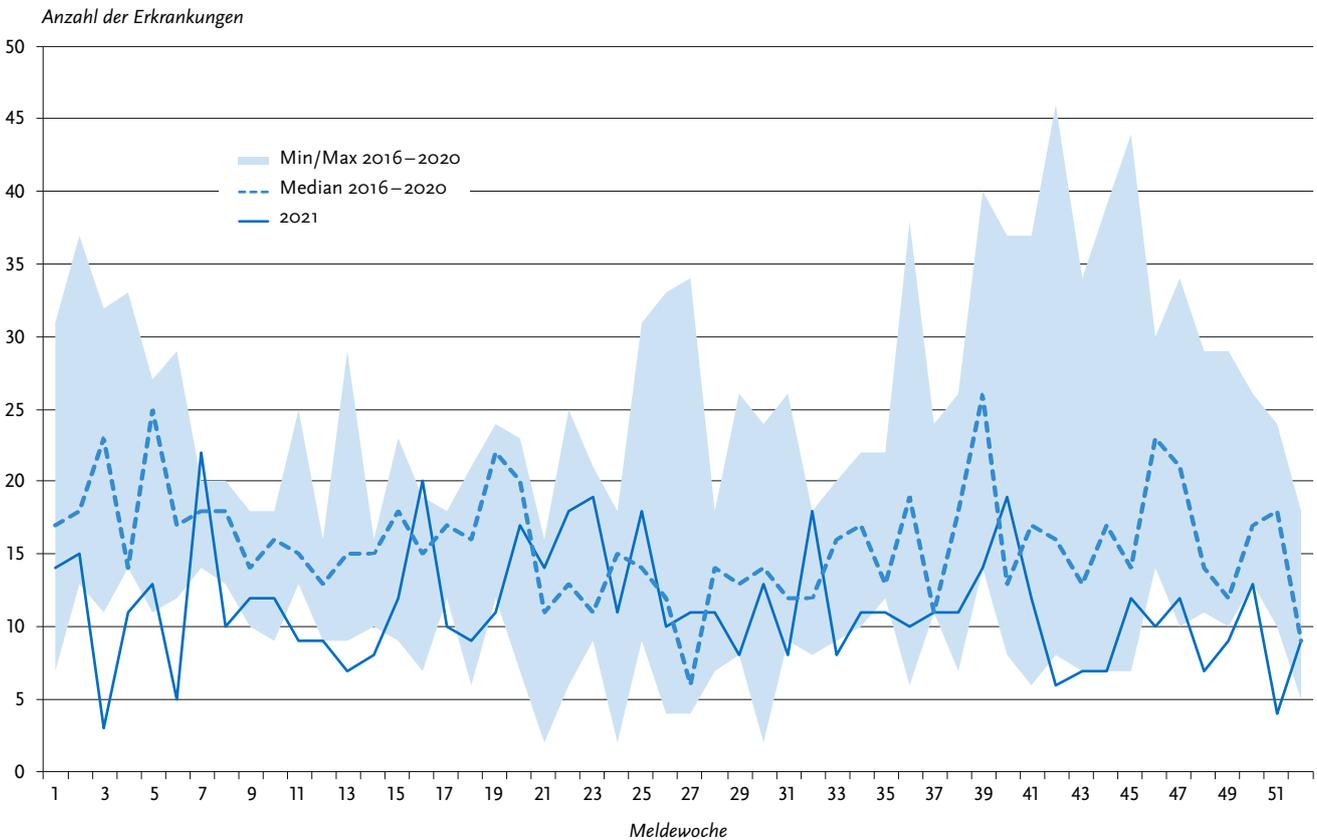
Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Tab. 6.23.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	0 %	9	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	558	55 %	582	51 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	190	19 %	240	21 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	263	26 %	317	28 %
alle	1014	100 %	1148	100 %
Referenzdefinition (B+C)	561	55 %	591	51 %

Abb. 6.23.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2021 (n=591) im Vergleich mit den Vorjahren



Geografische Verteilung

In den Bundesländern Saarland, Hessen, Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz und Bayern lag die Inzidenz über dem bundesweiten Wert. Die höchste Inzidenz wurde im Saarland beobachtet (1,0 Erkr./100.000 Einw.). In allen Bundesländern nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren ab. Besonders deutlich war der Rückgang in Bremen (-87%), Berlin (-75%) und Hamburg (-70%) (s. Abb. 6.23.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden für 381 Erkrankungen (64%) übermittelt. Von den 386 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 313 (81%) auf Deutschland (s. Tab. 6.23.2). Dieser Anteil ist, wahrscheinlich durch eine verminderte Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie, deutlich höher als 2019 (66%). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Afghanistan und Syrien (je 9 Nennungen) und der Libanon (8).

Demografische Verteilung

Frauen (0,8 Erkr./100.000 Einw.) waren 2021 etwas stärker von Hepatitis-A-Erkrankungen betroffen als Männer (0,6).

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei Frauen in der Altersgruppe der über 70-Jährigen und bei Männern in den Altersgruppen der 5- bis 14-Jährigen sowie der über 79-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.

Tab. 6.23.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, 381 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	313	81 %
Afghanistan	9	2 %
Syrien	9	2 %
Libanon	8	2 %
Rumänien	6	2 %
Bulgarien	6	2 %
Kenia	4	1 %
Türkei	4	1 %
Kroatien	2	1 %
Gambia	2	1 %
Nigeria	2	1 %
Pakistan	2	1 %
Andere	19	5 %
Summe	386	100 %

Abb. 6.23.3:
 Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=591)
 im Vergleich mit den Vorjahren

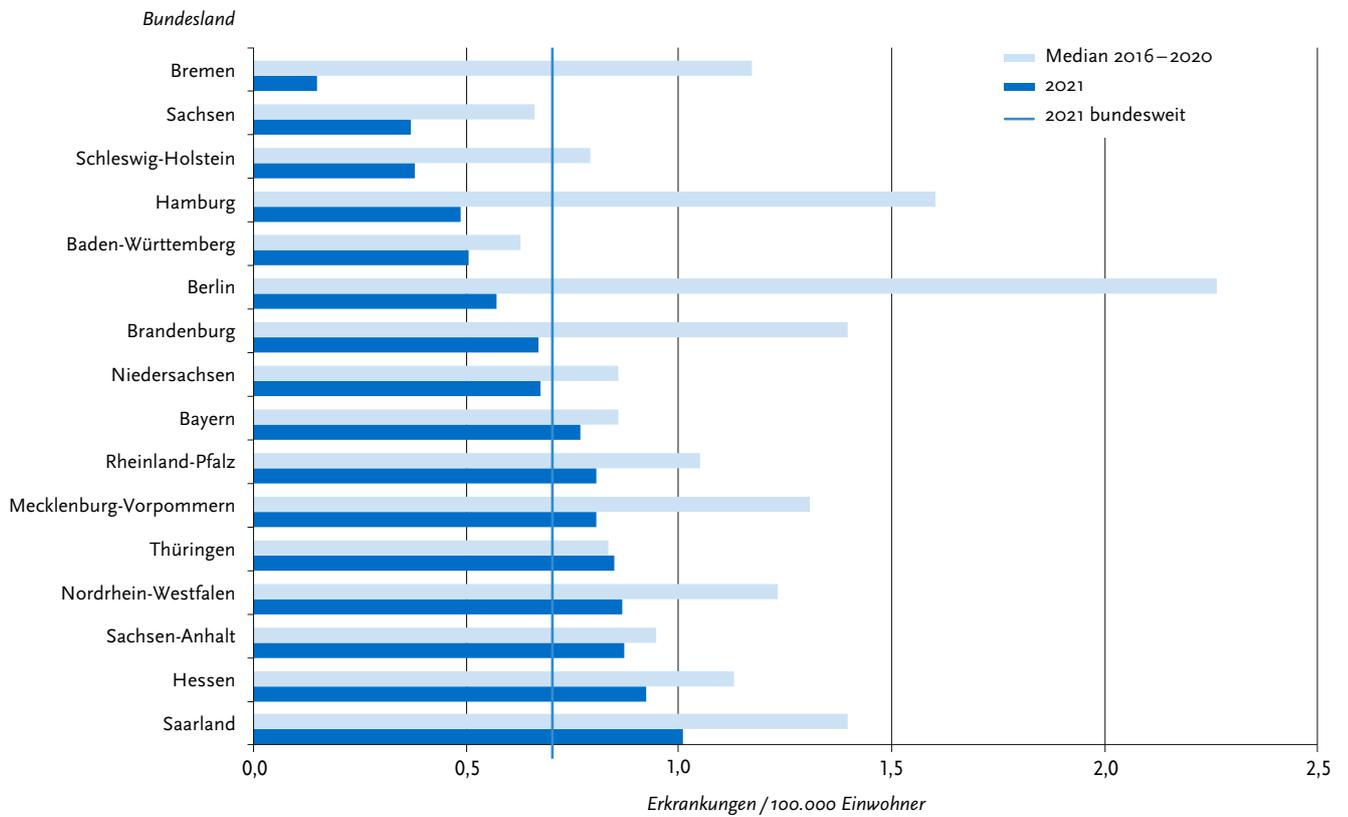
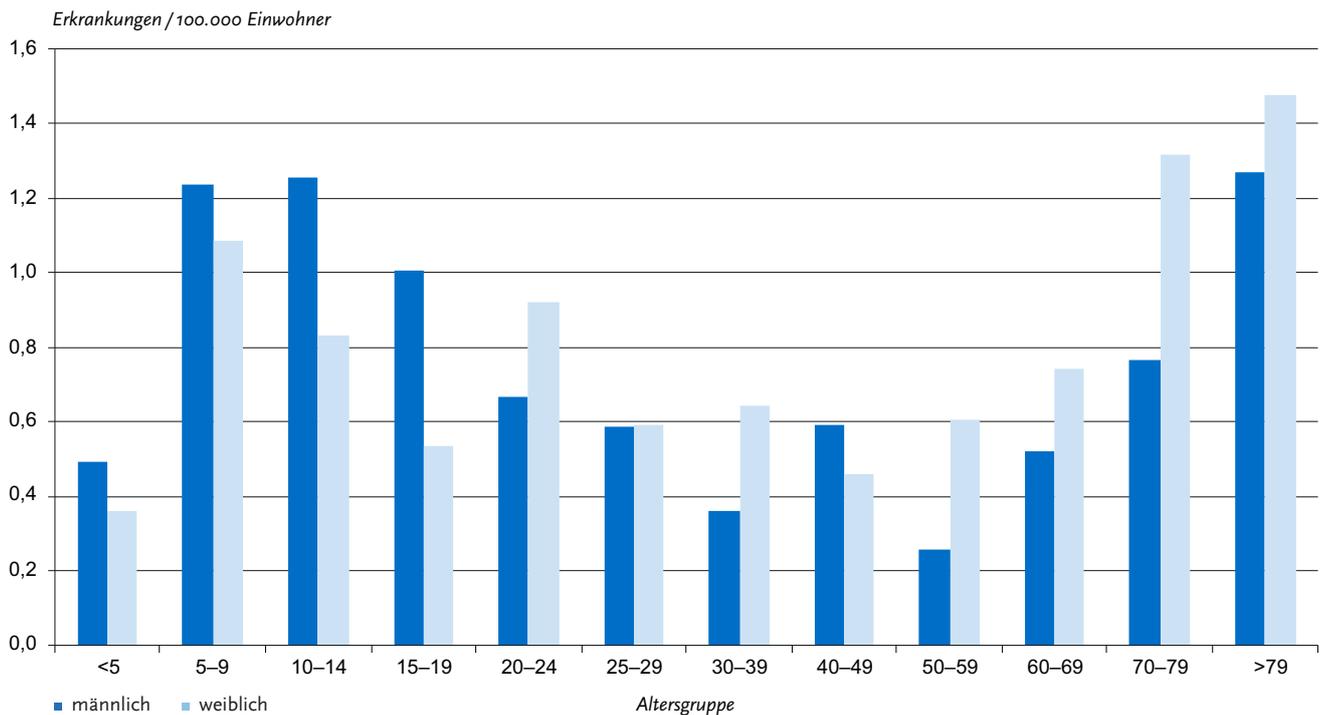


Abb. 6.23.4:
 Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=589)



Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 282 (48%) der Erkrankungen angegeben.

Im Jahr 2021 wurden 4 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 4 Frauen im Alter von 66 bis 83 Jahren mit Infektionen, die in Deutschland erworben wurden.

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 462 (78%) der 591 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.23.5). Von diesen wurden 423 (92%) als ungeimpft übermittelt. Bei 39 (8,4%) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 25 (64%) dieser Erkrankten lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf- und

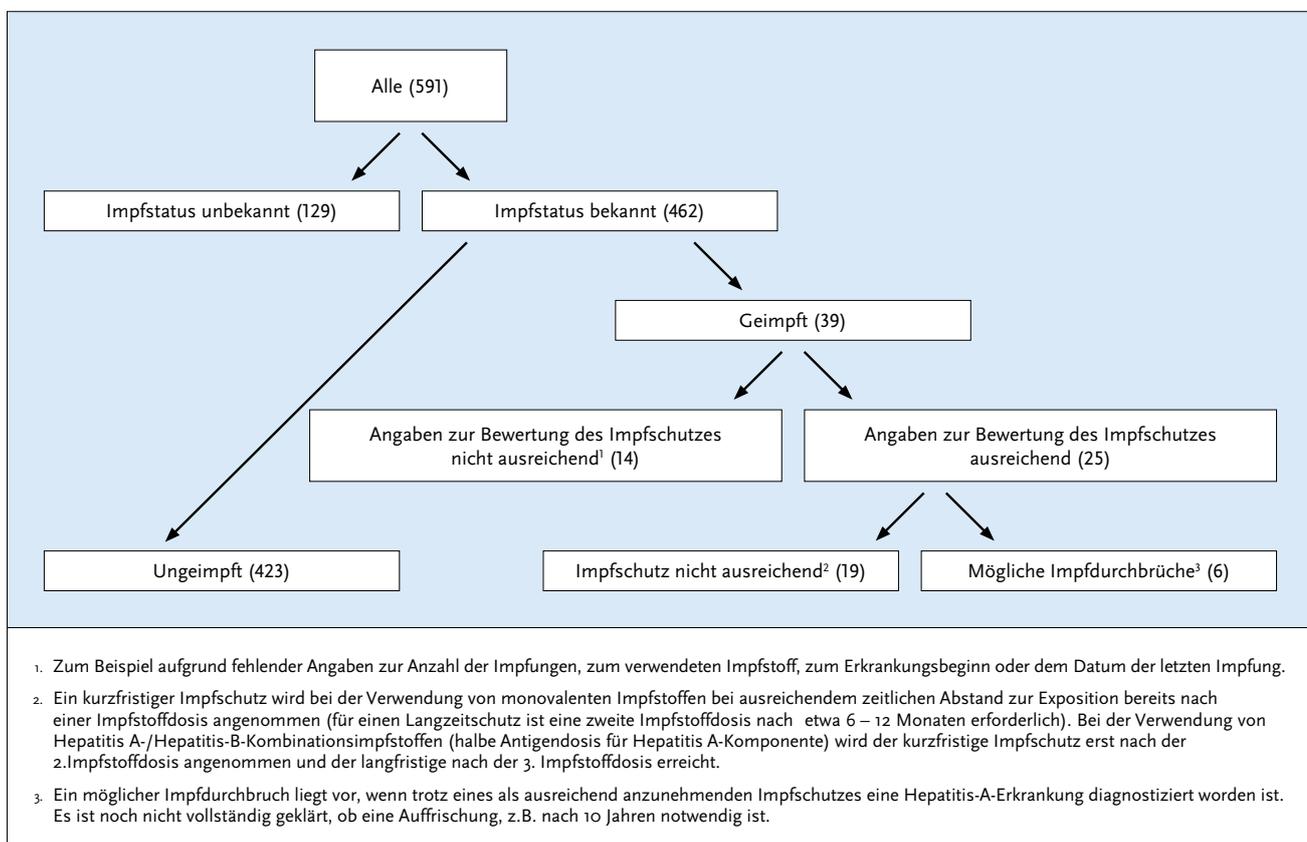
Erkrankungszeitpunkten sowie Art und/oder Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 19 (76%) Erkrankte unvollständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Erkrankungen mit nicht ausreichendem Impfschutz betrafen Personen, die z. B. im Rahmen von Ausbrüchen vermutlich zu spät postexpositionell geimpft worden waren (n=13), lediglich eine Dosis Hepatitis A/Hepatitis B Kombinationsimpfstoff erhalten (n=3) oder die Immunisierung nicht zeitgerecht weitergeführt/beendet hatten (n=3). Sechs Patienten, die vermutlich eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten 2, 4, 10, 13, 16 und 20 Jahre 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 24 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt; 1 davon mit 5 oder mehr Erkrankten. Die Gesamtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 59.

Zusätzlich wurden zu Beginn des Jahres 2021 weitere 8 Erkrankungen im Rahmen eines lokalen Ausbruchsgeschehens im Zusammenhang mit einer Bäckerei in Mecklenburg-Vorpommern übermittelt, das bereits im Jahr 2020 begann.

Abb. 6.23.5: Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2021 (n=591)



Datenqualität

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

Fazit

Im Jahr 2021 wurden weniger Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt als in den Jahren vor Beginn der COVID-19-Pandemie. Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft.

Mögliche Ursache für die niedrigeren registrierten Zahlen sind u. a. soziale Distanzierung, verminderte Reiseaktivitäten und verändertes Konsultationsverhalten während der COVID-19-Pandemie.

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>
- Enkirch T, Severi E, Vennema H, et al.: *Improving preparedness to respond to cross-border hepatitis A outbreaks in the European Union/ European Economic Area: towards comparable sequencing of hepatitis A virus*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.28.1800397>
- 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.
- Enkirch T, Eriksson R, Persson S, et al.: *Hepatitis A outbreak linked to imported frozen strawberries by sequencing, Sweden and Austria, June to September 2018*. Euro Surveill 2018. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.41.1800528>
- 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 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>
- 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> [Update]
- 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>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.24 Hepatitis B

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 8.353
- ▶ Davon 485 akute, 3.771 chronische und 4.097 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
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen – insbesondere Männern – in der Altersgruppe der 30- bis 49-jährigen
- ▶ 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 Kontakt 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 unterteilte Auswertung der übermittelten Fälle nicht nur nach Meldekategorie, sondern auch nach Infektionsstadium (s. Tab. 6.24.1).

Klinische Aspekte

Für das Jahr 2021 wurden insgesamt 8.353 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei dominierten wie in den Vorjahren die laboridiagnostisch nachgewiesenen Infektionen mit nicht erfülltem (3.925 Infektionen; 47%; Falldefiniationskategorie D) oder unbekanntem klinischen Bild (3.271 Infektionen; 39%; Falldefiniationskategorie E). Der Anteil klinisch-laboridiagnostischer Infektionen (C) lag 2021 bei 14 % (1.157 Infektionen). (s. Tab. 6.24.1).

Das Stadium der 8.353 übermittelten Infektionen war in 6 % (n=485) als akut, in 45 % (n=3.771) als chronisch und in 49 % (n=4.097) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.24.1). Die akuten Infektionen wurden am häufigsten in der Falldefiniationskategorie C übermittelt (63 %, n=306), die chronischen Infektionen in der Falldefiniationskategorie D (83 %, n=3.123) und die Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefiniationskategorie E (80 %, n=3.269).

Zeitlicher Verlauf

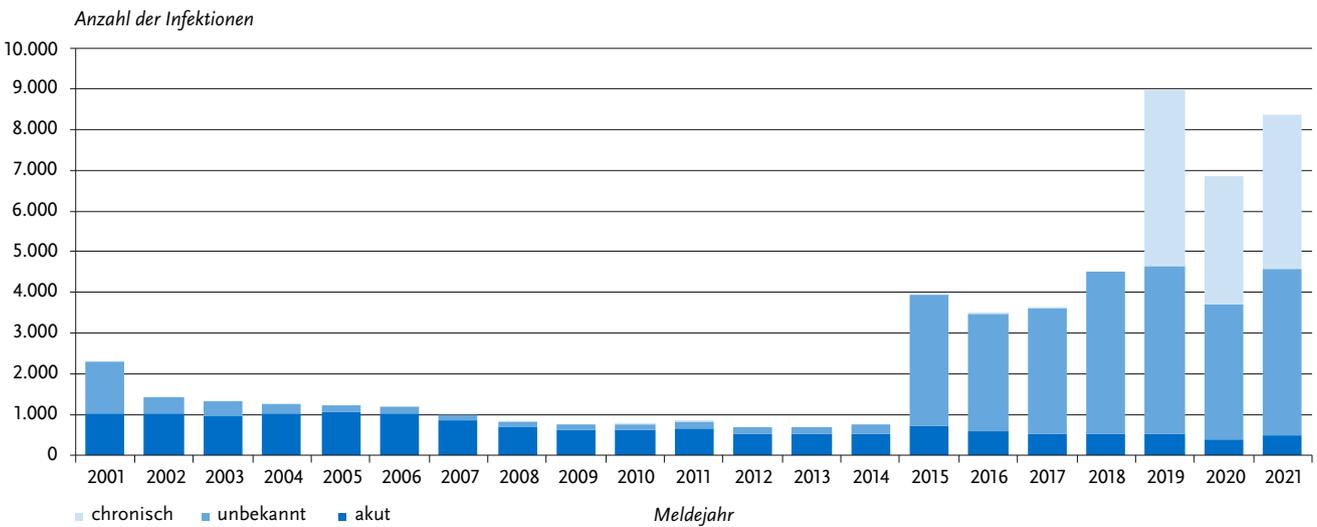
Insgesamt wurde zwischen den Jahren 2001 und 2009 ein Rückgang der übermittelten HBV-Infektionen beobachtet. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen zwischen den Jahren 2009 und 2014. Mit Änderung der Falldefinition 2015 haben die Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.24.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstadium zeigt, dass seit 2006 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant bleibt und der Anstieg auf 3.925 übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen im Jahr 2015 zum größten Teil auf Infektionen mit unbekanntem Infektionsstatus zurückzuführen war (n=3.213), 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 werden auch chronische Infektionen veröffentlicht, 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 24 % (n=2.109) sank, nahm die Zahl der übermittelten Infektionen 2021 im Vergleich zum Vorjahr um 22 % (n=1.488) zu. Der Anstieg der Fallzahlen betraf alle drei Infektionsstadien.

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen 2021 zwischen 2,92 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Mecklenburg-Vorpommern und 23,27 in Hamburg. Für 2021 waren die Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Thüringen, und Sachsen-Anhalt mit unter 5,0 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.24.2). Bundesländer mit einer Inzidenz über 10,0 Inf./100.000 Einw. waren Hamburg (23,4) Bremen (18,7), Baden-Württemberg (11,8), Berlin (12,3), Bayern (11,2), Hessen (11,0) und Nordrhein-Westfalen (10,9).

Nach Infektionsstadium differenziert betragen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0,2 in Brandenburg und 1,4 akuter Inf./100.000 Einw. in Hamburg. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium lagen zwischen 0,6 in Thüringen und 7,5 Inf./100.000 Einw. in Bayern. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstadium lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 1,1 in Sachsen und 18,3 Inf./100.000 Einw. in Hamburg.

Abb. 6.24.1: Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstadium, Deutschland, 2001 bis 2021

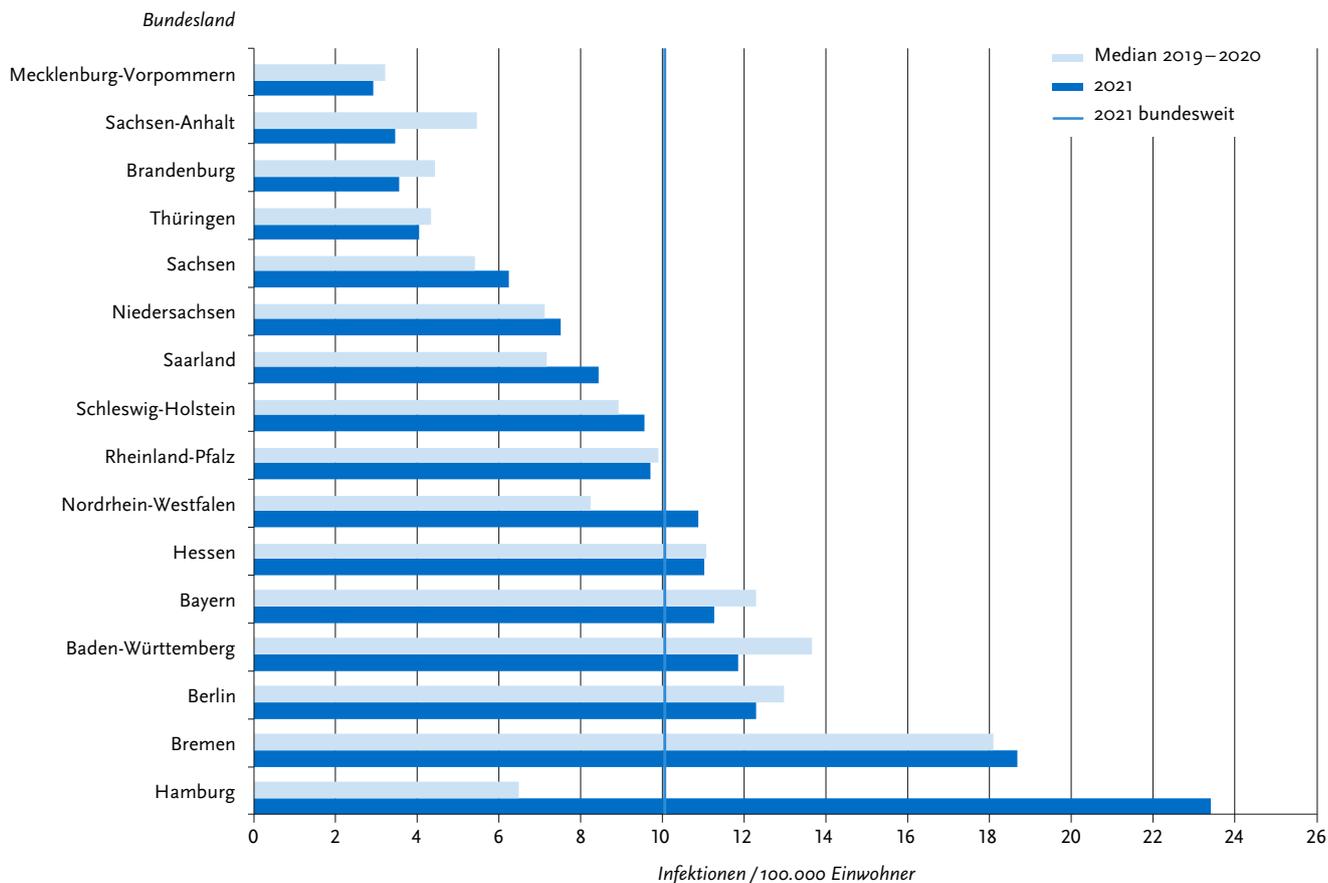


Tab. 6.24.1: Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021 und nach Infektionsstadium für 2021

Kategorie	2020		2021		Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil			
klinisch-labordiagnostisch (C)	949	14 %	1.157	14 %	306	646	205
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.243	47 %	3.925	47 %	179	3.123	623
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.673	39 %	3.271	39 %	0	2	3.269
alle	6.865	100 %	8.353	100 %	485	3.771	4.097
Referenzdefinition (C+D+E)	6.865	100 %	8.353	100 %	485	3.771	4.097

Abb. 6.24.2:

Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, 2021 (n=8.353) im Vergleich mit dem Vorjahr



Bei 2.110 (25%) der insgesamt 8353 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfielen 69% der Nennungen (n=1.454), gefolgt von der Türkei (n=66), Vietnam (n=52), Syrien (n=36), Rumänien (n=35) und Afghanistan (n=30).

Seit der IfSG-Novellierung 2017 werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 4.386 (53%) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 3.770 (45%) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Deutschland wurde bei 29% (n=1.265) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 45% (n=1.691) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (9,4%; n=410), Rumänien (5,9%; n=258), die Russische Föderation (4,0%; n=174) und Afghanistan (3,9%; n=172) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 11,5 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (8,5). Bei Männern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am stärksten betroffen (22 pro 100.000 Einw.), bei Frauen die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (19 pro 100.000 Einw.). Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) war mit 0,3 insgesamt niedrig (Abb. 6.24.3). Sieben von 41 Infektionen entfielen jedoch auf Kinder im 1. Lebensjahr (0,4 Inf./100.000 Einw.).

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wurde nur ein kleiner Teil (6,9 bzw. 4,4%) aller übermittelten Infektionen als akute Infektionen übermittelt. Hierbei wiesen 40- bis 49-jährige

Männer die höchste Inzidenz auf (1,6 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Bei Frauen lag die höchste Inzidenz für akute Infektionen bei den 30- bis 39-Jährigen (0,9 akute Infektionen pro 100.000 Einw.).

Infektionsrisiken

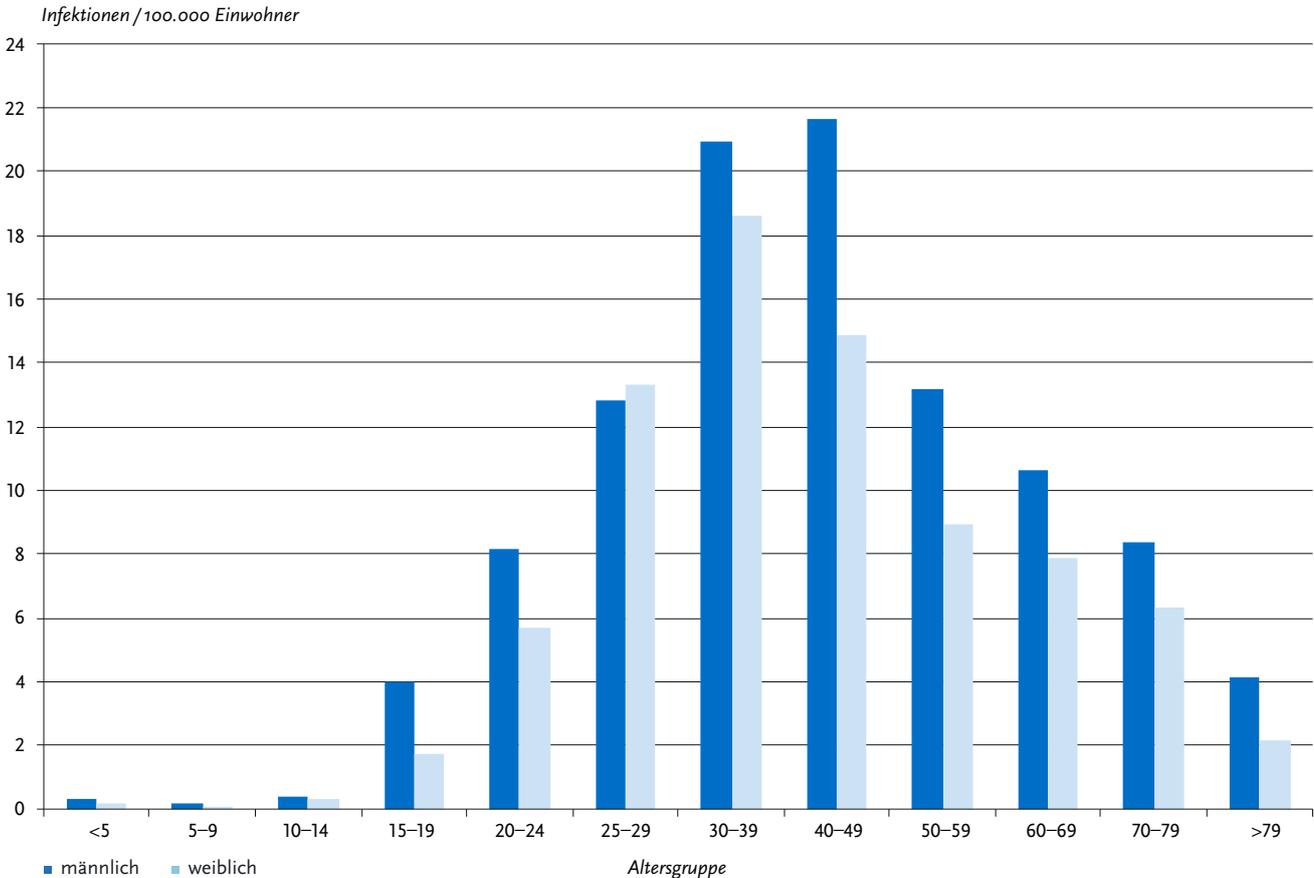
Nur bei 320 (3,8%) der 8.353 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Der am häufigste übermittelte Übertragungsweg war 2021 die Wohngemeinschaft mit einem HBV-Träger (n=126 Fälle, 39%). Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde i.v.-Drogenkonsum bei 106 Infektionen (33%) angegeben, darunter 3 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Als dritthäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission bei 55 Infektionen (17%) genannt, darunter 39 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem mit Hepatitis-B-Virus infizierten Partner und 16 Infektionen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Des Weiteren wurde bei 22 Infektionen (7%) der Erhalt von Blutprodukten, bei einer Infektion (0,3%) Dialyse und bei 2 Infektionen (0,6%) perinatale Übertragung als wahrscheinlichster Übertragungsweg genannt.

Impfstatus

Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgrup-

Abb. 6.24.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=8.265)



pen (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 3.409 (41%) der 8.353 übermittelten HBV-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.24.4). Von diesen 3.409 Infektionen wurden 3.180 (93%) als ungeimpft übermittelt. Bei 229 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine HBV-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 229 fehlten bei 119 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes: So lagen von 68 Infektionen keine Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen vor; bei 42 Infektionen fehlten Angaben zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn und bei 9 Infektionen fehlten Angaben zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfung.

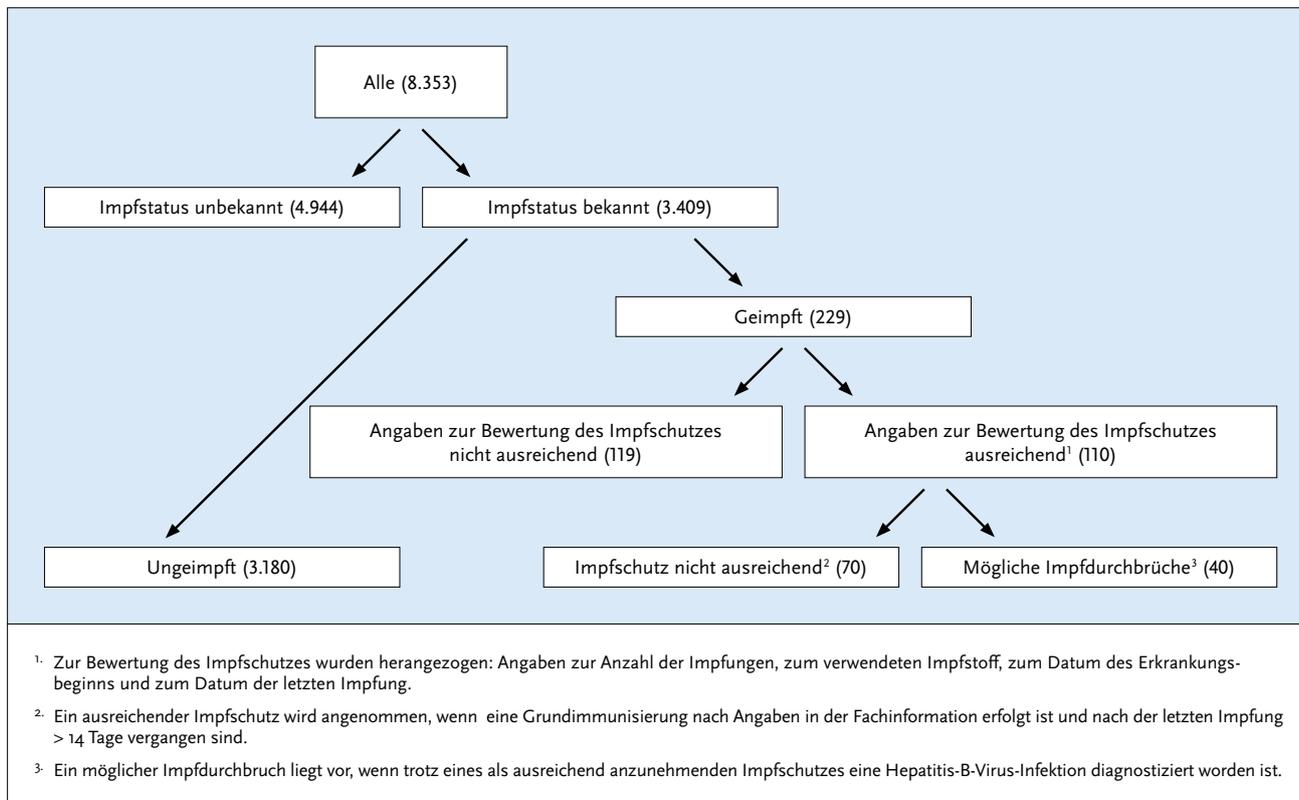
Für 110 (48%) der 229 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letz-

ten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 70 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren. Bei 65 dieser Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben. Bei einer Infektion fehlte die 4. Impfdosis bei Impfung mit einem hexavalenten Kombinationsimpfstoff. Weitere 4 Personen wurden nicht zeitgerecht geimpft, ihr Erkrankungsbeginn war < 14 Tage nach der letzten Impfung. Insgesamt 40 Infizierte hatten einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz mit mindestens 3 Impfungen erhalten und infizierten sich zwischen 6 Monaten und 24 Jahren nach der letzten Impfung. Die vorliegenden Informationen könnten bei diesen Fällen für einen Impfdurchbruch 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 2021 wurden 6 Häufungen mit insgesamt 12 Infektionen (2 Infektionen pro Ausbruch) übermittelt. Bei einer der Häufungen war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der

Abb. 6.24.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2021 (n=8.353)



Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem HBV-Träger, bei den anderen beiden Häufungen war der Übertragungsweg nicht ermittelbar.

Datenqualität

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle labordiagnostischen 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. 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 ausgeschlossen werden und könnten ebenfalls einen Einfluss auf die Anzahl neu übermittelter Infektionen haben. Auch andere Faktoren können einen Einfluss auf Doppelmeldungen haben. In Hamburg ist die Anzahl der gemeldeten HBV Infektionen 2021 vor allem für die Kategorien chronisch und »unbekannt« im Vergleich zu den Vorjahren stark angestiegen. Verglichen mit 2019 stieg die Anzahl chronischer Fälle auf mehr als das Dreifache (n=265 [358%]) und im Vergleich zu 2020 fast auf das Fünffache (n=279 [465%]). Der Anstieg der gemeldeten Fälle ist auf den Wechsel eines der zwei größten Behandlungszentren Hamburgs zu einem neuen Laboratorium zurückzuführen.

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 Migrantengruppen zu erhalten. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (53%) und zur Staatsangehörigkeit (45%) ist im Vergleich zum Vorjahr (55% und 46%) leicht gesunken.

Fazit

Seit 2015 ist eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition zu erklären, auf Fälle ohne, mit unklarer oder unbekannter Symptomatik, 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. Eine Auswertung nach Infektionsstadium zeigt, dass im zeitlichen Verlauf die Anzahl akuter Infektionen seit 2011, mit Ausnahme von 2015 (713 akute Infektionen), unter 600 Infektionen pro Jahr lag. Somit war kein Anstieg an akuten Infektionen seit 2011 zu verzeichnen.

Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2021 1.488 mehr HBV-Infektionen übermittelt (Anstieg um 22%). Mögliche Ursachen der im Jahr 2021 höheren Zahlen können u. a. eine wieder zunehmende Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten aufgrund der weiteren Entwicklung der COVID-19-Pandemie sein. Seit Oktober 2021 wird die Labordiagnostik für HBV im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung (ehemalig Check-up 35) einmalig erstattet, dies könnte einen Einfluss auf die Anzahl gemeldeter Fälle haben.

Eine Differenzierung nach Infektionsstadium zeigte, dass die höchsten Inzidenzen akuter Infektionen bei Männern und Frauen im Alter vom 30- bis 59- bzw. 49-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

- 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 Welle2 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 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>

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>

Burdi S, Harder T, Ullrich A, Krings A, Sandfort M, Dudareva S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2020*. Epid Bull. 2021; 29:3–21. <https://doi.org/10.25646/8801>

Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2021; 49/33:6–29. <https://doi.org/10.25646/9355> [Update]

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

6.25 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 4.747
- ▶ Anzahl der Fälle minimal im Vergleich zum Vorjahr gestiegen
- ▶ Etwa ein Fünftel sind akute Hepatitis-C-Infektionen
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Deutlich höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe der 30- 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 die

Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist. Dadurch werden nicht nur akute Infektionen, sondern auch Infektionen, wenn sie sich schon im chronischen Stadium befinden, im Meldesystem erfasst. Erfolgen im Verlauf der Infektion mehrere Erregernachweise, werden diese zu einem Fall zusammengeführt. Auch wenn chronische Infektionen erfasst werden, ist davon auszugehen, dass diese erstmals an das Gesundheitsamt gemeldet wurden, sodass im folgenden Text von Inzidenzen gesprochen wird.

Zeitlicher Verlauf

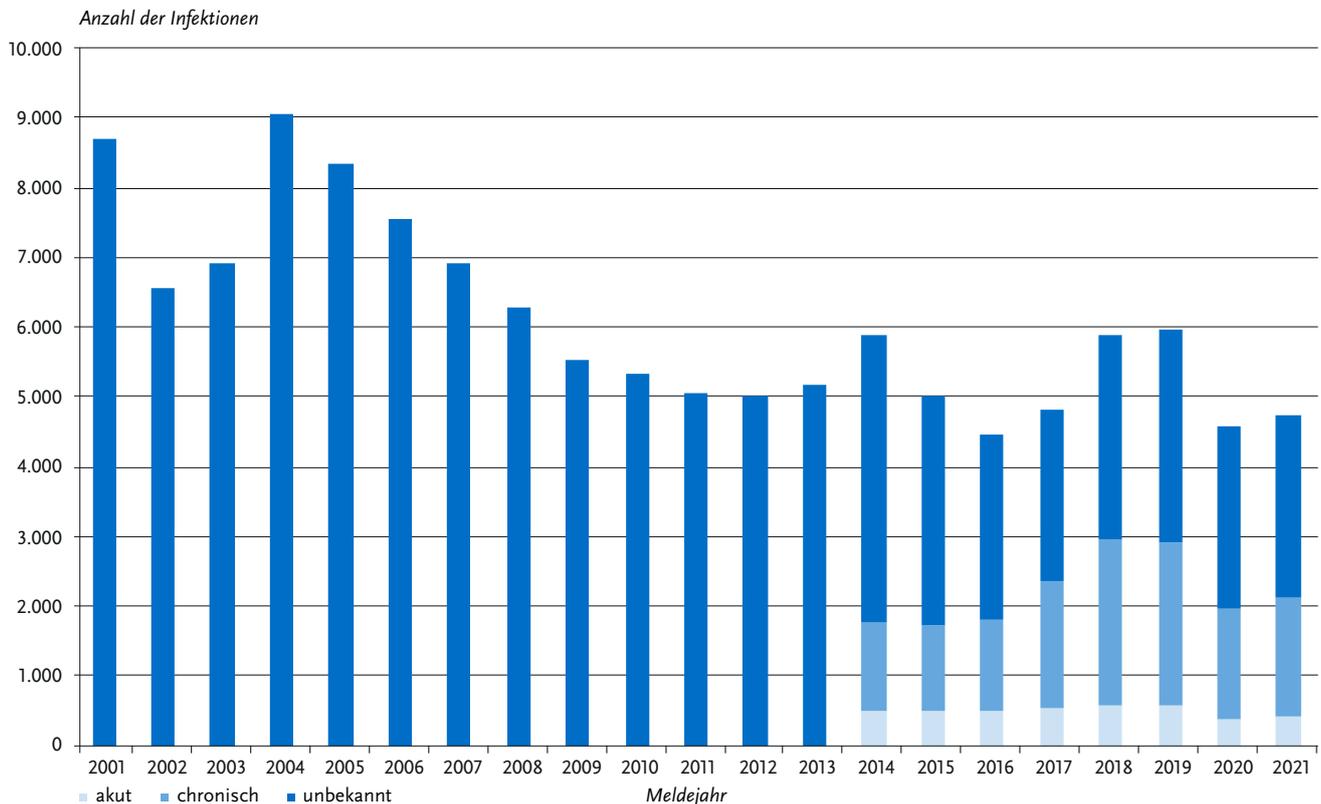
Für das Jahr 2021 wurden insgesamt 4.747 Hepatitis-C-Infektionen übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 5,7 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (5,5) minimal gestiegen.

Ab dem Jahr 2005 war ein abnehmender Trend der Fallzahlen von Hepatitis C zu verzeichnen, der sich seit dem Jahr 2009 verlangsamt hatte. Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 bewegten sich die jährlich übermittelten Fallzahlen stabil unterhalb von 5000 Meldungen und stiegen dann nach Änderung der Meldepflicht in den beiden Jahren 2018 und 2019 deutlich an. Im Jahr 2020 fielen die Fallzahlen deutlich ab. (s. Abb. 6.25.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 1,7 Infektionen/100.000 Einw. in Thüringen und 7,8 in Hamburg (s. Abb. 6.25.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 5,7 lagen neben Hamburg auch Baden-Württemberg, Schleswig-Holstein (je 7,2), Nordrhein-Westfalen (6,5), Bayern (6,3) und Bremen (5,9).

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021
und Infektionsstadium (akut, chronisch, unbekannt) 2014 bis 2021



Tab. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2019		2020	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	822	18 %	818	17 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.583	35 %	1.811	38 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.168	47 %	2.118	45 %
alle	4.573	100 %	4.747	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	4.573	100 %	4.747	100 %

Die größten Inzidenzanstiege waren im Saarland und in Nordrhein-Westfalen zu verzeichnen, während die Inzidenz am deutlichsten in Berlin, Sachsen-Anhalt und Thüringen zurückging.

Bei 1.096 (23%) der übermittelten HCV-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde am häufigsten genannt (n=964; 88% der Fälle mit Angabe zum Infektionsland).

Seit 2017 werden Angaben zum Geburtsland und zur Staatsangehörigkeit an das RKI übermittelt. Für knapp die Hälfte der übermittelten Fälle wurden Angaben zum Geburtsland (n=2.364; 50%) bzw. zur Staatsangehörigkeit (n=2.186; 46%) übermittelt. Fast zwei Drittel der Fälle waren in Deutschland geboren (n=1.514; 64%) und drei Viertel der Fälle gaben die deutsche Staatsangehörigkeit an (n=1.637; 75%).

Demografische Verteilung

Bei 4.714 (99%) der übermittelten HCV-Infektionen wurden Angaben zum Alter und Geschlecht gemacht. Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 7,8 Infektionen/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch als in der weiblichen (3,6). Einzig bei den über 79-Jährigen waren Frauen (4,4) stärker betroffen als Männer (3,6). Die leicht erhöhte Inzidenz von weiblichen 15- bis 19-Jährigen im Vergleich zu männlichen ist aufgrund der kleinen Zahlen nicht beurteilbar. Ähnlich wie in den vergangenen Jahren machten die 30- bis 49-jährigen Männer mit 36% (n=1.710; 16,1 Inf./100.000 Einw.) einen erheblichen Anteil an der Gesamtzahl der übermittelten HCV-

Infektionen aus. Bei den Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am höchsten (5,6), gefolgt von einem zweiten Inzidenzgipfel bei den 60- bis 69-Jährigen (5,1) (s. Abb. 6.25.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) war mit 0,1 Inf./100.000 Einw. (entsprechen 12 übermittelten Infektionen) gering und hat sich im Vergleich zum Vorjahr (n=25) halbiert.

Klinische Aspekte

Von den übermittelten Fällen im Jahr 2021 wurden bei 44% Angaben zum vermutlichen Stadium der Infektion bei der Diagnose 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=406; 19%) und 81% als chronisch (n=1.682). Zwischen 2014 und 2016 lag der jährliche Anteil akuter Infektionen an allen mit Angabe zum Stadium zwischen 28% und 29%, seit 2017 bewegt er sich zwischen 19% und 23%. (s. Abb. 6.25.1.)

Bei insgesamt 816 Fällen wurden Angaben zu klinischen Symptomen übermittelt. Erhöhte Serumtransaminasen wurden bei 82% der Fälle angegeben, in 29% (n=236) Oberbauchbeschwerden und in 11% (n=91) ein ikterischer Verlauf.

Im Jahr 2021 war für 4 Fälle angegeben, dass sie an der Hepatitis-C-Infektion verstorben seien. Bei 24 Fällen war angegeben, dass sie aufgrund anderer oder unbekannter Ursache verstorben seien.

Abb. 6.25.2: Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=4.747) im Vergleich mit den Vorjahren

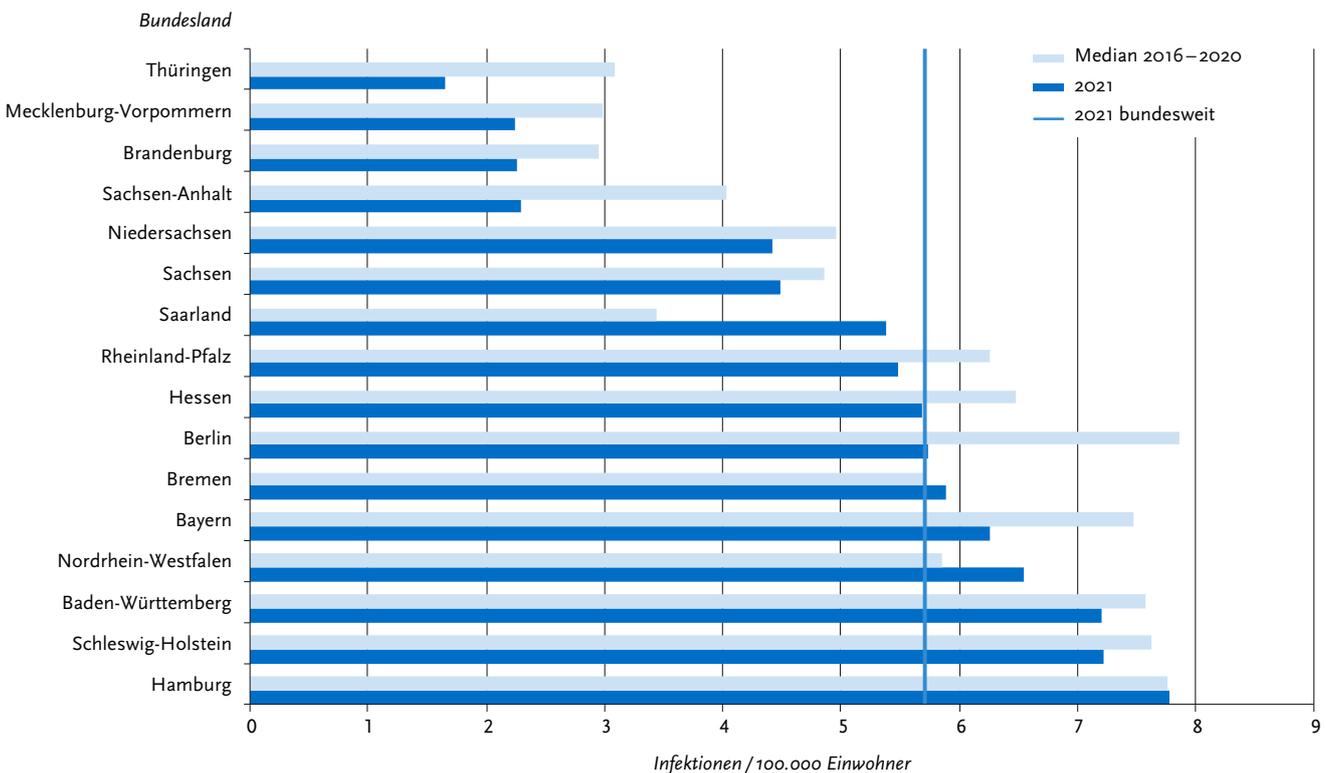
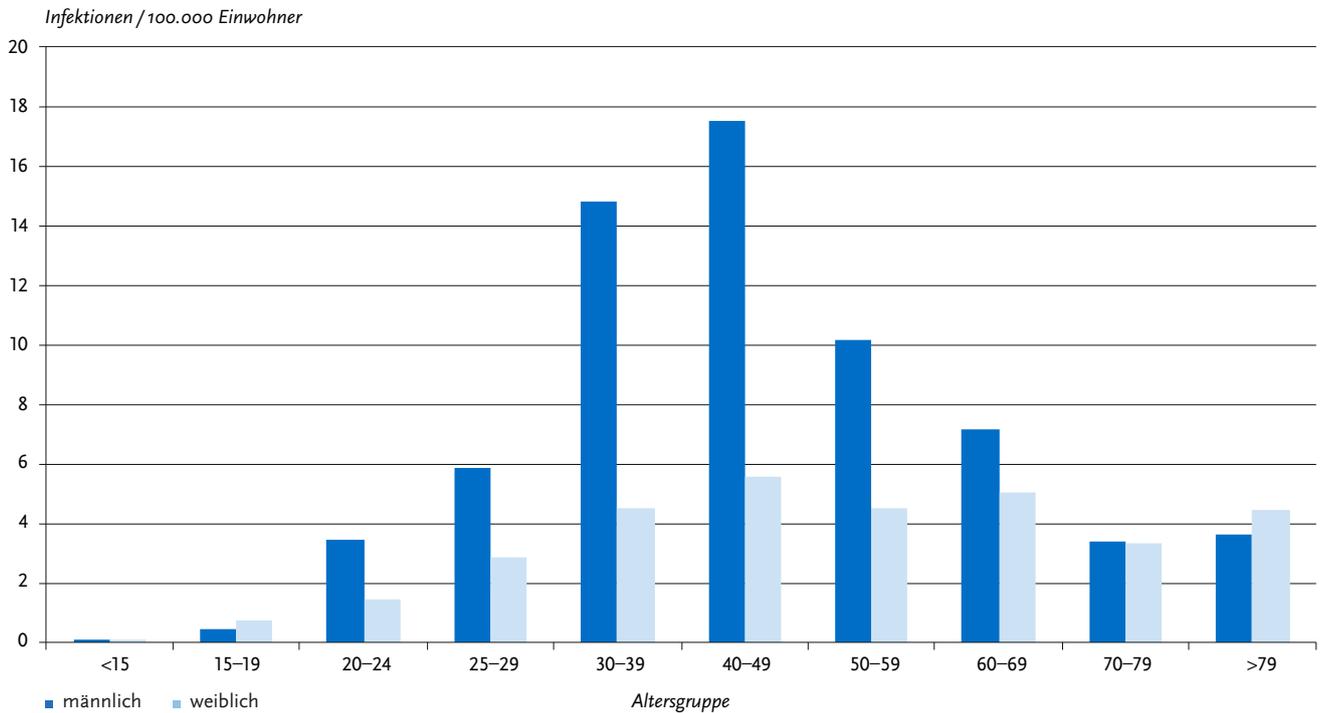


Abb. 6.25.3:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=4.714)



Infektionsrisiken

Für die Auswertung des wahrscheinlichsten Übertragungswegs wurden Mehrfachangaben auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert. Eine Angabe zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lag bei 1004 Infektionen (21%) vor.

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C stand, wurde in ca. zwei Drittel der Fälle angegeben (n=673 Infektionen; 67% der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg). Von diesen lag bei 27 Infektionen die nähere Spezifizierung »i.v.-Drogenkonsum in Haft« vor. Nosokomiale Übertragungen wurden bei 171 HCV-Infektionen (17% der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) angegeben. Diese verteilten sich auf den Erhalt von Blut und Blutprodukten (n=107, Erhalt im Ausland oder vor 1992), operativ-diagnostische Eingriffe (n=45), medizinische Injektionen im Ausland (n=15) und Organtransplantation (n=4). Bei 60 Fällen (6%) war als wahrscheinlichster Übertragungsweg »Piercing oder Tattoo«, bei 19 Fällen (2%) »Wohngemeinschaft mit Virusträger« und bei 12 Fällen (1%) »Berufliche Exposition« angegeben. Sexuelle Übertragung zwischen Männern wurde in 35 Fällen (4% aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 5% derjenigen bei Männern) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben. »Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner« wurde bei 31 Infektionen (3%) angegeben. Eine perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 3 Infektionen (0,3%) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden keine Ausbrüche 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 Seroconversion) vor. Angaben zum Stadium der Infektion werden erst seit dem Jahr 2012 strukturiert erhoben, und wurden hier erstmalig 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.

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

Zusätzlich zu den Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland werden seit der Änderung der Meldepflicht 2017 bei allen Hepatitis-C-Meldungen Angaben zum Geburtsland und der Staatsangehörigkeit erfasst. Damit ist es möglich, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei Migrantenpopulationen zu erhalten. Die Anteile von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (50%) und zur Staatsangehörigkeit (46%) ähneln denen der Vorjahre.

Fazit

Die Daten sind nach den Änderungen von Falldefinition und Meldepflicht nur bedingt mit den Vorjahren vergleichbar.

Die Anzahl übermittelter HCV-Infektionen im Jahr 2021 ist im Vergleich zum Vorjahr nur minimal gestiegen. Die Inzidenzen in den Bundesländern haben sich im Vergleich zum Vorjahr leicht verschoben. Während in den meisten Bundesländern die Fallzahlen im Vergleich zu den Vorjahren geringer ausfielen, waren sie in Nordrhein-Westfalen, dem Saarland und in Bremen höher als im Median der Vorjahre.

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

Der beobachtete deutliche Rückgang der Anzahl übermittelter HCV-Infektionen seit 2020 ist möglicherweise bedingt durch Unterdiagnose und -erfassung während der COVID-19-Pandemie. Ein Teil des Rückgangs kann aber auch einem tatsächlichen Rückgang der Inzidenz durch effektive Hepatitis-C-Behandlungen und dadurch seltenerem Auftreten von Transmissionsereignissen entsprechen. Der Anteil übermittelter akuter HCV-Infektionen unter den Fällen mit Angaben zum Stadium der Infektion beträgt jedoch ähnlich wie in den Vorjahren etwa ein Fünftel der Fälle. Dies deutet darauf hin, dass die tatsächliche Inzidenz der Infektion in etwa gleichgeblieben ist. Es ist davon auszugehen, dass sich immer noch Personen neu infizieren.

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 bekommen.

Literaturhinweise

- 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>
- Sperle I, Nielsen S, Bremer V, et al.: *Developing and Piloting a Standardized European Protocol for Hepatitis C Prevalence Surveys in the General Population (2016–2019)*. Front Public Health 2021. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.568524>
- Wiessing L, Kalamara E, Stone J, et al.: *Univariable associations between a history of incarceration and HIV and HCV prevalence among people who inject drugs across 17 countries in Europe 2006 to 2020 – is the precautionary principle applicable?* Euro Surveill 2021.
- WHO (2021): *Global progress report on HIV, viral hepatitis and sexually transmitted infections, 2021*. 2021. *Accountability for the global health sector strategies 2016–2021: actions for impact*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- ECDC: *Hepatitis C prevalence database*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/hepatitis-c/tools/hepatitis-c-prevalence-database>
- Zimmermann R, Külper-Schick 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>
- Sperle I, Steffen G, Leendertz SA, et al.: *Prevalence of hepatitis B, C, and D in Germany: results from a scoping review*. Front Public Health 2020. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00424>
- 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. <http://edoc.rki.de/176904/9576>
- 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.

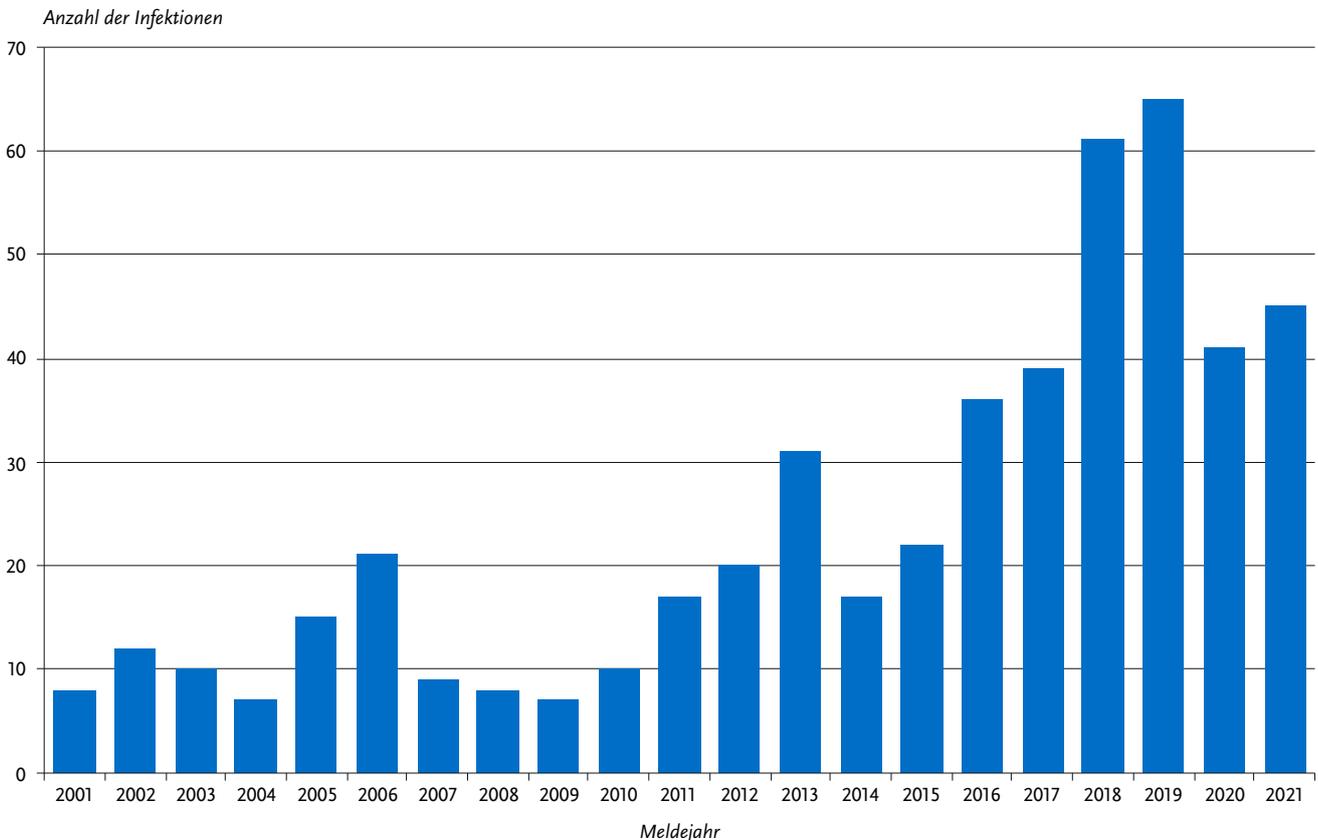
Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Eine weitere Änderung betrifft die Referenzdefinition. Fälle, bei denen das klinische Bild unbekannt oder nicht erfüllt ist (Falldefinitions-kategorien D und E), entsprachen nach der alten Falldefinition nicht der Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition 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, so dass alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Somit werden auch chronische Infektionen übermittelt, aber in der Statistik nicht in akut und chronisch unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 45 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.26.1). Die 45 Infektionen wurden aus 11 Bundesländern (je ein bis 10 Infektionen) übermittelt. Bei 7 Infektionen wurden Angaben

Abb. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Tab. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	9	22 %	14	31 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	32 %	11	24 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19	46 %	20	44 %
alle	41	100 %	45	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	41	100 %	45	100 %

zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Als Infektionsland wurde 6-mal Deutschland und einmal die Türkei genannt. Von den 45 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 28 (62 %) Männer und 17 (38 %) Frauen. Die meisten Infektionen (60 %) wurden bei den 30- bis 49-jährigen Erwachsenen übermittelt. Der kontinuierliche Anstieg in den Jahren 2015 bis 2017 ist durch die Änderung der Falldefinition zu erklären. 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 die Falldefinitionskategorien D und E. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken. Der Anstieg der Fallmeldungen in den Jahren 2018 und 2019 ist vermutlich vor allem durch

die Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG im Juli 2017 bedingt. Im Vergleich zum Jahr 2019 wurden im Jahr 2020 37 % weniger Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt.

Mögliche Ursachen dieser Reduktion könnten u. a. eine veränderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten während der COVID-19-Pandemie gewesen sein. Im Jahr 2021 wurden 4 Hepatitis-D-Virus-Infektionen mehr übermittelt als im Vorjahr (Zunahme um 10 %). Damit liegt die Zahl der übermittelten Hepatitis-D-Infektionen weiterhin unter dem Niveau von 2018/2019. Es bleibt abzuwarten, ob diese Diskrepanz als Folge direkter oder indirekter Effekte der COVID-19-Pandemie interpretiert werden kann oder ob sich die übermittelten Zahlen dem Vor-Niveau von 2017 vor Änderung der Meldepflicht entsprechend entwickeln.

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>
- WHO: *Hepatitis D. Fact sheet 2021*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-d>
- RKI (2018): *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Infektionsschutzgesetz und Meldewesen*. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html
- Burdi S, Harder T, Ullrich A, Krings A, Sandfort M, Dudareva S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2020*. Epid Bull. 2021; 29:3–21. <https://doi.org/10.25646/8801>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.27 Hepatitis E



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 3.063
- ▶ Deutlicher Rückgang der Fallzahlen in den letzten beiden Jahren, davor seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Die meisten Infektionen (95%) wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern über 40 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 Tier-

spezies 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 2021 wurden dem RKI insgesamt 3.063 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (3.254 Erkrankungen) entspricht dies einer Abnahme um 5,9%. Der erstmals im letzten Jahr beobachtete Rückgang der jährlichen Fallzahlen setzt sich somit fort (s. Abb. 6.27.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 3,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit Maximum im Sommer ist erkennbar, jedoch wahrscheinlich durch ein verändertes Konsultations- und Diagnoseverhalten im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Sachsen-Anhalt (8,6 Erkr./100.000 Einw.), Mecklenburg-Vorpommern (7,7),

Tab. 6.27.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, 1.646 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.579	95 %
Italien	17	1 %
Spanien	14	1 %
Frankreich	8	0 %
Österreich	7	0 %
Griechenland	5	0 %
Kroatien	4	0 %
Dänemark	4	0 %
Bulgarien	3	0 %
Rumänien	3	0 %
Andere	25	1 %
Summe	1.669	100 %

Tab. 6.27.1:

Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.254	40 %	3.063	40 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.903	23 %	2.007	26 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.011	37 %	2.510	33 %
alle	8.168	100 %	7.580	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.254	40 %	3.063	40 %

Abb. 6.27.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021

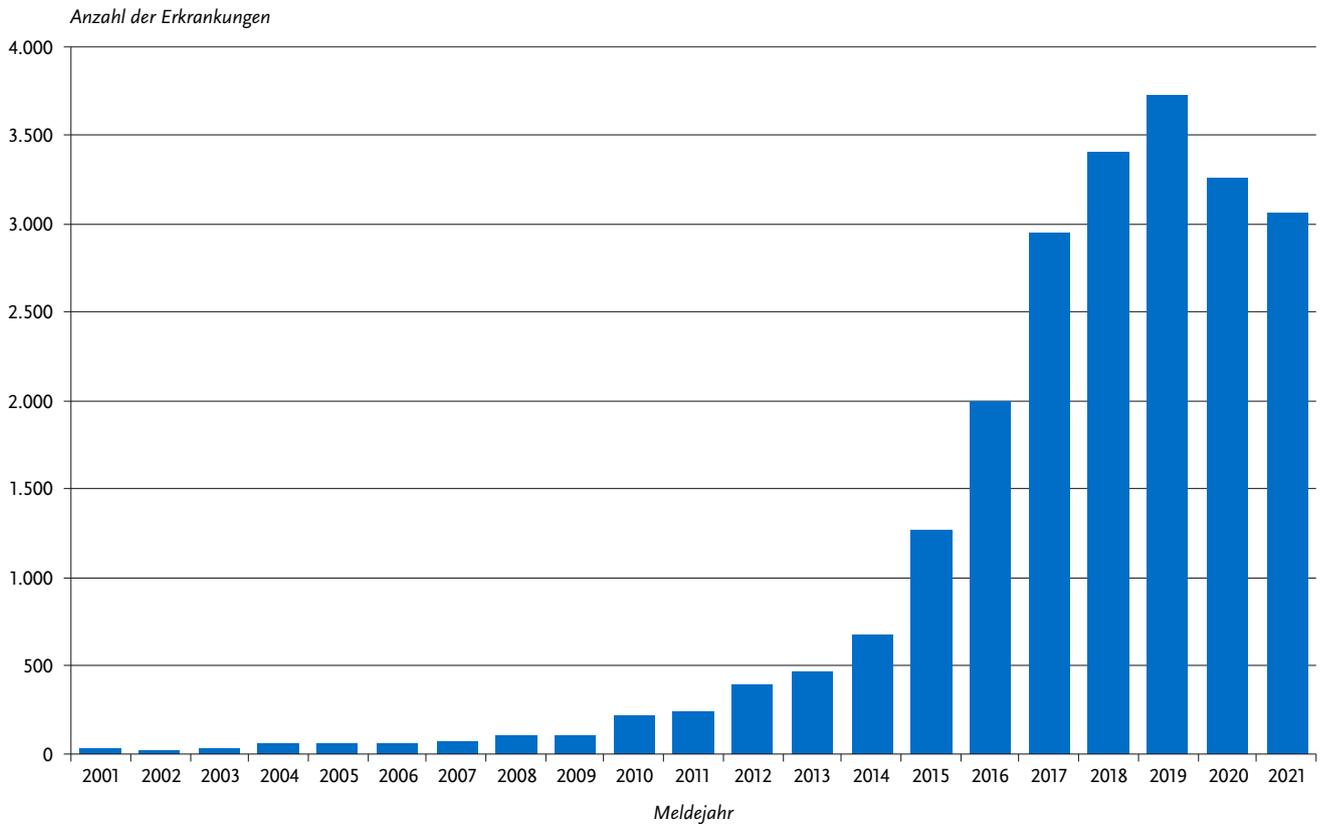
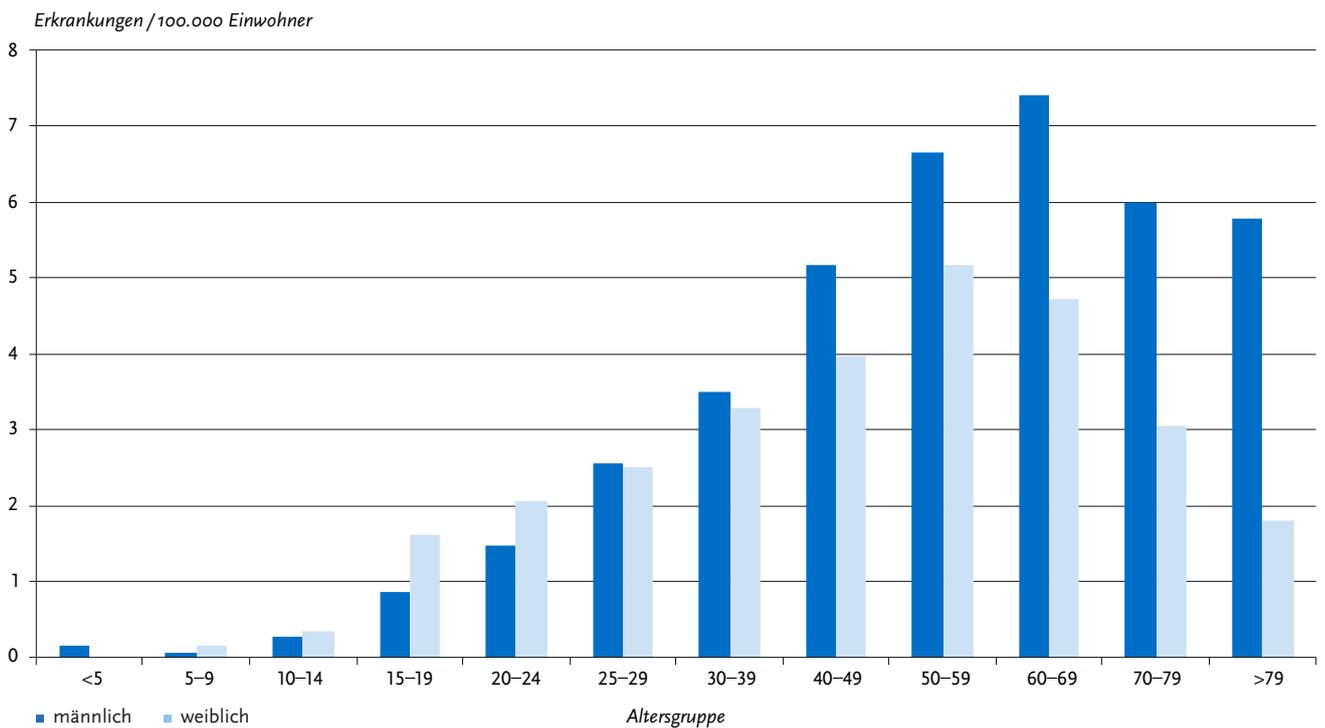


Abb. 6.27.2:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2021 (n=3.054)



dem Saarland (7,0), Thüringen (6,7), Sachsen (6,0), Brandenburg (5,6), Rheinland-Pfalz (4,5) und Berlin (3,8) erfasst.

Bei 1.646 Erkrankten (54 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.27.2). Von den 1.669 Nennungen entfielen 95 % auf Deutschland. Dieser Anteil ist, vermutlich maßgeblich durch geltende Reisebeschränkungen während der COVID-19-Pandemie beeinflusst, deutlich höher als noch 2019 (86 %).

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.226 der übermittelten Erkrankungen (73 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 1.746 Erkrankungen waren Männer (57 %) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (7,4 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.27.2).

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 756 (25 %, wie auch im Vorjahr) der Erkrankungen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 7 Todesfälle (Vorjahr: 4) übermittelt. Betroffen waren 7 Männer im Alter von 34 bis 86 Jahren.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurde ein Hepatitis-E-Ausbruch mit 2 Erkrankungen übermittelt.

Datenqualität

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

Fazit

Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzteschaft und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen ist. Während der letzten 2 Jahre gingen die Fallzahlen leicht zurück.

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.2018.23.19.17-00469>
- 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 2021: 2.234
- ▶ Rückgang der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 80 % der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Diagnose-Inzidenzen in den Altersgruppen 25 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- ▶ Bei 90 % der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon zwei Drittel bei Männern, die Sex mit Männern haben.

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 erregertauglichem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i. v.-Drogengebrauchern, 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 anti-retrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame anti-retrovirale 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.

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 labordiagnostisch 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 des diagnostizierenden Arztes um eine 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 fallbezoge-

nen 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 Antikörperbasierten Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens 1.000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen worden ist.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden dem RKI 2.234 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als Neudiagnosen identifiziert werden konnten. Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 2,7 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018, stieg im Jahr 2019 erneut leicht an, um in den Jahren 2020 und 2021 auf den niedrigsten Stand seit 2004 zurückzugehen. Gegenüber dem Vorjahr (2.466) fiel die Anzahl um 232 (9%) (s. Abb. 6.28.1).

Geografische Verteilung

Insgesamt gingen die Diagnosezahlen 2021 gegenüber dem Vorjahr weiter zurück. Dieser Rückgang betraf sowohl in Deutschland erworbene HIV-Infektionen (1.197; 2020: 1.262), als auch wahrscheinlich im Ausland erworbene HIV-Infektionen (425; 2020: 480), und war am deutlichsten für Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte (612, 2020: 724).

Bundesweit lag die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen im Jahr 2021 bei 2,7 Fällen pro 100.000 Einwohner, ein weiterer Rückgang gegenüber 2020 (3,0 Fälle pro 100.000 Einwohner). Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den beiden Stadtstaaten Hamburg und Bremen (7,7 bzw. 6,9 Fälle pro 100.000 Einwohner), gefolgt von Berlin (6,1) (s. Abb. 6.28.2).

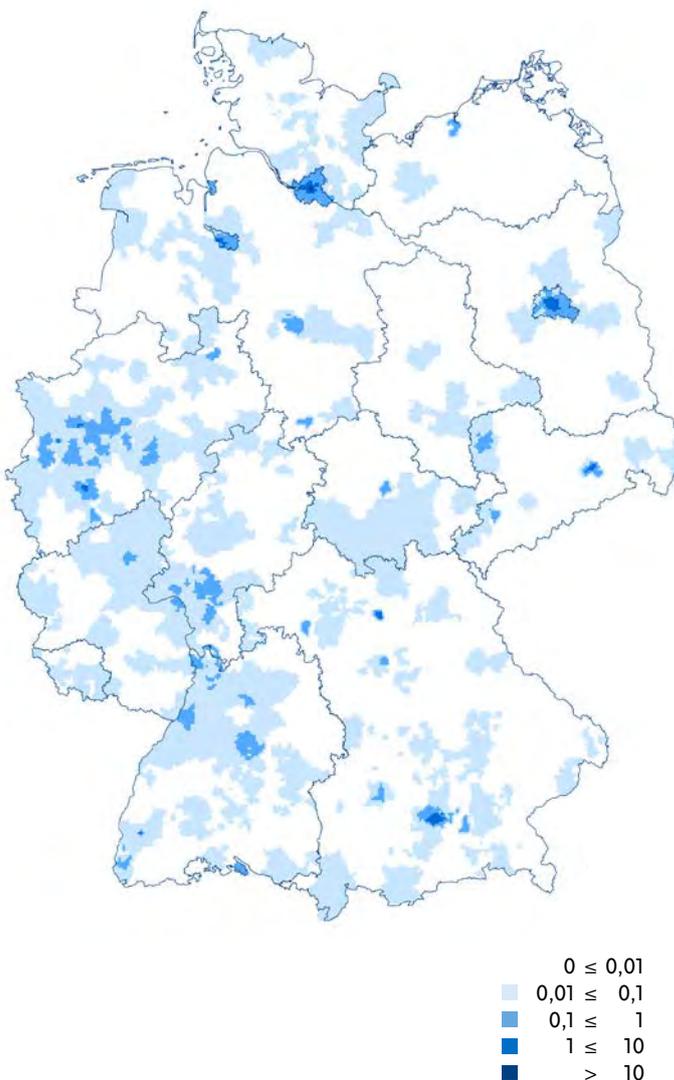
Großstädte wie Köln (7,8), München (5,6), Frankfurt/Main (5,9), Stuttgart (5,7), Leipzig (5,7), Essen (6,2) und Düsseldorf (5,3), aber auch mittelgroße Städte wie z.B. Ingolstadt, Darmstadt, Oldenburg, Kaiserslautern, oder Koblenz wiesen ähnlich hohe oder sogar höhere Inzidenzen als die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.28.3). Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz nur in Schleswig-Holstein und Thüringen an, in allen anderen Bundesländern ging sie zurück.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag wie in den Vorjahren bei der männlichen Bevölkerung mit 4,3 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Frauen (1,1). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (20%) ging gegenüber dem Vorjahr um 3% zurück. Bei Männern und Frauen wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (9,7 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, 3,4 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen). In den Altersgruppen mit der nächsthöheren Inzidenz (25 bis 29 Jahre) lag die Inzidenz bei Männern bei 9,3, bei Frauen bei 2,1. Bei beiden Geschlechtern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am dritthäufigsten betroffen (Inzidenz 8,1 bei Männern, 1,9 bei Frauen), gefolgt von der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (5,4 bei Männern, 1,8 bei Frauen) (s. Abb. 6.28.4).

Die Inzidenz bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM) ist in 2021 im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen entweder leicht zurückgegangen oder ungefähr gleichgeblieben. Die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Hetero-

Abb. 6.28.3:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2021 (n=2.234)



sexuellen und bei intravenös Drogen konsumierenden Personen ist im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen zurückgegangen. Der Inzidenzrückgang bei intravenös Drogen konsumierenden Personen war mit 30% besonders ausgeprägt.

Nachgewiesene Erreger

Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 6 Infektionen mit HIV-2 (0,3%) neu diagnostiziert, sowie 2 Doppelinfektionen mit HIV-1 und HIV-2.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 1966 Neudiagnosen (88%) lagen Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 1516 davon wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit bekanntem Herkunftsland, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, stieg von 72% auf 74%. Der Anteil der HIV-Neudiagnosen mit

Abb. 6.28.1:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2021

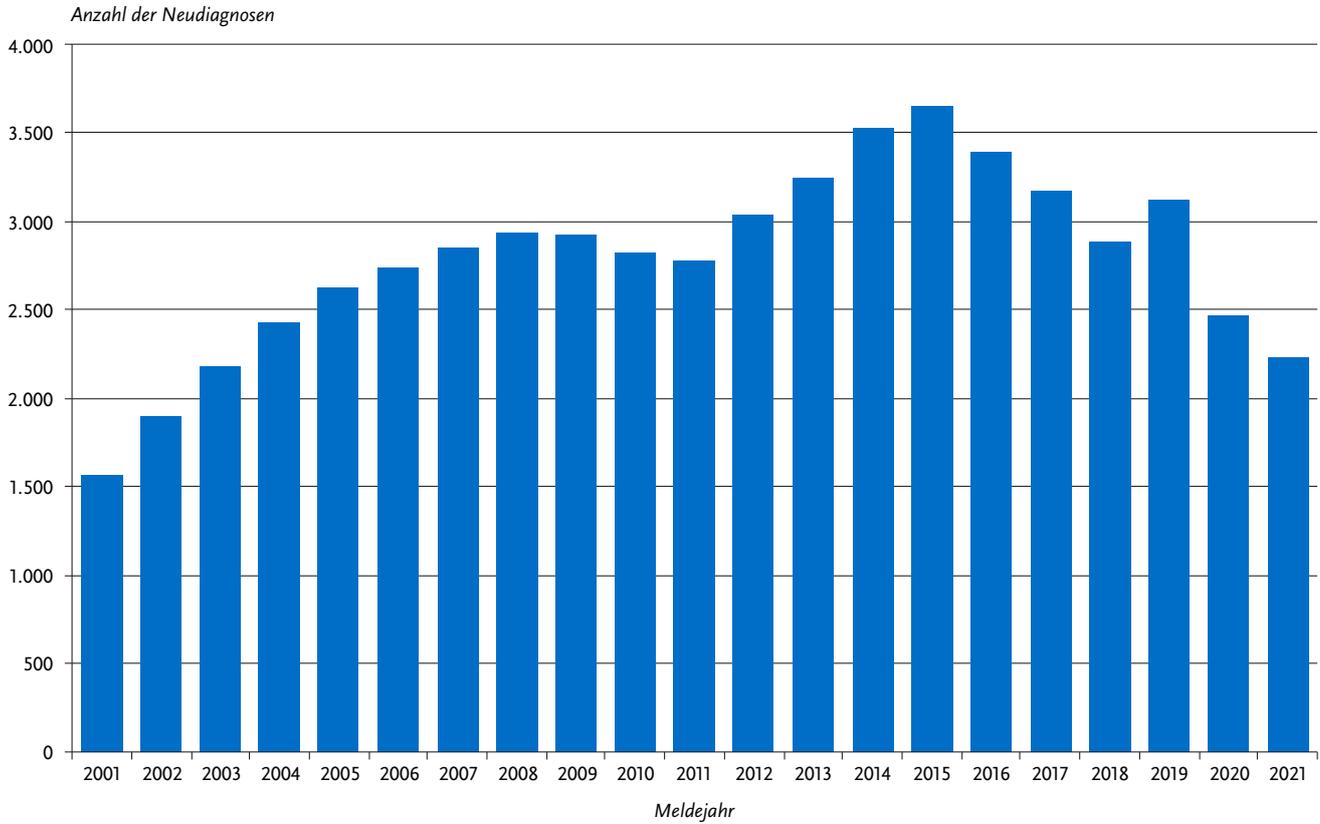


Abb. 6.28.2:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=2.234) im Vergleich mit den Vorjahren

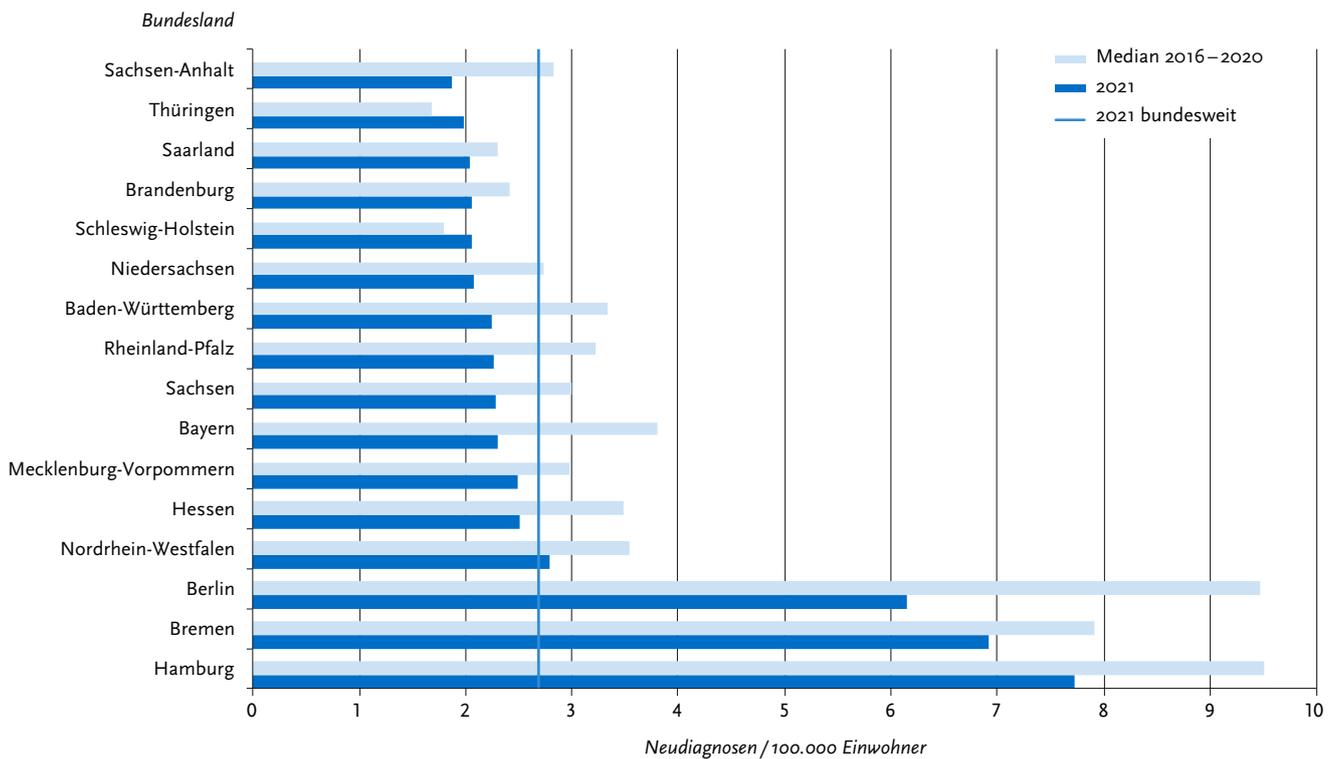
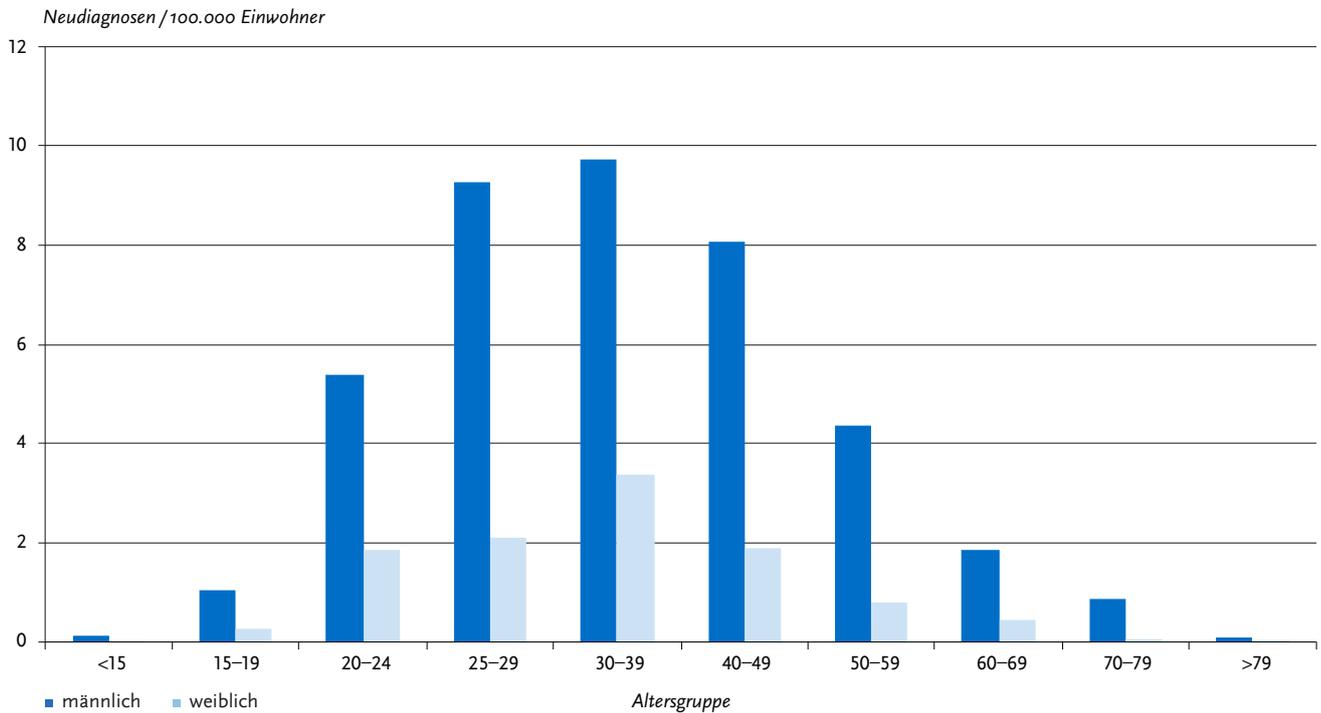


Abb. 6.28.4:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=2.214)



einem Infektionsland außerhalb Deutschlands reduzierte sich entsprechend auf 26%. Der Anteil der Neudiagnosen mit unbekanntem Infektionsland ging von 26 auf 23% zurück.

Für 344 von 381 (91%) der im Jahr 2021 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 36% aus Subsahara-Afrika, 18% aus West- oder Zentraleuropa, 17% aus Osteuropa oder Zentralasien, 12% aus Lateinamerika oder der Karibik, 10% aus der Region Asien/Pazifik, und 6% aus dem Nahen Osten und Nordafrika. Von den 218 im Jahr 2021 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nichtdeutscher Herkunft stammten 44% aus West- oder Zentraleuropa, 11% aus Osteuropa oder Zentralasien, 10% aus Subsahara-Afrika, 12% aus Asien/Pazifik, 11% aus Lateinamerika oder der Karibik und 11% aus Nordafrika oder dem Nahen Osten.

Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für 1.553 der 2.234 HIV-Neudiagnosen (70%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Neudiagnosen mit Angaben hatten sich 63% (983) wahrscheinlich über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 28% (440) über heterosexuelle Kontakte und 8% (118) bei i. v.-Drogenkonsum. Bei 1% (11) der Neudiagnosen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren. Drei dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Für 944 (79%) der 1.197 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, lagen Angaben zum Infektionsweg vor. Von diesen wurden 750 (79%) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 123 (13%) wurden heterosexuelle Kontakte und bei 68 (7%) i. v.-Drogenkonsum als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (742) wieder ganz leicht angestiegen, die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden, ist weiter zurückgegangen (Vorjahr 141), die Zahl der Infektionen durch i. v.-Drogengebrauch ist deutlich gesunken (Vorjahr 107).

Unter den 1.197 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 218 Personen, die nicht aus Deutschland stammen. Davon hatten sich wahrscheinlich 152 (70%) über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 24 (11%) über heterosexuelle Kontakte und 12 (6%) bei i. v.-Drogenkonsum mit HIV infiziert. Bei 13% 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 2021 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=344) fehlten bei 66 (19%) der Neudiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 170 (49%) wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 82 (24%) durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern und 19 (6%) bei i. v.-Drogenkonsum.

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 2.234 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 2.234 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen ging in den Jahren 2020 deutlich und 2021 abgeschwächt zurück. Wahrscheinlich haben die COVID-19-Pandemie und die zunehmende Verwendung der HIV-Präexpositionsprophylaxe (HIV-PrEP) vor allem bei MSM zu diesem Rückgang beigetragen. Verschiedene Faktoren dürften dabei eine Rolle gespielt haben:

1. ein Rückgang der Zahl der Sexualpartner, insbesondere während des ersten Lockdowns im April/Mai 2020. Wie sich das Sexualverhalten im weiteren Verlauf der Jahre 2020 – 2021 entwickelt hat, ist aber derzeit weitgehend unklar, vermutlich hat sich die Zahl der Sexualpartner aber im Jahr 2021 wieder weitgehend dem Vor-Pandemieniveau angeglichen.
2. ein Rückgang von Testangeboten und Testnachfrage vor allem im Jahr 2020 und eine Wiederannäherung an den vorherigen Zustand im Laufe des Jahres 2021. Derzeit liegen allerdings noch keine Zahlen zu den in den Jahren 2020 und 2021 durchgeführten HIV-Testen vor, um diese Annahmen zu belegen.
3. ein Rückgang der Mobilität sowohl zwischen verschiedenen Ländern als auch innerhalb Deutschlands. Dies dürfte vor allem zu einem Rückgang von durch Migration und Tourismus importierten Infektionen geführt haben.

Für einen Einfluss vermehrter PrEP-Nutzung auf die Zahl von HIV-Neudiagnosen sprechen Unterschiede bei der Entwicklung der Zahlen in Großstädten, in denen die PrEP seit 2019 in steigendem Umfang als Präventionsmöglichkeit von MSM genutzt wird, und in mehr ländlich geprägten Regionen, in denen ein Zugang zur PrEP mit größeren Hürden verknüpft ist. Dabei zeigen sich durchaus Unterschiede im Ausmaß des Inzidenzrückgangs in verschiedenen Großstädten.

Bei Menschen, die sich auf heterosexuellem Wege mit HIV infizieren, wird die Entwicklung der Neudiagnosen in den letzten Jahren vor allem durch die Pandemie-assoziiert verminderte internationale Mobilität und verringerte Migration nach Deutschland beeinflusst. Verminderte Zuwanderung aus dem Ausland scheint auch zu einem Rückgang der auf heterosexuellem Wege erworbenen HIV-Infektionen im Inland beizutragen.

Die seit 2013 zu beobachtende Zunahme von HIV-Neudiagnosen bei intravenös Drogen konsumierenden Personen scheint in den beiden Pandemie-jahren 2020 und 2021 gebrochen worden zu sein. Die davor entstandenen lokalen Infek-

tionscluster scheinen sich weitgehend aufgelöst zu haben. Es ist aber unklar, inwieweit diese positive Entwicklung bei den Neudiagnosen eventuell durch ein vermindertes Testangebot oder verminderte Wahrnehmung von Testung beeinflusst wird.

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, et al.: *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 2021: 54
- ▶ Etwa ein Fünftel der Erkrankungen vermutlich im Ausland erworben
- ▶ 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) außer den 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 2021 wurden 54 HUS-Erkrankungen übermittelt. Dies liegt unter der Fallzahl des Vorjahres ($n=60$) und auch unter dem Median der Jahre 2016 bis 2020 ($n=71$). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen ($n=32$; 59 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.29.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,06 (2020: 0,07) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen wurden in Hamburg (3 Fälle; 0,16 Erkr./100.000 Einw.), Bayern

(15 Fälle; 0,11) und Niedersachsen (8 Fälle; 0,10) verzeichnet. Aus Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland und Thüringen wurden keine Fälle übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne Fälle gleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 43 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 34-mal genannt (74 % der Nennungen; 2020: 89 %). Je zweimal wurden Österreich, Kosovo, Kroatien und Ägypten genannt, je einmal Italien, Montenegro, die Niederlande und die Türkei.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 1,0 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 38 (70 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 13 HUS-Erkrankungen (24 %, Inzidenz 0,4 Erkr./100.000 Einw.) bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 3 HUS-Erkrankungen (6 %; Inzidenz < 0,1 Erkr./100.000 Einw.) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Das Geschlechterverhältnis war mit Inzidenzen von 0,07 bei männlichen und 0,06 bei weiblichen Personen nahezu ausgeglichen (s. Abb. 6.29.2).

Nachgewiesene Erreger

Bei 43 Erkrankungen (80 %; 2020: 82 %) lag ein vollständiger laboridiagnostischer Nachweis einer EHEC-Infektion vor. Bei 19 Erkrankungen (35 %; 2020: 40 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Wie im Vorjahr wurde die Serogruppe O157 am häufigsten angegeben (13-mal). Je zweimal wurden die Serogruppen O26 und »Ont« (O-Antigen nicht typisierbar), je einmal O111 und O145 angegeben.

Klinische Aspekte

Es wurden 2 HUS-bedingte Todesfälle übermittelt. Es handelte sich um 2 Kinder im Alter von 3 und 4 Jahren. Bei beiden Fällen wurden stx2-positive EHEC mittels PCR nachgewiesen, aber die Serogruppe konnte nicht ermittelt werden.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 2 Ausbrüche mit 3 bzw. 2 Erkrankungen übermittelt. Die Ausbrüche umfassten jeweils einen HUS-Fall und ein bzw. 2 Fälle mit EHEC-Enteritis. Der Ausbruch mit 3 Fällen betraf Kinder, die einen Streichelzoo mit Ziegen, Schafen und Wild besucht hatten. Der andere Ausbruch ereignete sich in einem privaten Haushalt mit vermuteter Übertragung durch Schmierinfektion.

Tab. 6.29.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	10	17 %	13	24 %
klinisch-epidemiologisch (B)	1	2 %	0	0 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	49	82 %	42	76 %
alle	60	100 %	55	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	60	100 %	54	98 %

Abb. 6.29.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021

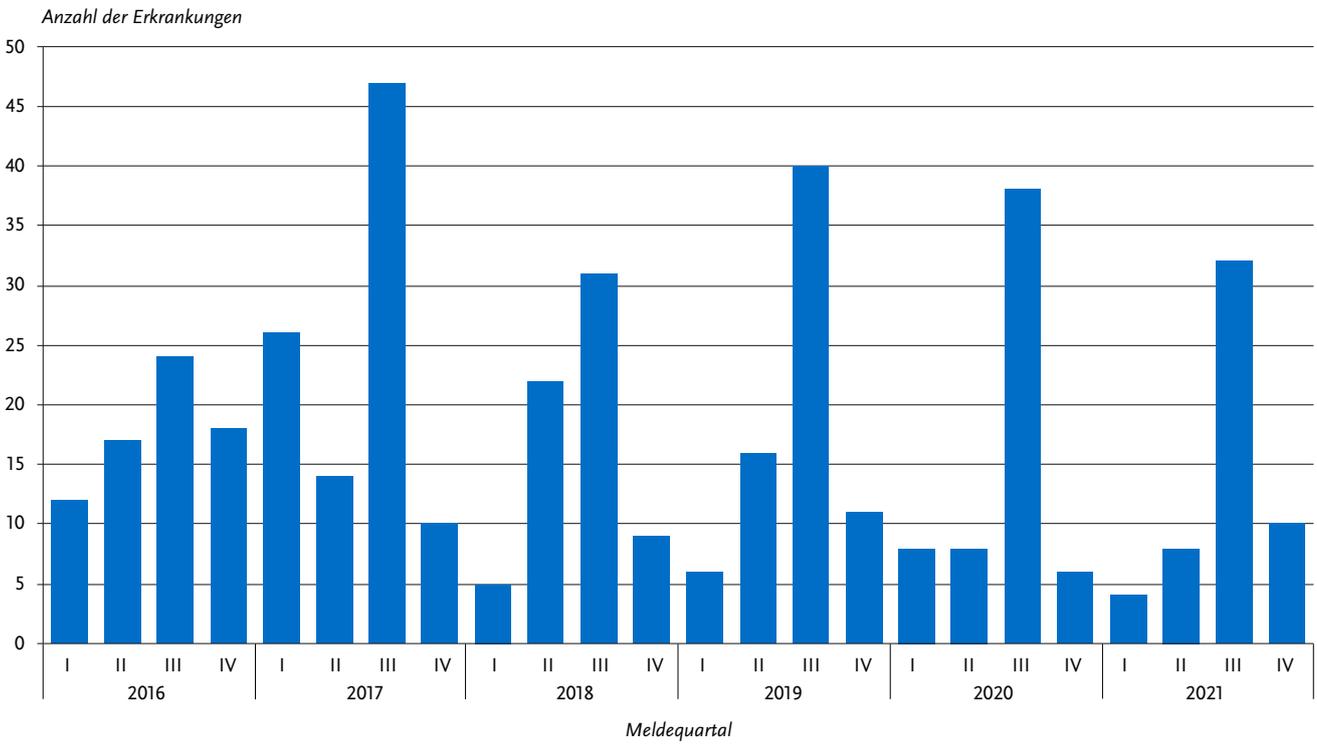
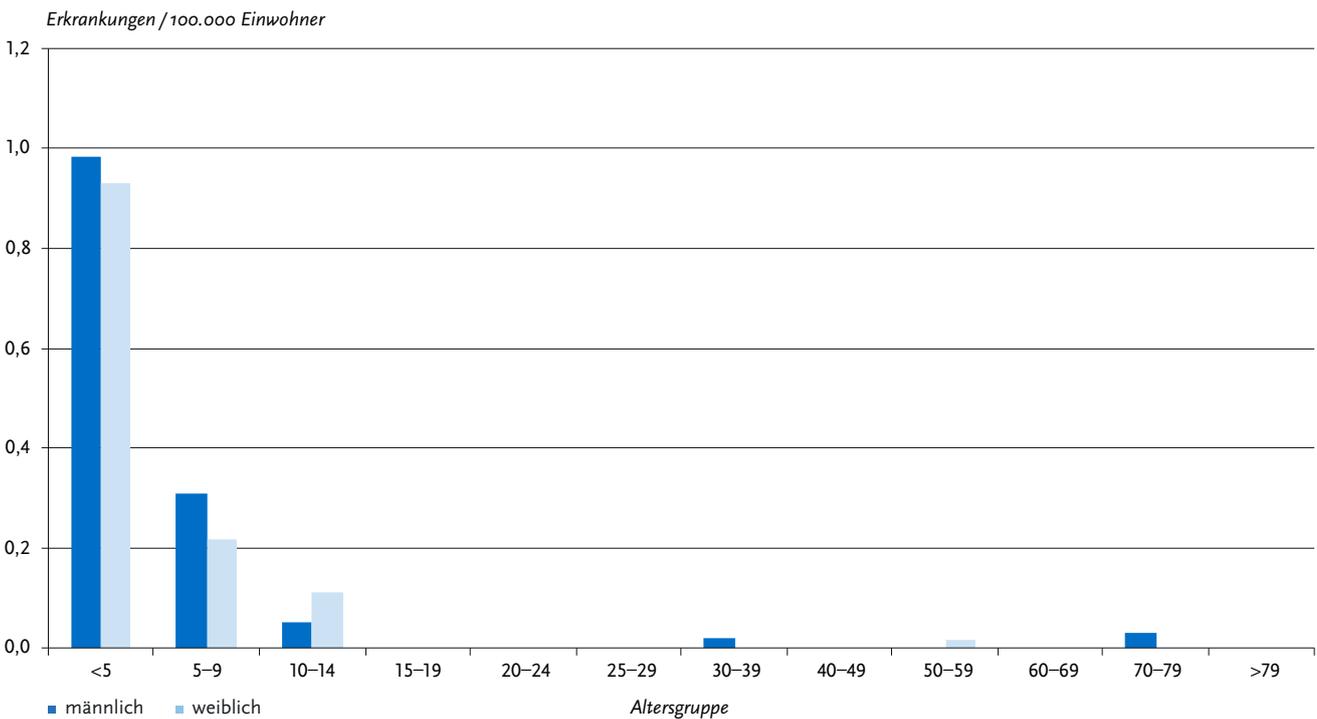


Abb. 6.29.2:
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=54)



Datenqualität

Seit 2003 werden Erkrankungen an enteropathischem HUS getrennt von EHEC übermittelt und ausgewertet. Seit dem Jahr 2006 werden übermittelte Häufungen, die mindestens eine HUS-Erkrankung enthalten, in dieser Übermittlungskategorie aufgeführt. Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labor diagnostischer Untersuchungen abhängig. Die kulturelle Isolierung von EHEC ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt die Diagnostik überwiegend durch Nachweis der Shiga-toxin-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 2021 wurden 54 HUS-Erkrankungen, geringfügig weniger als im Jahr 2020 (60 Fälle) übermittelt. Dabei stieg die Zahl der Fälle mit Angabe eines ausländischen Infektionslandes von 5 im Jahr 2020 auf 11 im Jahr 2021, vermutlich infolge wieder zunehmender Reiseaktivitäten in Europa und Nordafrika im zweiten Jahr der COVID-19-Pandemie.

Der Anteil der Fälle mit Angabe eines labor diagnostischen Nachweises einer EHEC-Infektion war mit 80 % etwa gleich hoch wie 2020. Allerdings verringerte sich der Anteil der Erkrankungen mit Übermittlung der Serogruppe von 40 % im Jahr 2020 auf nur noch 35 %. In Einzelfällen wurden Serogruppen 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 (in Überarbeitung). <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/anmeldung/1/1/166-002.html>

Pörtner K, Fruth A, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Mellmann A, Falkenhorst G: Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiedertzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion. *Epid Bull* 2019; 47:506–509. <https://doi.org/10.25646/6414>

6.30 Influenza**Saisonale Influenza**

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: I.124
- ▶ Dominantes Virus: aufgrund geringer Influenza-Zirkulation wird für das Jahr 2021 kein dominant zirkulierender Subtyp bestimmt
- ▶ Keine messbare Grippewelle
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kleinkindern bis 4 Jahren
- ▶ Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 18 Ausbrüche mit 46 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 2021 wurden von den Gesundheitsämtern I.124 Influenza-Fälle übermittelt, welche alle 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 Falldefinitionskategorien D und E (und damit auf alle labor diagnostisch 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 2021 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

Zeitlicher Verlauf

Für die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs der Influenza wird die Influenza-Saison von einer Influenza-Welle unterschieden. In das Jahr 2021 fallen das Ende der Saison 2020/21 und der Beginn der Saison 2021/22. Die Influenzasaison 2020/21 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2020 und endete mit der 39. MW 2021. In der Saison 2020/21 baute sich weder in Deutschland noch in den anderen europäischen Staaten eine auf Bevölkerungsebene messbare Grippewelle auf (s. Abb. 6.30.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Fälle für das Jahr 2021 betrug 1,4 Infektionen pro

100.000 Einwohner und damit weniger als ein Hundertstel des Vorjahres (234).

Von der 40. MW 2021 an wurden 651 Influenza-Fälle an das RKI übermittelt, die zur Grippesaison 2021/22 gerechnet werden.

Demografische Verteilung

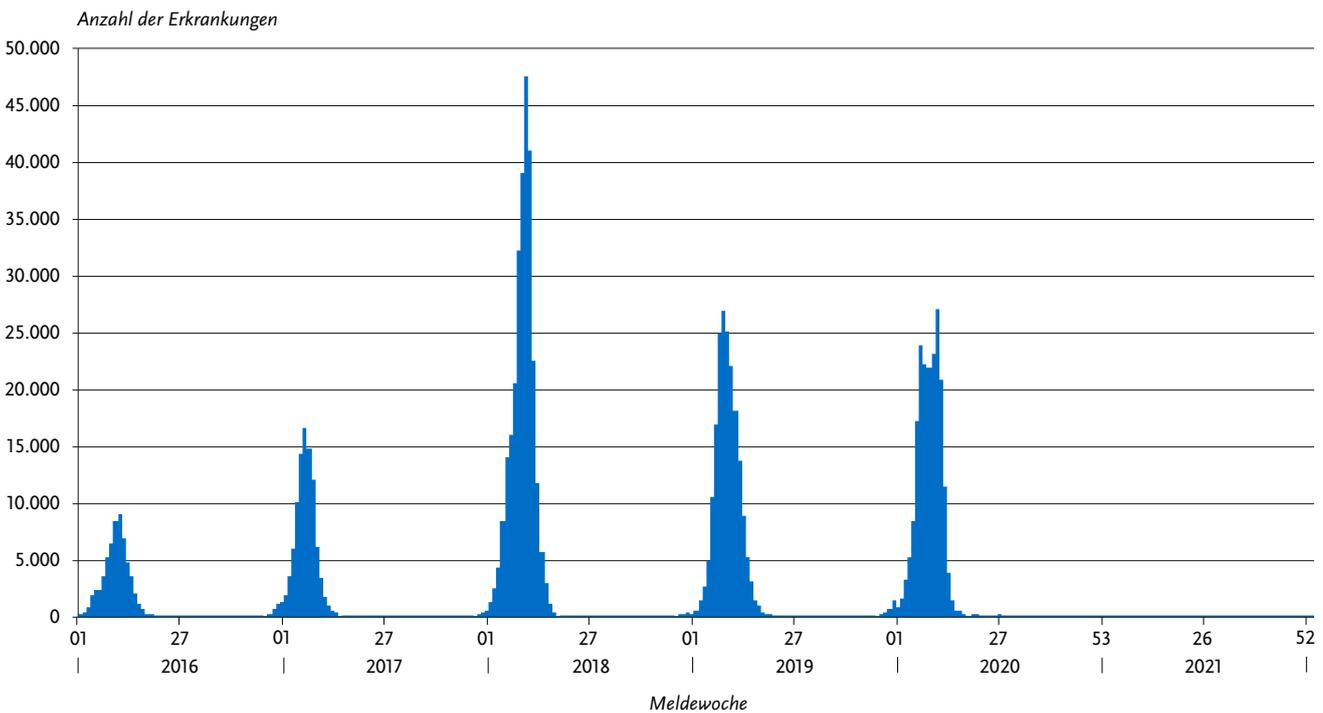
Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Infektionen 2021 zeigte wie in den Vorjahren einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (insgesamt 4,3 Fälle/100.000 Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel sowohl bei Jungen (4,7/100.000) als auch bei Mädchen (3,8/100.000) im Alter von 0 bis 4 Jahren, wobei er bei Jungen im Alter von unter einem Jahr (7,3/100.000) und bei Mädchen im Alter von einem Jahr (5,0/100.000) am höchsten war (s. Abb. 6.30.2). 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 in allen Altersgruppen die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen, mit Ausnahme nur der 15- bis 19-Jährigen sowie 25- bis 29-Jährigen (vgl. Abb. 6.30.2). Der Altersmedian aller übermittelten Influenza-Fälle des Jahres 2021 lag bei 33 Jahren und war damit vergleichbar mit dem des Vorjahres (31 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

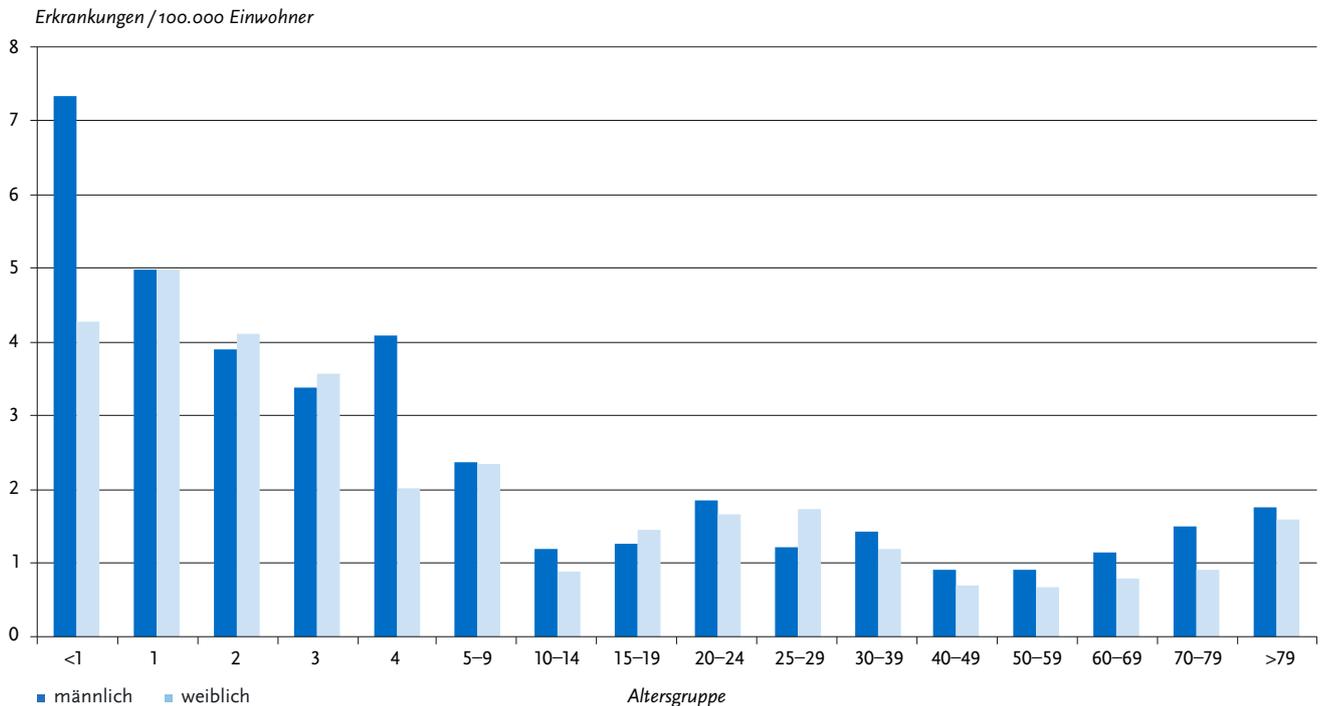
Abb. 6.30.1: Übermittelte Influenza-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2016 bis 2021



Tab. 6.30.1: Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	7.682	4 %	6	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	137.652	71 %	779	69 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5.512	3 %	102	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	43.997	23 %	237	21 %
alle	194.843	100 %	1.124	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	194.843	100 %	1.124	100 %

Abb. 6.30.z: Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.117)



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 1.124 übermittelten Fällen des Meldejahres 2021 wurde der Erreger bei 1.088 Fällen näher charakterisiert. Darunter fielen 308 in den Zeitraum der 1. bis 22. Meldewochen 2021 und damit in den Zeitraum der Saison 2020/21, in dem sonst üblicherweise eine Influenzawelle stattfand. Unter diesen Fällen wurde für 136 Fälle (44%) eine Infektion mit Influenza A und für 135 Fälle (44%) eine Infektion mit Influenza B angegeben. Ein geringer Anteil der Fälle (n=37; 12%) wurde als »Influenza A/B, nicht näher differenziert« übermittelt. Bei 6 der übermittelten Influenza-A-Infektionen der Saison 2020/21 war der Subtyp bekannt: 4 Fälle mit Influenza A(H1N1)pdm09 und 2 Fälle mit Influenza A(H3N2). Aufgrund der besseren Verfügbarkeit von Multiplex-PCR-Tests für Influenza A(H1N1)pdm09 als für Influenza A(H3N2) als Folge der Influenzapandemie 2009 entspricht die Verteilung der Subtypen in den Meldedaten nicht unbedingt dem Bild der in der Bevölkerung zirkulierenden Influenza-Subtypen. Im Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) wurden für die Saison 2020/21 ebenfalls kaum Influenza-Viren nachgewiesen, sodass insgesamt keine Bestimmung eines dominierenden Subtyps erfolgt.

Klinische Aspekte

Im Jahr 2021 war der Anteil von Hospitalisierten an allen Fällen mit einer Angabe zum Hospitalisierungsstatus (856) mit 43% wesentlich höher als im Vorjahr (21%). Zudem waren im Gegensatz zu den Vorjahren in allen Altersgruppen höhere Hospitalisierungsquoten zu beobachten. Besonders betroffen

waren jedoch wie in den Vorjahren Kinder unter 5 Jahren (49%), Erwachsene zwischen 60 und 69 Jahren (57%) und Erwachsene ab 69 Jahren (78%).

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 verliefen. 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 Patienten in den letzten Jahren labordiagnostisch verstärkt auf Influenzaviren untersucht zu werden (s. a. Abschnitt Datenqualität). Darüber hinaus kann für das Jahr 2021 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 mehr stationäre Fälle erkannt wurden.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2021 wurden insgesamt 13 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt und damit wesentlich weniger als im Vorjahr (564). Von den übermittelten Todesfällen wurden 8 (62%) mit einem Todeszeitpunkt zwischen der 1. bis 22. MW 2021 übermittelt.

Unter den 13 Fällen des Jahres 2021 wurde für 7 Fälle angegeben, dass die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe. In dieser Gruppe lag der Altersmedian der Verstorbenen bei 84 Jahren und damit ähnlich zum Vorjahr (80 Jahre).

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 1. 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 2020/21 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- ▶ A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für Ei-basierte Impfstoffe und A/Hawaii/70/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe;
- ▶ A/Hong Kong/45/2019 (H3N2)-ähnliches Virus;
- ▶ B/Washington/02/2019-ähnliches Virus der B/Victoria-Linie;
- ▶ B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus der B/Yamagata-Linie.

Von den insgesamt 1.124 für das Jahr 2021 übermittelten Influenza-Fällen fielen 314 in die 1. – 22. MW 2021. Hiervon waren 174 Fällen labordiagnostisch bestätigt und hatten einen bekannten Erkrankungsbeginn in diesem Zeitraum. Hiervon lag bei 109 Fällen (63%) eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 91 (83%) als nicht geimpft und 18 (17%) als geimpft übermittelt.

Aufgrund der sehr geringen Fallzahlen und der unklaren Testkriterien für Influenza während der COVID-19 Pandemie wird für 2021 auf eine detailliertere Bewertung der übermittelten Fälle nach Impfstatus verzichtet.

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 2021 wurden 18 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 46 Fällen übermittelt. Die Mehrzahl der Ausbrüche (14) wurden ab MW 40 übermittelt und werden somit der Saison 2021/22 zugeordnet. Im Median waren über alle Ausbrüche des Jahres 2021 pro Ausbruch zwei Fälle beteiligt. Mit Ausnahme zweier größerer Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen waren pro Ausbruch höchstens 3 Fälle betroffen. Von den übermittelten Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet wurden, war für 42 Fälle das Alter bekannt; die Spanne reichte von 0 bis 85 Jahren. Der Altersmedian lag bei 19 Jahren und damit deutlich unter dem Altersmedian aller Fälle (33 Jahre, s.o.). Insgesamt 43% aller Ausbruchsfälle (n = 18) waren 0 bis 17 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 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 2 (5%) der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt. Einer der beiden Fälle wurde hospitalisiert. Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2021 in allen Altersgruppen weniger Ausbruchsfälle übermittelt.

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 2020/21 konnte keine Grippewelle in Deutschland nachgewiesen werden. Dies wird unter anderem auf die nationalen und internationalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie sowie das veränderte Reise- und Kontaktverhalten zurückgeführt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2020/21 deuten auf eine außergewöhnlich niedrige Influenza-Aktivität hin. Weder in Deutschland noch in den anderen europäischen Staaten konnte eine auf Bevölkerungsebene messbare Grippewelle nachgewiesen werden. Dies wird unter anderem auf die nationalen und internationalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt, die auch eine Übertragung anderer respiratorisch übertragbarer Erreger verhindert haben könnten.

Der Erkrankungsgipfel lag im beobachteten Zeitraum erneut bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 bis 4

Jahren und wie zuvor waren vornehmlich männliche Fälle betroffen. In der Saison 2020/21 wurden neben Influenza-A-Viren auch Influenza-B-Viren nachgewiesen. Eine Schätzung des dominanten Typs wird aufgrund der geringen Influenza-zirkulation nicht vorgenommen. Im Vergleich zur Vorjahres-saison wurde ein höherer Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenza-Erkrankungen verzeichnet (33 % vs. 21 %). Dies wird vor allem auf die durch die COVID-19-Pandemie eingeführte sensitive Teststrategie auf akute Atemwegserreger – insbesondere im stationären Bereich – zurückgeführt. Der Anteil an hospitalisierten Fällen war in den Altersgruppen 0 bis 4 Jahre und bei Erwachsenen ab 60 Jahre am höchsten.

Insgesamt wurden 13 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, der Altersmedian lag bei 84 Jahren. Eine detaillierte Bewertung der übermittelten Fälle nach Impfstatus wird aufgrund der geringen Fallzahlen und der unklaren Teststrategie auf Influenza für die Saison 2020/21 nicht vorgenommen.

Literaturhinweise

- Buda S, Dürrwald R, Biere B, et al.: *Influenza-Monatsbericht KW 37–39/2021*. <https://doi.org/10.25646/9031>
- WHO: *Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2020–2021 northern hemisphere influenza season* (28 February 2020). <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2020-2021-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>
- STIKO: *Bestätigung der aktuellen Empfehlungen zur saisonalen Influenzaimpfung für die Influenzasaison 2020/21 in Anbetracht der Auswirkungen der COVID-19-Pandemie*. *Epid Bull* 2020; 32/33:28–30. <https://doi.org/10.25646/7040>
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die geänderte Empfehlung zur Anwendung von Influenza-Impfstoffen bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 2–17 Jahren*. *Epid Bull* 2017; 35:384–385. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-046>
- 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) und A(H7N4) identifiziert worden. In Russland wurden im Jahr 2021 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H5N8) weltweit erstmals berichtet. Zoonotische Übertragungen von porcinen Influenzaviren auf den Menschen sind in verschiedenen Ländern identifiziert worden. Im Jahr 2021 wurde in Deutschland eine humane Infektion mit einem porcinen Influenzavirus als Influenza-A(H1N1) -Fall identifiziert.

Aviäre Influenza A(H5N1)

Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel) hochpathogenen 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.

Im Jahr 2021 wurden aus Indien und dem Vereinigten Königreich jeweils ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H5N1) an die WHO berichtet. Die WHO bestätigte, dass seit 2003 bei 864 Personen aus 19 Ländern aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen wurde und davon 53 % (456 Fälle) verstarben (Datenstand: 07.04.2022).

Aviäre Influenza A(H7N9)

Im April 2013 wurde in China bei Geflügel sowie in Umgebungsproben von Geflügelmärkten ein neues aviäres (für Geflügel niedrigpathogenes) 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 hochpathogenen Influenza-A(H7N9)-Viren wurden bisher nicht gezeigt. Das Risiko einer Übertragung zwischen Menschen wird als gering bewertet.

Im Jahr 2021 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: 06.04.2022).

Aviäre Influenza A(H5N6)

Im Jahr 2021 wurden von China 25 humane Fälle und von Laos ein humaner Fall mit (für Geflügel hoch pathogener) Influenza A(H5N6) gemeldet (Datenstand: 29.11.2021). Seit 2014 wurden insgesamt 78 humane Fälle identifiziert, darunter 32 (41 %) Todesfälle (Datenstand: 22.04.2022).

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 2021 wurden von China 25 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H9N2) gemeldet. Seit Dezember 2015

wurden insgesamt 75 humane Fälle an die WHO berichtet (Datenstand: 22.04.2022).

Aviäre Influenza A(H5N8)

Im Jahr 2021 wurden von Russland 7 humane Fälle mit (für Geflügel hochpathogener) Influenza A(H5N8) gemeldet. Sie waren im Jahr 2020 infiziert worden. Dies ist weltweit der erste gemeldete Nachweis von humanen Fällen mit Infektion durch diesen Subtyp der aviären Influenza.

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 Patienten hatten Kontakt zu Schweinen.

Im Jahr 2021 wurden 9 Influenza-A(H1N1)v-Fälle in China, 7 A(H1N1)v-Fälle in den USA und jeweils ein A(H1N1)v-Fall in den Niederlanden, in Dänemark, Kanada und Deutschland berichtet. Vier Influenza-A(H1N2)v-Fälle in den USA, 2 A(H1N2)v-Fälle in Kanada und jeweils ein A(H1N2)v-Fall in Frankreich und Österreich wurden berichtet. Drei Influenza-A(H3N2)v-Fälle in den USA und ein A(H3N2)v-Fall in Australia wurden berichtet (Datenstand: 21.01.2022).

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 (1C.2.1 H1N1) wurde vom Nationalen Referenzzentrum für Influenza bestätigt, als zoonotische Influenza an das RKI übermittelt und im Mai 2021 gemäß IGV der WHO gemeldet. Die Infektion wurde bei einem Jugendlichen aus Mecklenburg-Vorpommern festgestellt. Er hatte einige Tage vor Krankheitsbeginn in einem landwirtschaftlichen Betrieb mit Schweinehaltung gearbeitet. Der Fall ist von der Erkrankung genesen, es gab keine weiteren Fälle im Umfeld.

Literaturhinweise

- EFSA, ECDC, EURL, et al. (2022): *Scientific report: Avian influenza overview December 2021 – March 2022*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/avian-influenza-overview-december-2021-march-2022>
- WHO (2022): *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface summary and assessment*. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary>
- WHO (2022): *Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003–2022, 7 April 2022*. [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2022-1-april-2022](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2022-1-april-2022)
- WHO Western Pacific Region (2022): *Avian Influenza Weekly Update Number 841*.
- RKI: *Zoonotische Influenza*. <https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html>
- RKI-Ratgeber (2016). *Influenza (Teil 2): Erkrankungen durch zoonotische Influenzaviren* https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Influenza_zoonotisch.html
- FLI (2022): *Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland, Stand 10.01.2022*. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00044031/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5_2022-01-10_bf.pdf

6.31 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 808
- ▶ Abnahme der Erkrankungszahlen um 77% gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kleinkindern und Säuglingen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 67% der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ Vereinzelt Ausbrüche im Jahr 2021

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 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 Ärzte und Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Falldefinition

Von 2.149 im Jahr 2021 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 1.341 (62%) nicht die Referenzdefinition, da Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren (Vorjahr: 51%). Dieser Anteil ist mit 65% (1.206 von 1.863 Erkan-

kungen) in den westlichen Bundesländern und Berlin deutlich höher als in den 5 östlichen Bundesländern mit 47% (135 von 286 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 808 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.31.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 77% noch weiter deutlich ab (2021: 808; 2020: 3.469). Wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie traten die Keuchhusten-Erkrankungen ohne größere saisonale Schwankungen im gesamten Jahresverlauf auf (s. Abb. 6.31.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 4,2 Erkr./100.000 Einw.). Dabei war die Inzidenz in Bayern, Brandenburg, Hamburg, Hessen, Rheinland-Pfalz, im Saarland, Sachsen-Anhalt und Thüringen über oder gleich diesem Wert. In allen anderen Bundesländern lag sie darunter (s. Abb. 6.31.2). Im Vergleich zum jeweiligen Median der jährlichen Inzidenz der 5 Vorjahre nahm die Inzidenz 2021 in allen Bundesländern das zweite Jahr in Folge deutlich ab.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 456 Erkrankungen (56%) vor (457 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (99% der Nennungen).

Tab. 6.31.1: Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	66	1 %	6	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.403	48 %	802	37 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.343	33 %	859	40 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.282	18 %	482	22 %
alle	7.094	100 %	2.149	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.469	49 %	808	38 %

Abb. 6.31.1: Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2021 (n=808) im Vergleich mit den Vorjahren

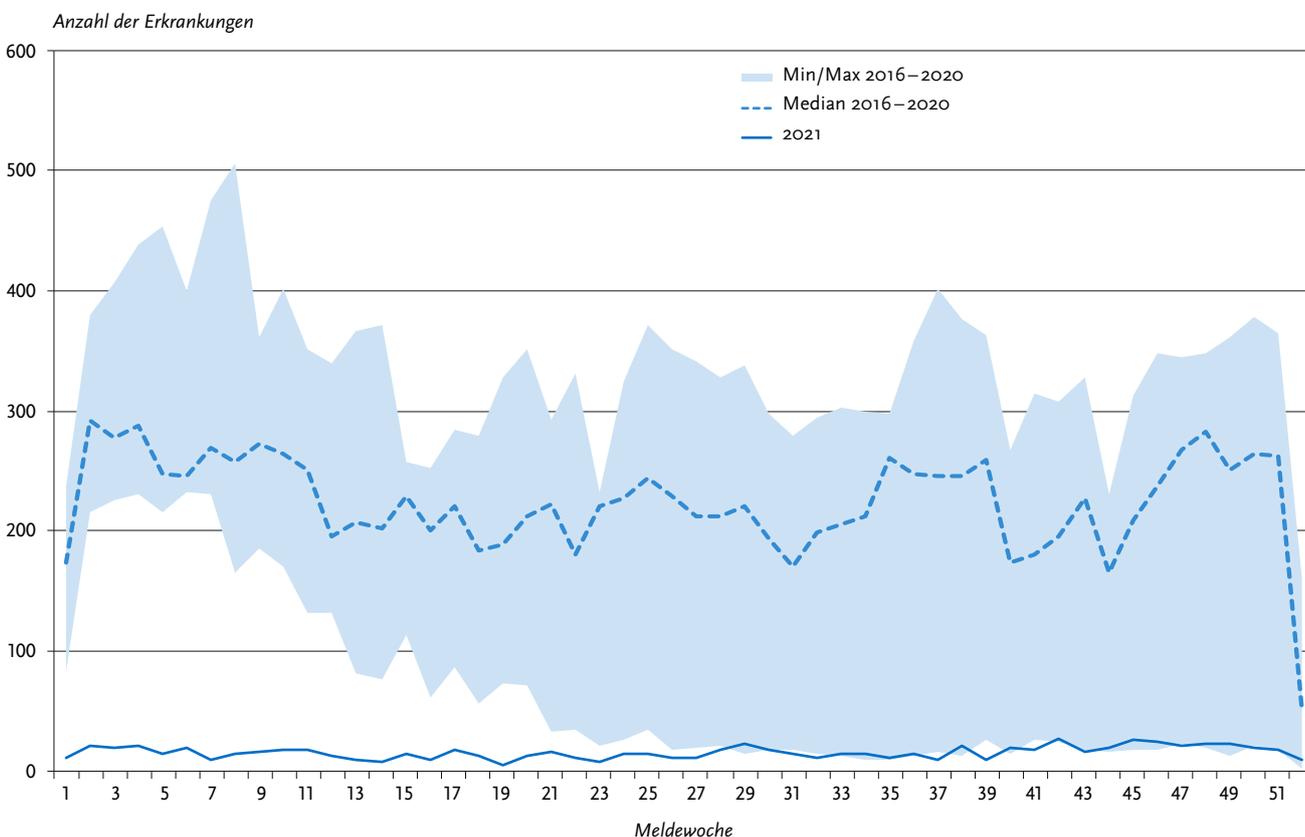
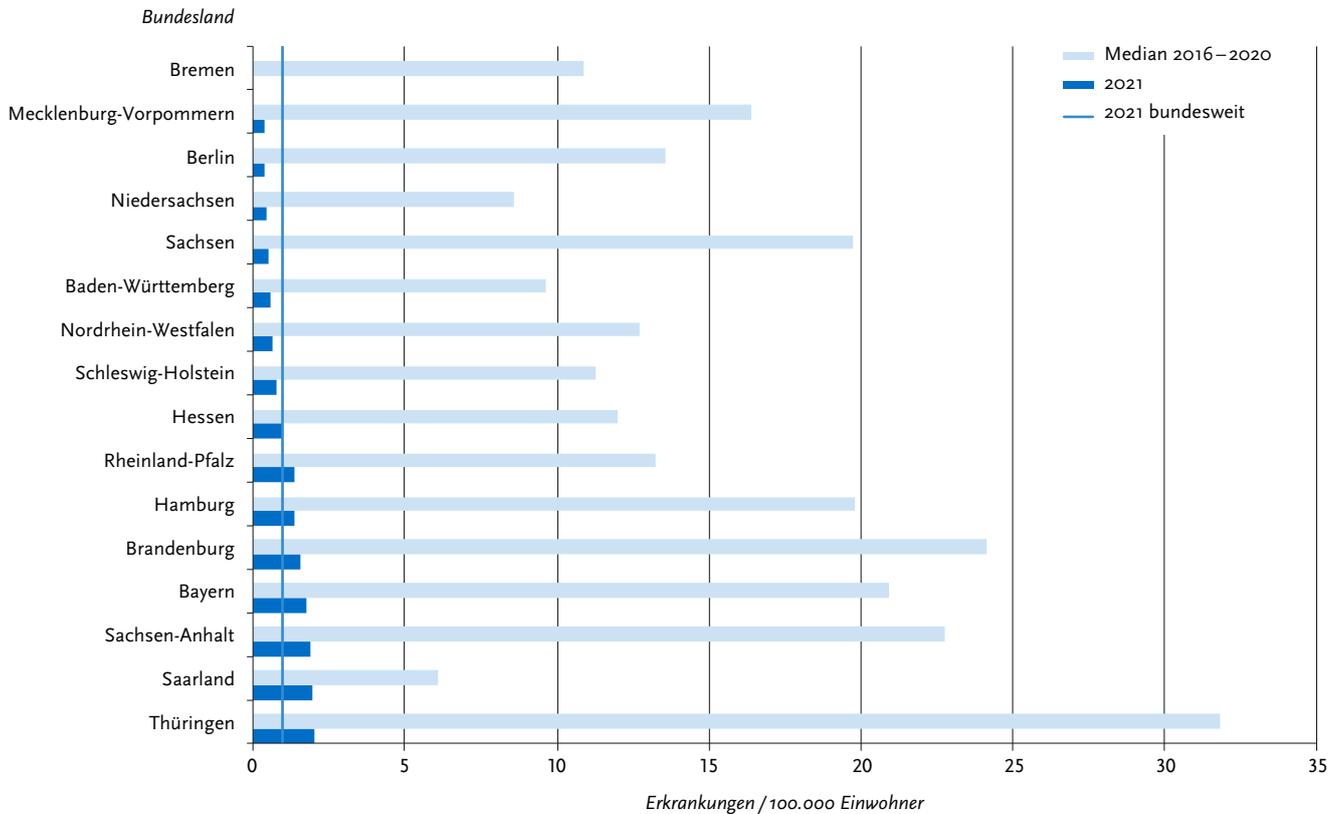


Abb. 6.31.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=808)



Demografische Verteilung

Kinder unter 5 Jahren waren wie in den Vorjahren am stärksten von Keuchhustenerkrankungen betroffen. Die höchsten Inzidenzen traten hierbei mit 2,3 Erkr./100.000 Einw. bei 2-jährigen Kindern auf, gefolgt von Säuglingen unter einem Jahr mit einer Inzidenz von 2,1 (Abb. 6.31.3). Kinder und Jugendliche im Schulalter (5 bis 19 Jahre) zeigten 2021 die geringsten Inzidenzen aller Altersgruppen. In den Altersgruppen ab 20 Jahren lag die Inzidenz zwischen 0,4 und 1,3 Erkr./100.000 Einw.; hier wurden die höchsten Inzidenzen bei Frauen im Alter von 30 bis 49 Jahren verzeichnet.

Insgesamt lag die Inzidenz bei Mädchen und Frauen mit 1,1 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Jungen und Männern (0,8 Erkr./100.000 Einw.). Nur bei 1-, 3-, 4- und 15- bis 19-Jährigen waren männliche Personen etwas stärker betroffen (s. Abb. 6.31.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 751 (93%) der 808 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 92%). Davon waren 95% *B. pertussis* (Vorjahr: 92%) und 5% *B. parapertussis* (Vorjahr: 8%). Damit hat der Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr wieder leicht abgenommen.

Klinische Aspekte

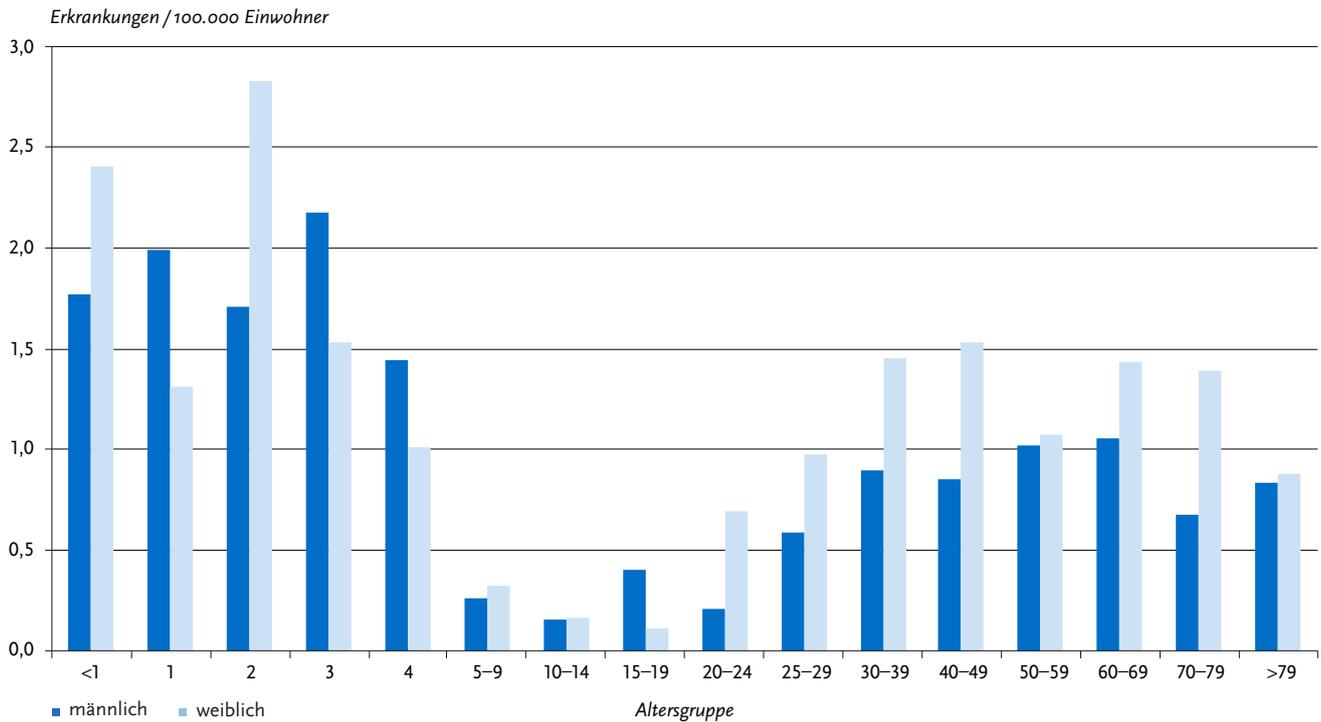
Für 727 Erkrankte (90%) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 49 (7%) im Zusammenhang mit ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 55% (6 von 11) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er bei

18%, bei 15- bis 19-Jährigen bei 13%, ansonsten lag dieser Anteil bei 2- bis 69-Jährigen zwischen 0 und 8%, bei 70- bis 79-Jährigen bei 14% und ab dem Alter von 80 Jahren bei 15%. Apnoen wurden bei 5 (31%) der 16 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Keuchhusten übermittelt.

Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit Mitte 2020 eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 3 Impfdosen 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 Impfdosen 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- und 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 Impfdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes für verschiedene Altersgruppen, wobei der Impfschutz

Abb. 6.31.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=807)



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 (764 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 (44 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungen lag für 576 (75%) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 242 (42%) nicht geimpft und 334 (58%) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfdosen, das Datum des Erkrankungsbeginns oder das Datum der letzten Impfung bzw. das Alter bei der letzten Impfung bei 126 (38%) unvollständig oder nicht plausibel, sodass der Impfstatus nur von 208 (62%) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 450 Erkrankten bewertbar (242 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 208 Erkrankte mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von diesen 450 Fällen hatten 148 (33%) 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 bis Mitte 2020 empfohlene 3+1-Impfschema der STIKO zugrunde gelegt, welches für die im Jahr 2021 erkrankten Säuglinge noch Übergangsweise zutraf.

Ausbrüche

Insgesamt traten 13 der 808 (2%) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 6 Ausbrüchen auf. Alle diese Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankungen. Bei allen 6 Häufungen lag eine Angabe zum Umfeld vor: Diese traten im privaten Haushalt (4 Ausbrüche), in Kindergärten/Horteinrichtungen bzw. am Arbeitsplatz (jeweils 1 Ausbruch) auf. Im Vorjahr waren 105 Ausbrüche mit 297 Erkrankungen übermitteln worden.

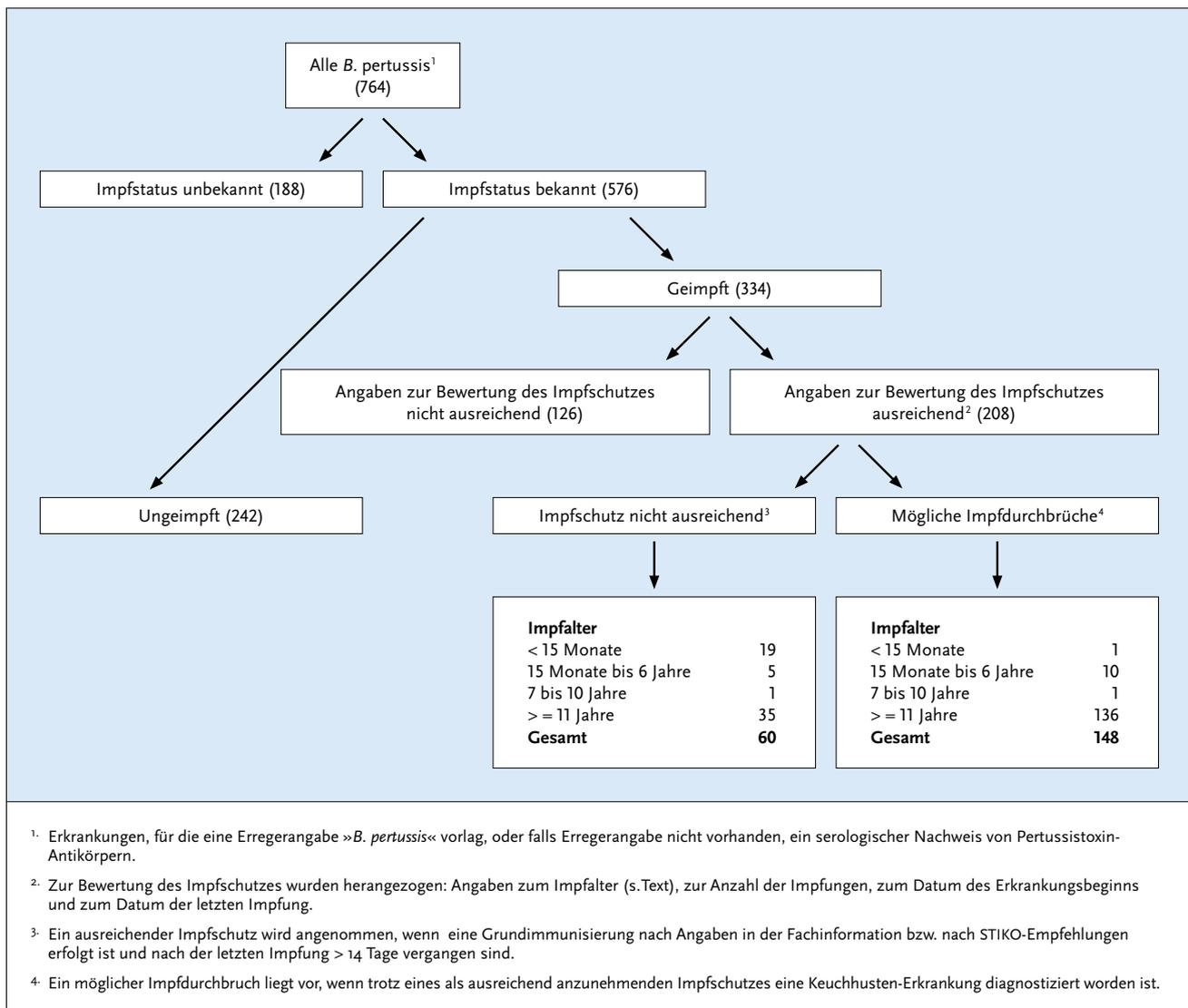
Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, die die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition nicht erfüllten (s. Tab. 6.31.1), liegt mit 62% noch höher als im Vorjahr (51%). Ein möglicher Grund für diesen hohen 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 nicht erfüllten, mit 65% deutlich höher als in den 5 östlichen Bundesländern mit 47%. 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

Tab. 6.31.2:
Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung nach Lebensalter (entsprechend der bis Mitte 2020 geltenden STIKO-Empfehlung)

Alter	< 15 Monate	15 Monate – 6 Jahre	7 – 10 Jahre	≥ 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfdosen	3	≥ 4	≥ 5	≥ 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, 2021 (n=764)



hohen Meldeaufkommens ist die Ermittlung der klinischen Kriterien für die Gesundheitsämter zudem mit hohem Aufwand verbunden, der 2021 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 7% aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; hier besteht 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 38% der als geimpft übermittel-

ten Erkrankungen die Angaben nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen Angaben zum Datum der letzten Impfung und zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Bei 32 (22 %) der 148 Fälle, die als ausreichend geimpft eingestuft wurden, wurde ein einmaliger serologischer Nachweis innerhalb von 12 Monaten nach der Impfung als einziger labordiagnostischer 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 am Gesundheitsamt.

Fazit

Mit 1,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Jahr 2021 ist die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland zum 4. Mal in Folge zurückgegangen. 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-Nasenschutz und die generellen Kontaktbeschränkungen. Zusätzlich wurde bei leichteren Verläufen möglicherweise seltener ein Arzt oder eine Ärztin aufgesucht und damit weniger Diagnosen gestellt. Wenn auch deutlich geringer als im Vorjahr, sind neben Kleinkindern weiterhin Säuglinge (2,1 Erkr./100.000 Säuglinge) besonders stark betroffen: Diese müssen häufig hospitalisiert werden und haben ein hohes Risiko für Komplikationen. Vermutlich führte auch die enorme Arbeitslast der Gesundheitsämter dazu, dass nicht immer vollumfänglich alle klinischen Kriterien ermittelt und erfasst werden konnten und somit fast zwei Drittel (62 %) der übermittelten Fälle zwar labordiagnostisch 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 5 % einen etwas geringeren Anteil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus als im Vorjahr (8 %); dieser Anteil war in den Jahren vor 2020 jeweils angestiegen.

Im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten geht ein hoher Anteil der Fälle auf Impfdurchbrüche bei vollständig Geimpften zurück (33 %). Dies steht 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 (67 %) und hätte daher 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>
- Poethko-Müller C, Kuhnert R, Gillesberg Lassen S, 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.

- Schielke A, Takla A, von Kries R, Wichmann O, Hellenbrand W: *Marked under-reporting of pertussis requiring hospitalization in infants as estimated by capture-recapture methodology, Germany, 2013 – 2015*. Pediatr Infect Dis J 2018; 37:119 – 125.
- Hellenbrand W, Riffelmann M, Holzer A, Wirsing von König CH: *Wie kann die Keuchhustendiagnostik in Deutschland verbessert werden? Ergebnisse eines Labor-Surveys*. Mikrobiologe 2017; 27:19 – 24.
- 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, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2021;49:6 – 29. <https://doi.org/10.25646/9355.2>
- STIKO: *Überprüfung der Impfempfehlung 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>
- Hellenbrand W, Wichmann O, Liese J, et al.: *Drei Jahre bundesweite Keuchhusten-Meldepflicht. Erfahrungsaustausch zwischen ÖGD, Ärzteschaft und beteiligten Laboren zur Identifizierung von Maßnahmen zur Verbesserung der Surveillance*. Epid Bull 2017; 21:187 – 197. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-029>
- RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.32 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 1.508
- ▶ Abnahme der Inzidenz um 18 % im Vergleich zum Median der Jahre 2016 – 2020
- ▶ Anteil der in Deutschland erworbenen Erkrankungen mit 90 % genauso hoch wie im Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- ▶ 13 Ausbrüche mit 30 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 Patienten 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.

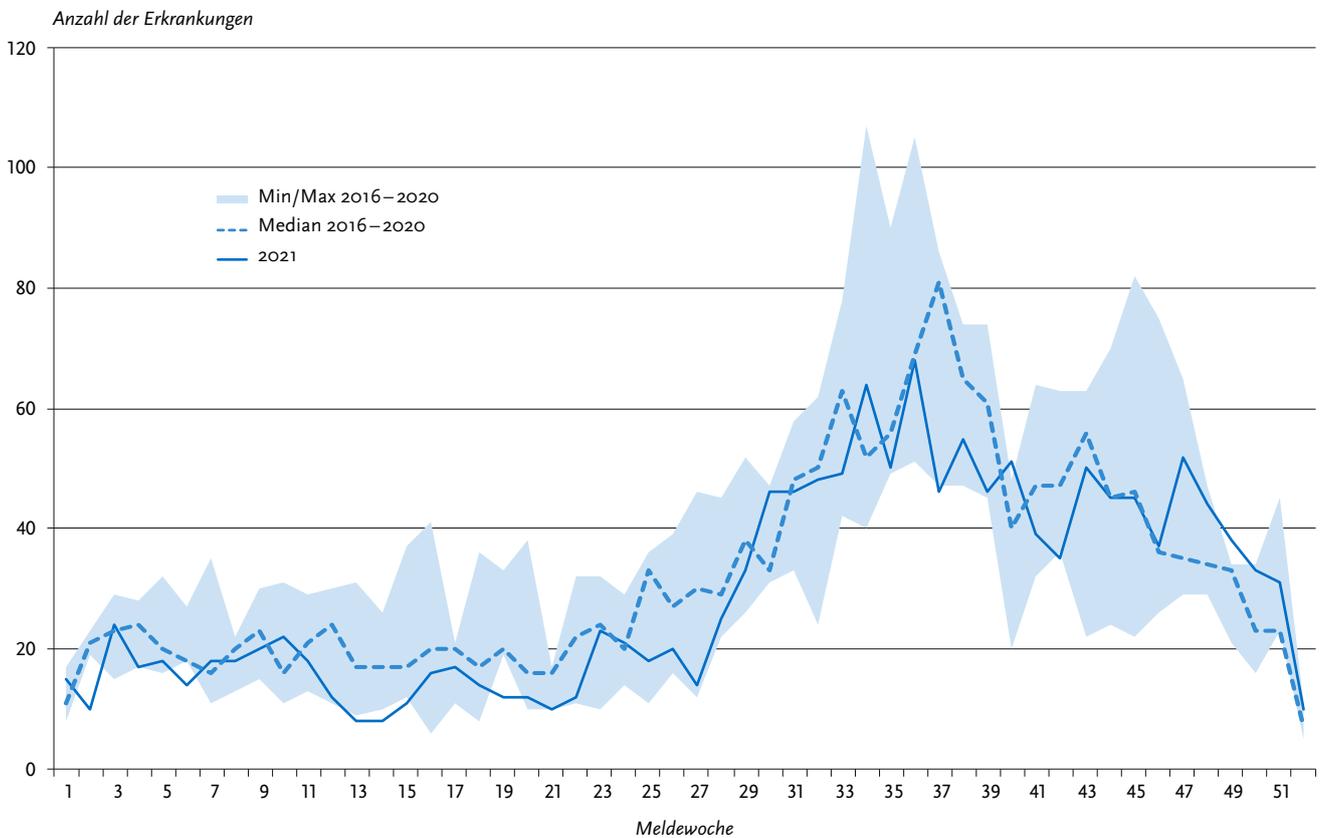
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden insgesamt 1.508 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme um 26 % gegenüber dem Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	15	1 %	6	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.178	81 %	1.502	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	62	4 %	78	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	199	14 %	272	15 %
alle	1.454	100 %	1.858	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.193	82 %	1.508	81 %

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2021 (n=1.508) im Vergleich mit den Vorjahren



der Kryptosporidiose lag bei 1,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (2,2) um 18% niedriger.

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2021 trat die höchste Zahl von Erkrankungen im August und September auf (s. Abb. 6.32.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während das Saarland (0,2 Erkrankungen/100.000 Einwohner) und

Baden-Württemberg (0,7) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (10,7), Sachsen-Anhalt (3,7), Brandenburg (3,4) und Sachsen (3,3) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In 7 Bundesländern lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre. Die größte relative Zunahme wurde in Thüringen (+25%), Mecklenburg-Vorpommern (+20%) und Schleswig-Holstein (+10%) verzeichnet. In den übrigen Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2021 unter dem Median der 5 Vorjahre. Die relative Abnahme war in Hamburg (-67%), im Saarland (-50%) und in Berlin (-44%) am größten. In Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Branden-

burg, Sachsen, Nordrhein-Westfalen und Thüringen lag die Inzidenz im Jahr 2021 über der bundesweiten Inzidenz (1,8 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.32.2).

Bei 978 Erkrankungen (65%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 990 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 90% der Nennungen auf Deutschland (889 Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren die Türkei (17), Italien (15) und Österreich (9).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (6,0 bzw. 7,5 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 52% der Erkrankten waren weiblich (s. Abb. 6.32.3). Bei den 2-Jährigen war die Inzidenz bei Jungen (8,8) um 49% höher als bei Mädchen (5,9). Bei Erwachsenen in den Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen und der 30- bis 39-Jährigen dagegen war die Inzidenz bei Frauen (3,5, bzw. 3,1) deutlich höher als bei Männern (jeweils 2,2).

Klinische Aspekte

Bei allen übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 91% der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 76% der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2021 wurde ein Todesfall mit der Angabe »Grund unbekannt« übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 13 Ausbrüche mit insgesamt 30 Erkrankungen übermittelt (2020: 13 Ausbrüche mit 32 Erkrankungen), das entspricht 2% der übermittelten Kryptosporidiosen. Der größte Ausbruch betraf 4 Erkrankungen. Die übrigen Ausbrüche wurden mit 3 (2 Ausbrüche) oder 2 Erkrankungen (10 Ausbrüche) übermittelt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallsymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer Untererfassung 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 etwa 1.700 und 2.000 Fälle übermittelt worden waren (Median: 1.809), wurden in den Jahren 2020 (1.193) und 2021 (1.508) deutlich weniger Fälle verzeichnet. Zwar wurde 2021 im Vergleich zum Vorjahr eine Zunahme beobachtet, aber die Zahl der Fälle lag immer noch unter dem Median des Vergleichszeitraums. Es ist zu vermuten, dass diese geringere Zahl, zumindest teilweise, mit der COVID-19-Pandemie in Zusammenhang stand. Der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen war 2020 und 2021 deutlich niedriger als in den Vorjahren.

Abb. 6.32.2: Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.508) im Vergleich mit den Vorjahren

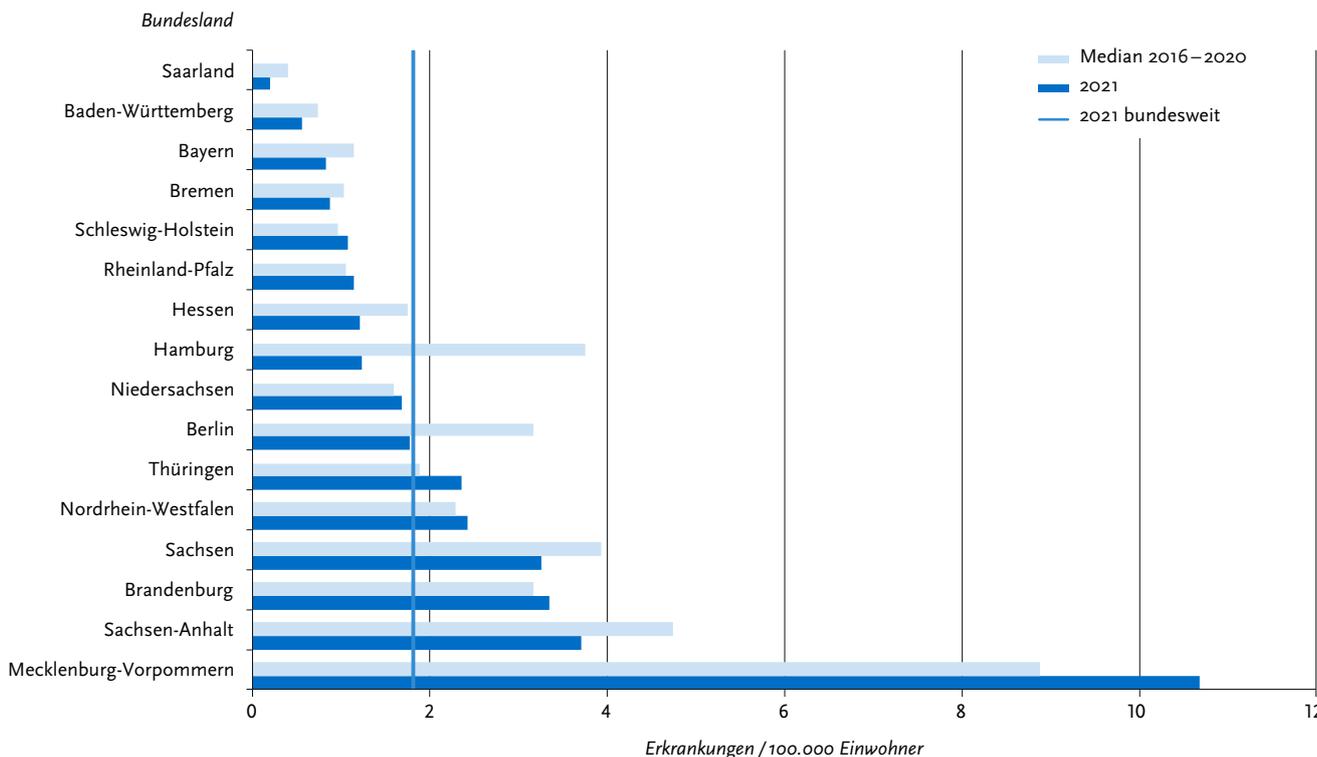
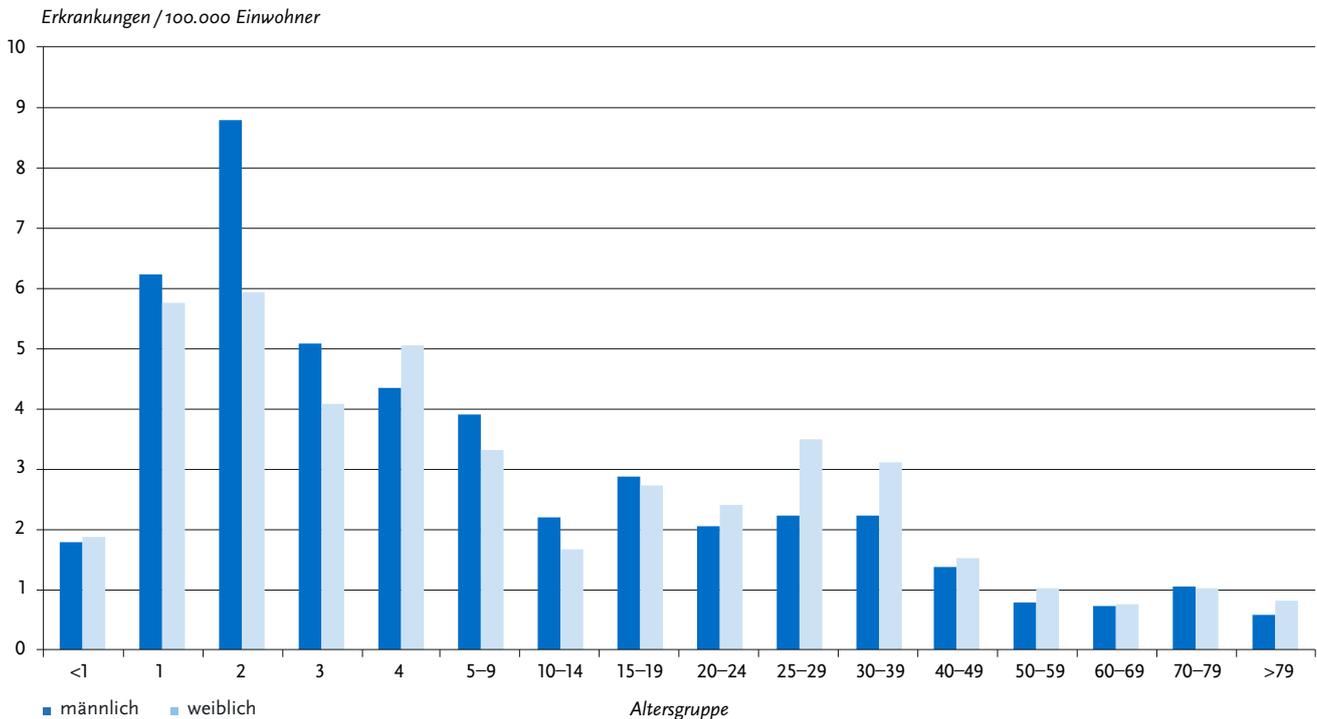


Abb. 6.32.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.506)



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 2021 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 gekommen 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 2021: 1.527
- ▶ Nach Rückgang im vergangenen Jahr aktuell wieder Zunahme der gemeldeten Erkrankungszahlen um 18 %
- ▶ 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 (82 %)

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 Lungentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Personen mit chronischen Erkrankungen sowie ältere Menschen und Raucher. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerhaltiger 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 2021 wurden insgesamt 1.527 Legionellosen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.290 Erkrankungen) wurden somit 237 Erkrankungen mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahl um 18 % entspricht. Damit liegen die Zahlen, die im

Jahr 2020 wahrscheinlich aufgrund der COVID-19-Pandemie und den damit verbundenen Reiseeinschränkungen gegenüber 2019 um 17 % gesunken waren, nun fast wieder auf dem Niveau von 2019 (1.545 Fälle).

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 dabei im Jahr 2021 besonders stark ausgeprägt. Hier waren die Fallzahlen im Vergleich zum I. bzw. II. Quartal mehr als doppelt so hoch. Die vergleichsweise niedrigeren Fallzahlen im I und II. Quartal 2021 dürften dabei noch im Zusammenhang mit einer geringeren Reiseaktivität im Rahmen der COVID-19-Pandemie stehen.

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 höhere Wassertemperaturen eine Rolle, die das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen, bei letzteren 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 1,6). Die höchste Inzidenz wurde dabei mit 3,8 Erkr/100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.34.2). Hier ist die Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre (3,2) erneut angestiegen. Die niedrigste Inzidenz mit 0,3 Erkr/100.000 Einw. wurde in Mecklenburg-Vorpommern beobachtet. Gegenüber dem Median der vergangenen 5 Jahre war die Inzidenz hier – auf insgesamt niedrigem Niveau – deutlich gesunken.

In 11 der 16 Bundesländer war die Inzidenz im Jahr 2021 im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre angestiegen bzw. weitgehend unverändert geblieben. Nennenswert niedrigere Inzidenzen wurden in Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Thüringen und Bremen verzeichnet (s. Abb. 6.34.2).

Bei 960 (63 %) der 1.527 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 83 % (829 von 996) der Nennungen entfielen. Im Vergleich zum Vorjahr, wo dieser Anteil mit 88 % gegenüber früheren Jahren nennenswert gestiegen und vermutlich auf die 2020 geltenden pandemiebedingten Reisebeschränkungen ins Ausland zurückzuführen war, ist der Anteil aktuell wieder leicht rückläufig. Das nach Deutschland mit Abstand am häufigsten angegebene Land war Italien mit insgesamt 61 Nennungen, gefolgt von Österreich mit 16 Nennungen (s. Tab. 6.34.2).

Tab. 6.34.1: Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.290	78 %	1.527	82 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	205	12 %	215	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	150	9 %	123	7 %
alle	1.645	100 %	1.865	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.290	78 %	1.527	82 %

Abb. 6.34.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021

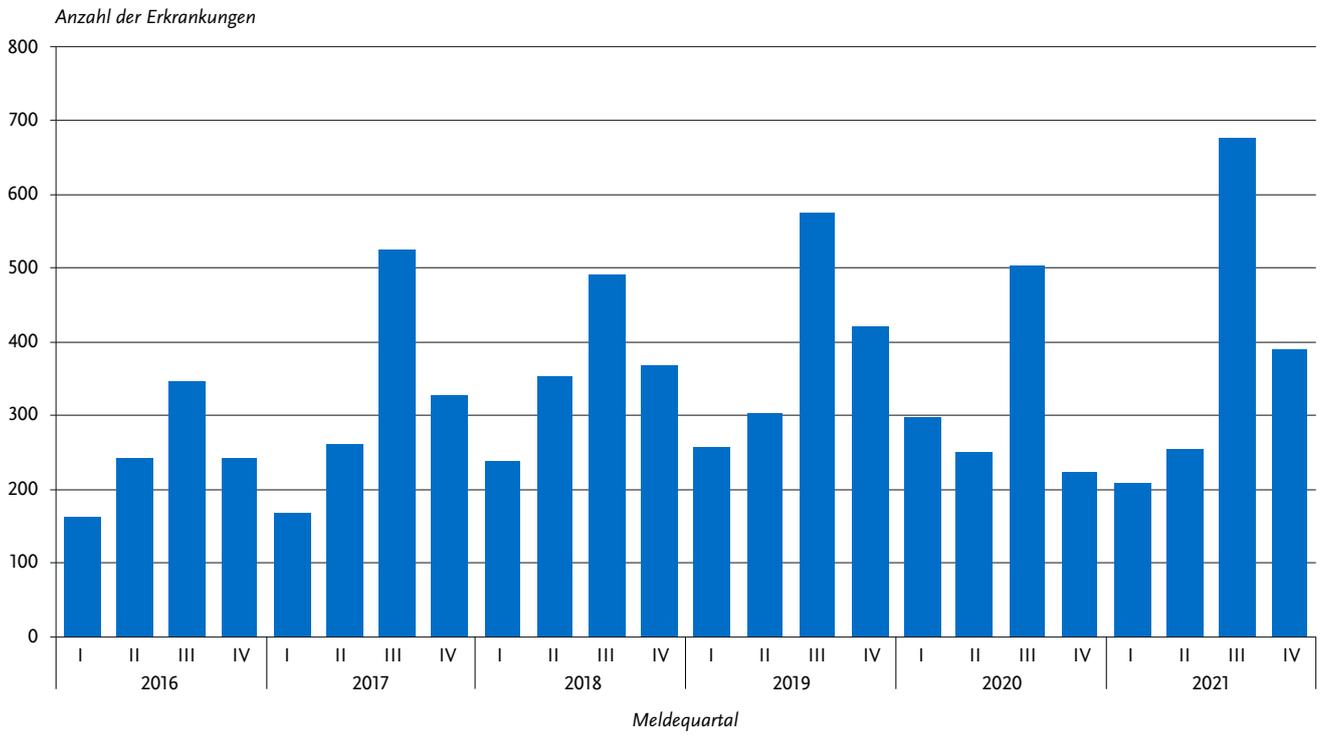
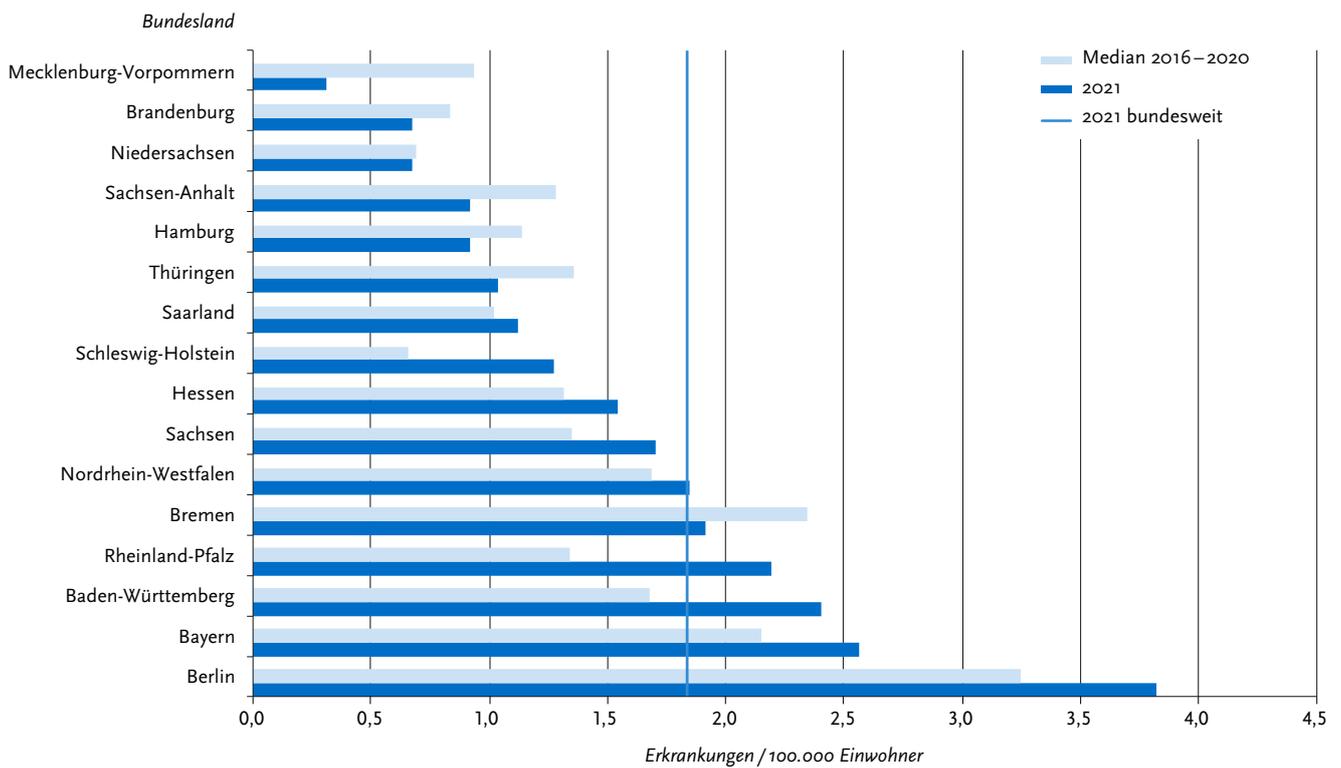


Abb. 6.34.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.527) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.34.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, n=960 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	829	83 %
Italien	61	6 %
Österreich	16	2 %
Türkei	13	1 %
Spanien	12	1 %
Griechenland	12	1 %
Kroatien	6	1 %
Frankreich	5	1 %
Nordmazedonien	4	0 %
Vereinigte Arabische Emirate	4	0 %
Andere	34	3 %
Summe	996	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 kontinuierlich an. Bei Frauen stieg die Inzidenz ebenfalls mit zunehmendem Alter an und erreichte ein Maximum bei den 60- bis 69-Jährigen, während die Inzidenz in den hohen Altersgruppen ab 70 Jahren

wieder geringfügig niedriger war (s. Abb. 6.34.3). Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 64 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern fast zweieinhalbmals so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 2,6 vs. 1,1 pro 100.000 Einwohner).

Nachgewiesene Erreger

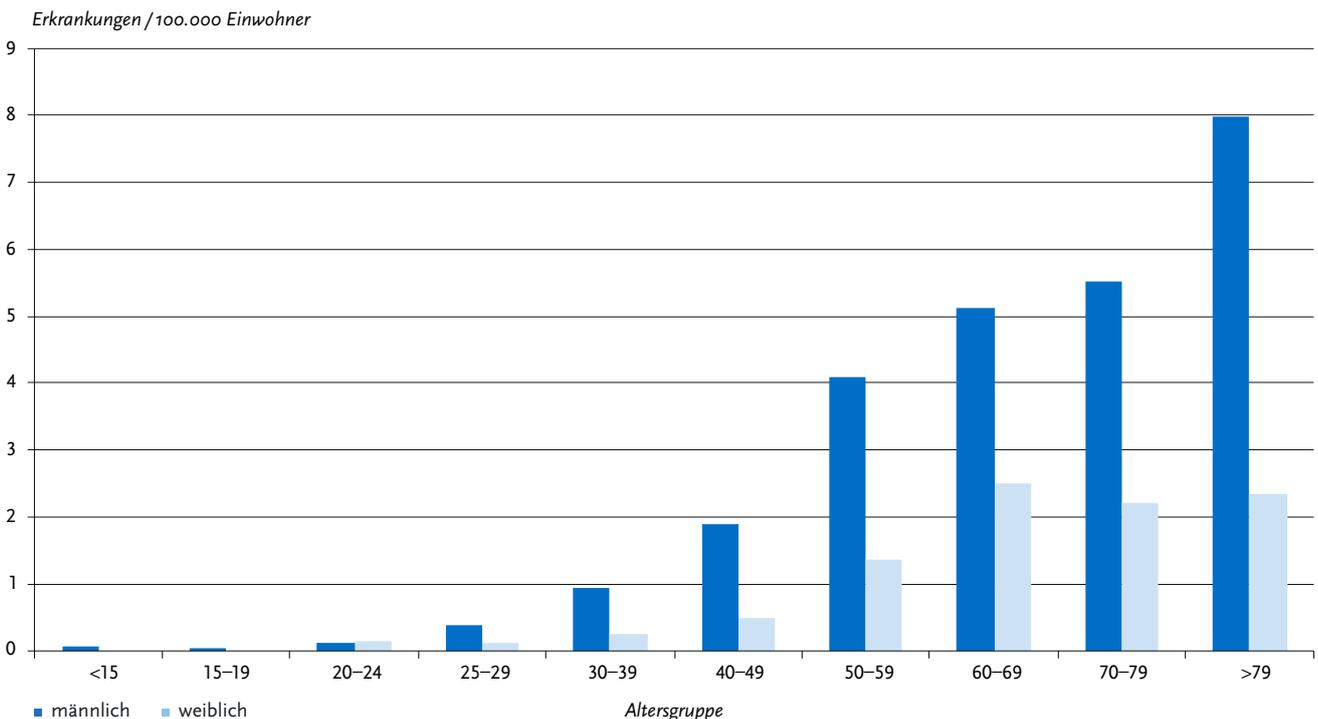
Für 1.490 (98 %) der 1.527 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 403 (27 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 1.087 der 1.490 Erkrankungen (73 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 1.070 Erkrankungen (98 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Vier Erkrankungen wurden von der Spezies *L. longbeachae* (< 1 %) und zwei durch *L. anisa* (< 1 %) verursacht. Für 7 Erkrankungen (< 1 %) wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt. Und in 4 weiteren Fällen wurde die allgemeine Angabe »andere/sonstige« übermittelt (< 1 %).

Von den 1.070 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 565 (53 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 516 Erkrankungen (91 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur einzeln vor: Die Serogruppe 3 wurde 3-mal und die Serogruppen 2, 4, 6, und 16 jeweils einmal genannt. Bei 31 Erkrankungen (5 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (30 Fälle mit einem Serumpool inklusive Serogruppe 1; ein Fall mit einem Serumpool exklusive Serogruppe 1). In 11 Fällen (2 %) wurde die Angabe »*Legionella pneumophila*, andere Serogruppe« übermittelt.

Klinische Aspekte

Von 1.525 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 80 Patienten (64 Männer, 15 Frauen

Abb. 6.34.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.525)



[in einem Fall lag keine Angabe zum Geschlecht vor]) an den Folgen der Legionärskrankheit. Dies entspricht einer Letalität von 5,2%. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität leicht gestiegen (2020: Letalität 4,7%; 61 Todesfälle unter 1.288 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Von insgesamt 1.527 Erkrankungen konnten 792 (52%) anhand konkreter Angaben einer der möglichen Expositions-kategorien (Krankenhaus oder andere medizinische Einrichtung; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 735 der 1.527 Erkrankungen (48%) 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 523 Fälle (34%) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.258 Fällen (82%) 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 (185 Erkrankungen; 12%). Bei 24 Erkrankungen (1,6%) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 11 weiteren Erkrankten (< 1%) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 31 Erkrankungen (2,0%) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 18 Fällen (1,2%) wurde zum möglichen Expositionsort die Angabe »andere/ sonstige« übermittelt.

Mit 82% ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, im Vergleich zum Vorjahr (83%; 1.074 Fälle), weitgehend gleichgeblieben, wobei aber die absoluten Fallzahlen 2021 insgesamt etwas höher waren (1.258 Fälle s. o.). Der Anteil der reiseassoziierten Fälle, der sich 2020 im Vergleich zu 2019 praktisch mehr als halbiert hatte, ist von 9,5% im Jahr 2020 (122 Fälle) auf aktuell 12,1% (185 Fälle) in 2021 wieder leicht angestiegen – erreicht damit aber nicht die Werte aus früheren Jahren, wo der Anteil der reiseassoziierten Fälle bei rund 20% lag. Wahrscheinlich ist dies zum Teil nach wie vor auf die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie mit Mobilitäts- und Reiseeinschränkungen und daraus resultierender verringerter Reiseaktivitäten zurückzuführen.

Der Anteil und die Fallzahlen der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist mit 1,6% (24 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (2,9%, 37 Fälle) leicht gesunken. Die Anzahl der Erkrankungen im Zusammenhang mit einem Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung – wie beispielsweise einer Reha-Klinik sind – bei insgesamt kleinen Fallzahlen – weitgehend gleichgeblieben (2020: 8 Fälle; 2021: 11 Fälle).

Auch Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung sind auf niedrigem Niveau stabil geblieben (2020: 39 Fälle; 2021: 31 Fälle).

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden dem RKI 13 Häufungen mit insgesamt 39 Fällen übermittelt. Zwei größere Geschehen waren dabei mit 8 bzw. 6 Fällen assoziiert. Nähere Angaben zum möglichen Infektionsumfeld dieser beiden Häufungen wurden von den zuständigen Gesundheitsämtern jedoch nicht übermittelt. Bei

den anderen 11 Häufungen handelte es sich um kleinere Cluster mit jeweils 2 bis 3 Erkrankungen. Dies 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.

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 zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden. Das deutsche Kompetenznetzwerk für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) schätzt die jährliche Zahl der Legionärskrankheit auf etwa 15.000 bis 30.000 Fälle.

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 auf *Legionella pneumophila* aus Atemwegsproben, könnte das epidemiologische Erregerprofil verändern.

Lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier wurden 2021 nur bei rund der Hälfte der Fälle konkrete Angaben gemacht, was sicherlich zumindest teilweise auch der starken Arbeitsbelastung in den Gesundheitsämtern durch die COVID-19-Pandemie geschuldet ist. Seit Mitte 2019 besteht mit der Einführung eines neuen Updates der Meldesoftware SurvNet@RKI die Möglichkeit, Informationen zur Trinkwasserinstallation, aber auch zu Ergebnissen früherer sowie aktueller (anlassbezogener) Wasseruntersuchungen bzgl. der vermuteten Infektionsquellen zu übermitteln. Derzeit sind diese Angaben erst bei ca. 20% der übermittelten Fälle angegeben.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle bei gleichzeitig nicht erfülltem bzw. unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorien D und E) ist 2021 mit insgesamt 18% (338 Fälle) im Vergleich zum Vorjahr (2020: 22%; 355 Fälle) zwar wieder gesunken, aber mit Blick auf frühere Jahre (2017–2019), wo dieser Anteil zwischen 11% und 13% lag, nach wie vor vergleichsweise hoch. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass pandemiebedingt die zusätzlich notwendigen Recherchen zur Klärung des Sachverhalts aufgrund der außergewöhnlichen Arbeitslast in den Gesundheitsämtern nicht immer durchgeführt werden konnten.

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt insbesondere bei Erwachsenen vor. Die Inzidenz steigt mit zunehmendem Alter an und Männer haben 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. Der überwiegende Teil der Fälle kommt sporadisch vor. Größere Häufungen sind vereinzelt selten.

Nachdem die Zahlen im Jahr 2020 wahrscheinlich aufgrund der COVID-19-Pandemie deutlich gesunken waren, wurde 2021 wieder ein Anstieg beobachtet und die aktuell registrierten Zahlen liegen fast wieder auf dem Niveau von 2019. Die größten Veränderungen waren bei den reiseassoziierten Fällen von Legionärskrankheit zu beobachten.

Die Alters- und Geschlechtsverteilung sowie auch die saisonale Verbreitung blieben in den vergangenen Jahren weitgehend unverändert.

Auch in Zeiten der COVID-19-Pandemie sollte bei einer Lungenentzündung immer auch die Legionärskrankheit in Betracht gezogen und eine entsprechende Diagnostik veranlasst werden – das gilt insbesondere auch für die im Krankenhaus erworbenen Pneumonien. Denn nur so ist eine adäquate und frühzeitig Antibiotika-Therapie möglich, um schwere Verläufe zu verhindern.

Ferner sollte prinzipiell immer versucht werden, die Infektionsquelle zu ermitteln, um durch die Einleitung geeigneter Schutzmaßnahmen weiteren Erkrankungen vorbeugen zu können. In Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen sollte angesichts der dortigen 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, Stöcker P, Brodhun B: *Legionnaires disease--reordered*. Infect Control Hosp Epidemiol 2010; 31:104–105.
- 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.
- 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 wird als indetermierte Lepra bezeichnet. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 2 Erkrankungen an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Erkrankungen betrafen eine 53-jährige Frau und einen 27-jährigen Mann. Bei beiden handelte es sich um das klinische Bild einer lepromatösen Lepra, wahrscheinliche Infektionsländer waren nicht angegeben. Zuvor wurde im Jahr 2019 ein Fall von Borderline-Lepra verzeichnet.

Literaturhinweise

- 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. <https://doi.org/10.25646/9319>

6.36 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 165
- ▶ Zunahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um etwa 38 %
- ▶ Höchste Inzidenz bei Frauen zwischen 20 und 24 Jahren
- ▶ Etwa 86 % 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 regelmäßig 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 2021 wurden 165 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit um 38% höher als im 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).

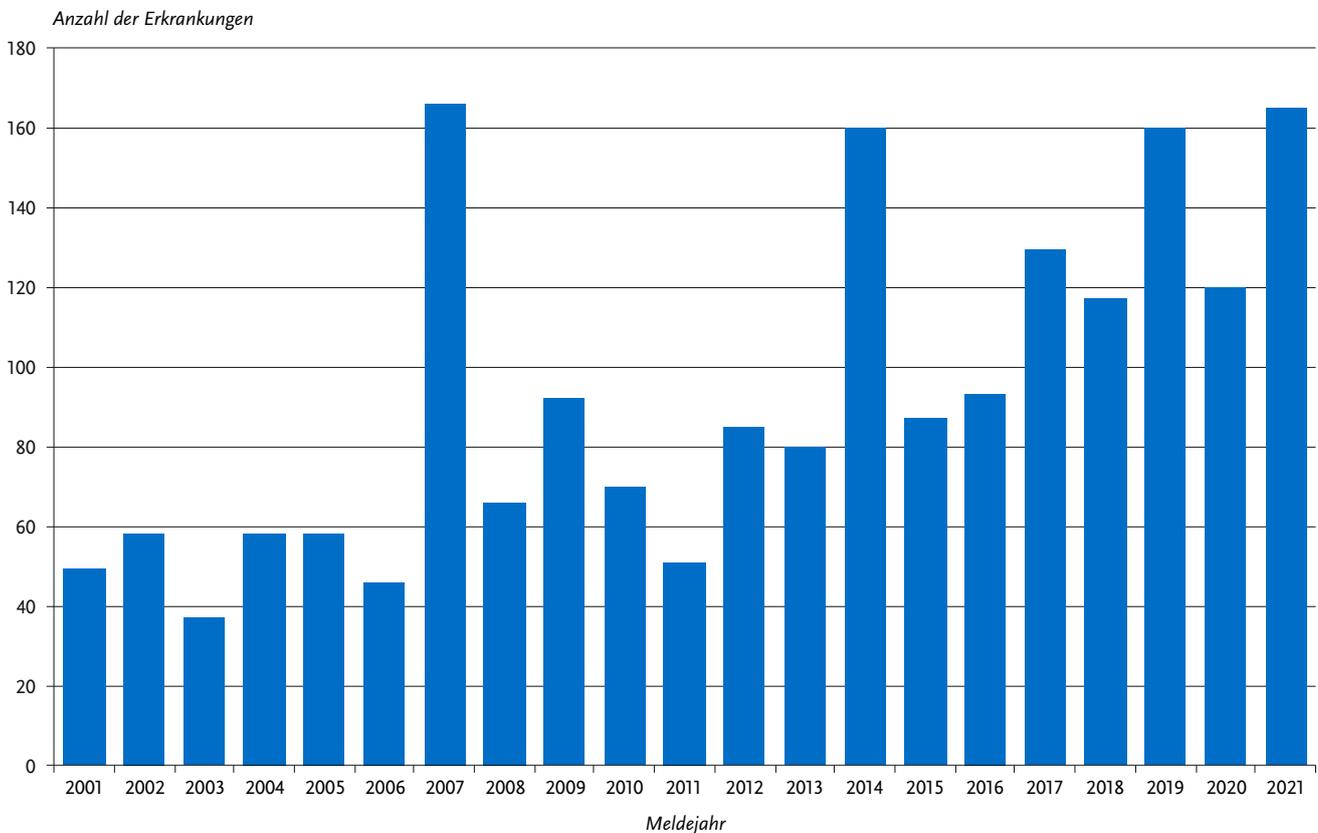
Geografische Verteilung

Erkrankungen traten in 11 Bundesländern auf, wobei die Inzidenzen zwischen 0,1 Erkr./100.000 Einw. in Niedersachsen und 0,4 Erkr./100.000 Einw. in Bayern lagen. Für 127 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 129 Nennungen). Deutschland wurde bei 86% der Nennungen als Infektionsland angegeben (2020: 83%).

Demografische Verteilung

Insgesamt 99 Erkrankte (60%) waren männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen mit einer Inzidenz von 0,4 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen am

Abb. 6.36.1: Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Tab. 6.36.1: Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	120	77 %	164	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	14	9 %	16	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	22	14 %	31	15 %
alle	156	100 %	212	100 %
Referenzdefinition (B+C)	120	77 %	165	78 %

stärksten betroffen (0,6 Erkr./100.000 Einw.). Im Jahr 2021 wurden 3 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (2 Mädchen und ein Junge) übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei 16 Erkrankungen (10%) lagen Angaben zu einem Serovar vor. Bei 3 dieser Erkrankungen wurde *Leptospira interrogans* Serovar Icterohaemorrhagiae genannt und bei den übrigen 13 Erkrankungen wurde als Serovar »andere/sonstige« angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 165 Leptospirose-Erkrankungen (100%) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 406 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (34% der Erkrankungen) und Fieber (28%). Bei 16% der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 9% Ikterus, bei 5% Dypnoe und bei 4% Husten übermittelt. Des Weiteren wurden bei 1% der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 2% Hämorrhagien, und bei 1% eine Myokarditis übermittelt. Es wurden 3 Todesfälle im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurde ein Leptospirose-Ausbruch mit 4 Fällen übermittelt.

Datenqualität

Bei den meisten 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 129 Erkrankungen) mit einem längerfristigen zunehmenden Trend.

Die geringe Anzahl von Meldungen reiseassoziiierter Leptospirose-Erkrankungen in 2021 ist sicherlich vom starken Rückgang der (Fern-)Reisen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Literaturhinweise

- 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 2021: 584
- ▶ Fallzahlen sind 2021 vergleichbar zum Vorjahr
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassoziierte, 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 Patienten 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 2021 wurden 584 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,7 Fällen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Seit dem Jahr 2019 stagnieren die Fallzahlen (578 Fälle in 2020) (s. Abb. 6.37.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,4 Erkr./100.000 Einw. in Hamburg und die höchsten Inzidenzen mit 1,2 in Brandenburg und Sachsen verzeichnet. Die Inzidenzen in Brandenburg, Sachsen, Thüringen, Bremen, Bayern, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und dem Saarland lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.37.2). Fünf Bundesländer verzeichneten im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz: Brandenburg, Thüringen, Bremen, Bayern und das Saarland.

Für 315 Erkrankungen (54%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98% der Nennungen entfielen auf Deutschland.

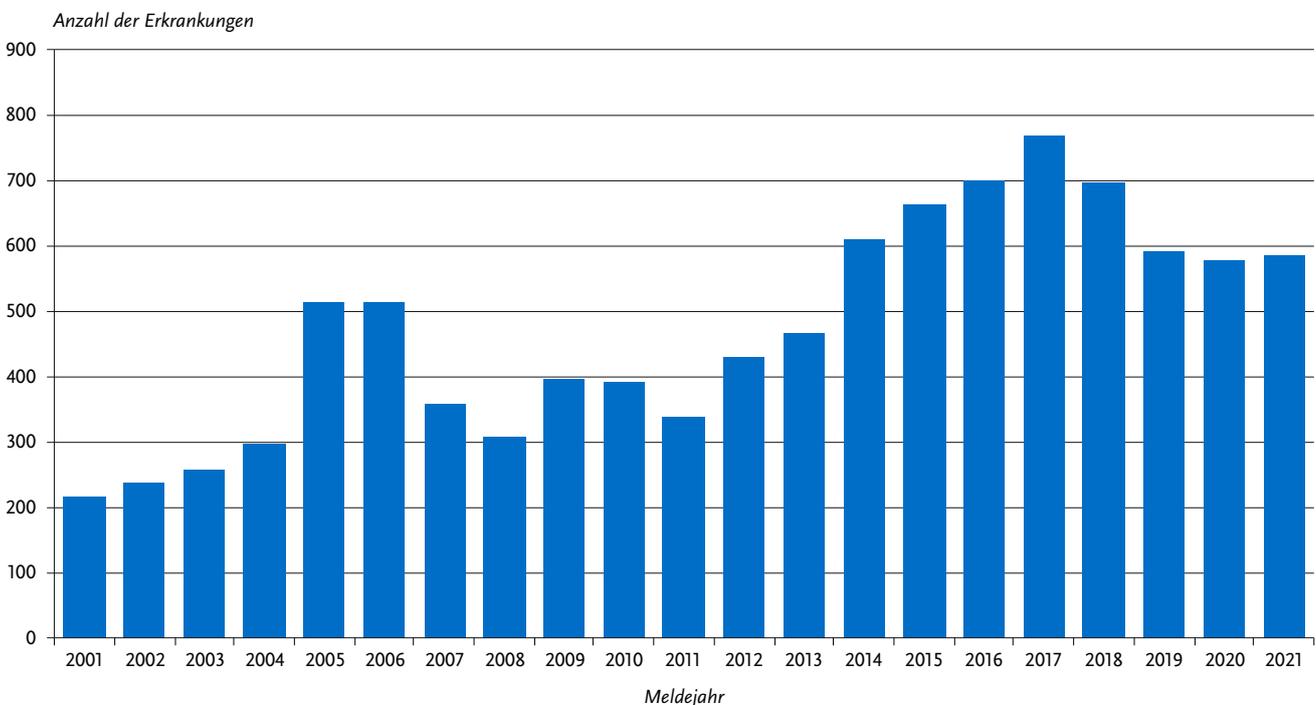
Demografische Verteilung

Im Jahr 2021 wurden 543 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschaftsassoziierten, invasiven Listeriosen betrafen 213 Frauen (39%) und 330 Männer (61%).

Tab. 6.37-1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	6	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	456	79 %	443	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	35	6 %	60	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	86	15 %	75	13 %
alle	578	100 %	584	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	578	100 %	584	100 %

Abb. 6.37-1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Die Inzidenz der nicht-schwangerschaftsassozierten Listeriose-Fälle 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 22 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 19 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 11 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden, 11 Mütter wurden ohne Meldung eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und 8 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von 35 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 15 und 49 Jahren waren 22 Schwangerschafts-Listeriosen (63%).

Nachgewiesene Erreger

Für 207 (35%) der übermittelten Fälle lagen Angaben zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; darunter wurde 90-mal (44%) das Serovar 4b, 50-mal (24%) das Serovar 1/2a und 15-mal (7%) das Serovar 1/2b angegeben. Für die übrigen 52 (25%) wurde »andere/sonstige« übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 130 (24%) der 543 nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 66 (12%) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Siebzehn der 22 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (77%) gaben grippeähnliche Symptome oder Fieber an. Sieben

Abb. 6.37.2: Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=584)

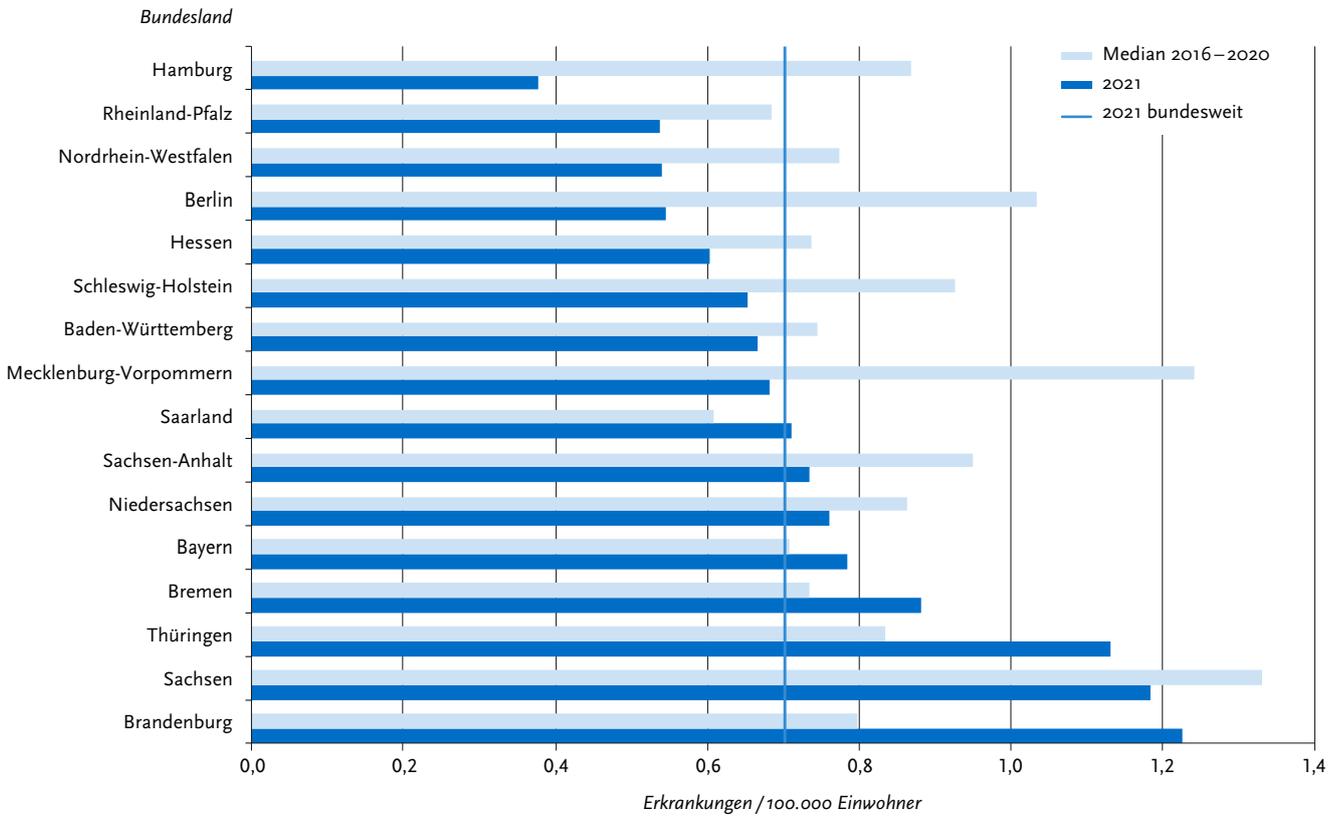
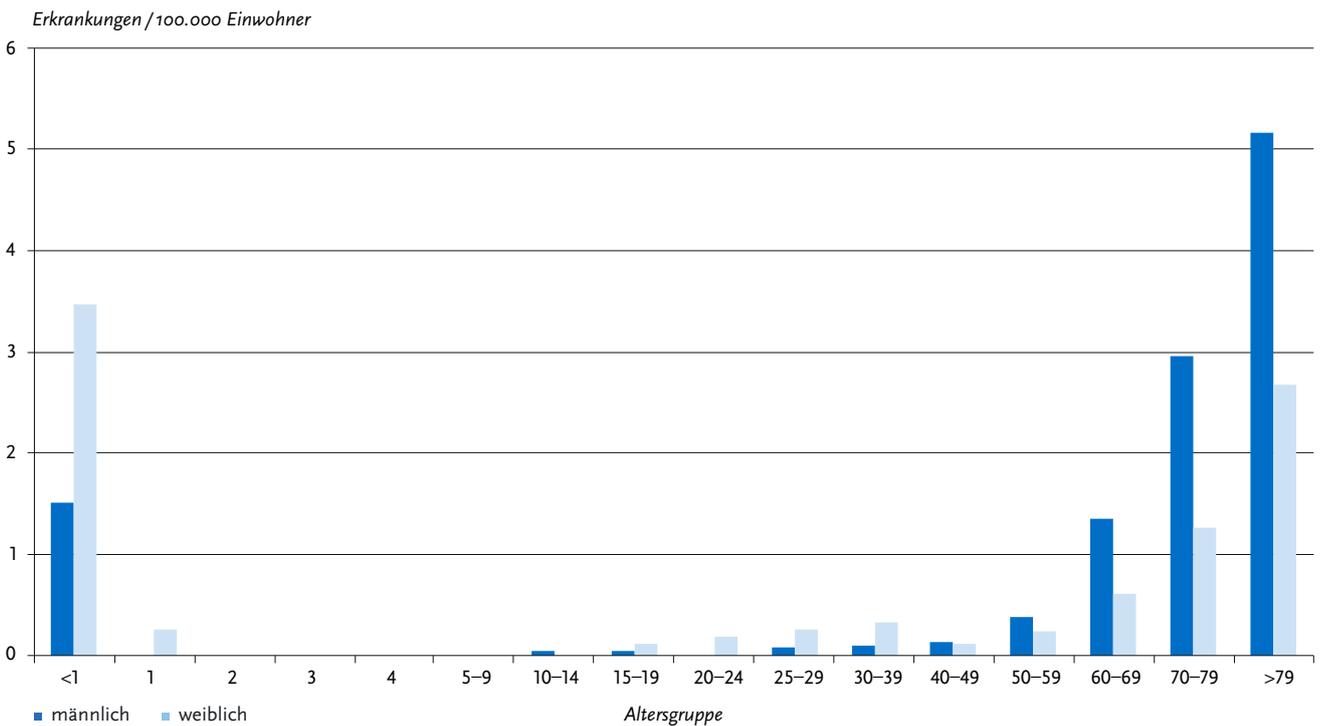


Abb. 6.37.3: Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=584)



Frauen (32 %) mit Schwangerschafts-Listeriose hatten eine Sepsis. Unter den 22 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurde bei 2 Fällen eine Totgeburt, bei 3 Fällen eine Fehlgeburt und bei 12 eine Frühgeburt angegeben. Sieben (44 %) der 16 lebend geborenen Neugeborenen zeigten ein septisches Krankheitsbild, 5 (31 %) eine Atemstörung, 2 Neugeborene (9 %) hatten eine Meningitis oder Enzephalitis und ein Neugeborenes hatte eine Bindehautläsion (5 %) (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 22 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2020: 32). Unter diesen waren 20 nicht-schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 2 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2021 bei 4 %.

Die Listeriose gehört damit zu den meldepflichtigen Krankheiten mit besonders hoher Letalitätsrate.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Die Inzidenz der im Jahr 2021 übermittelten Listeriose-Fälle stagniert auf einem relativ hohen Niveau.

Literaturhinweise

- 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>
- 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

6.38 Malaria



- ▶ Fälle 2021: 605
- ▶ starker Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr, aber weiterhin deutlich niedriger als vor Beginn der COVID-19-Pandemie
- ▶ 99 % der Infektionen mit Angaben zum Infektionsland wurden in Afrika erworben

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 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 2021 insgesamt 605 Malaria-Fälle (0,7 Fälle pro 100.000 Einwohner; 2020: 366; 2019: 999 Fälle) gemeldet.

Zeitlicher Verlauf

Nach dem Einbruch der Fallzahlen im Jahr 2020 stiegen diese 2021 wieder um 65 % an, lagen jedoch weiterhin deutlich 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 (2,5 Fälle/100.000 Einw.; 46 Fälle) und Berlin (1,7; 62 Fälle) die höchsten Inzidenzen. Die niedrigsten Inzidenzen traten in Thüringen (0,05; 1 Fall) und Mecklenburg-Vorpommern (0,1; 1 Fall) auf.

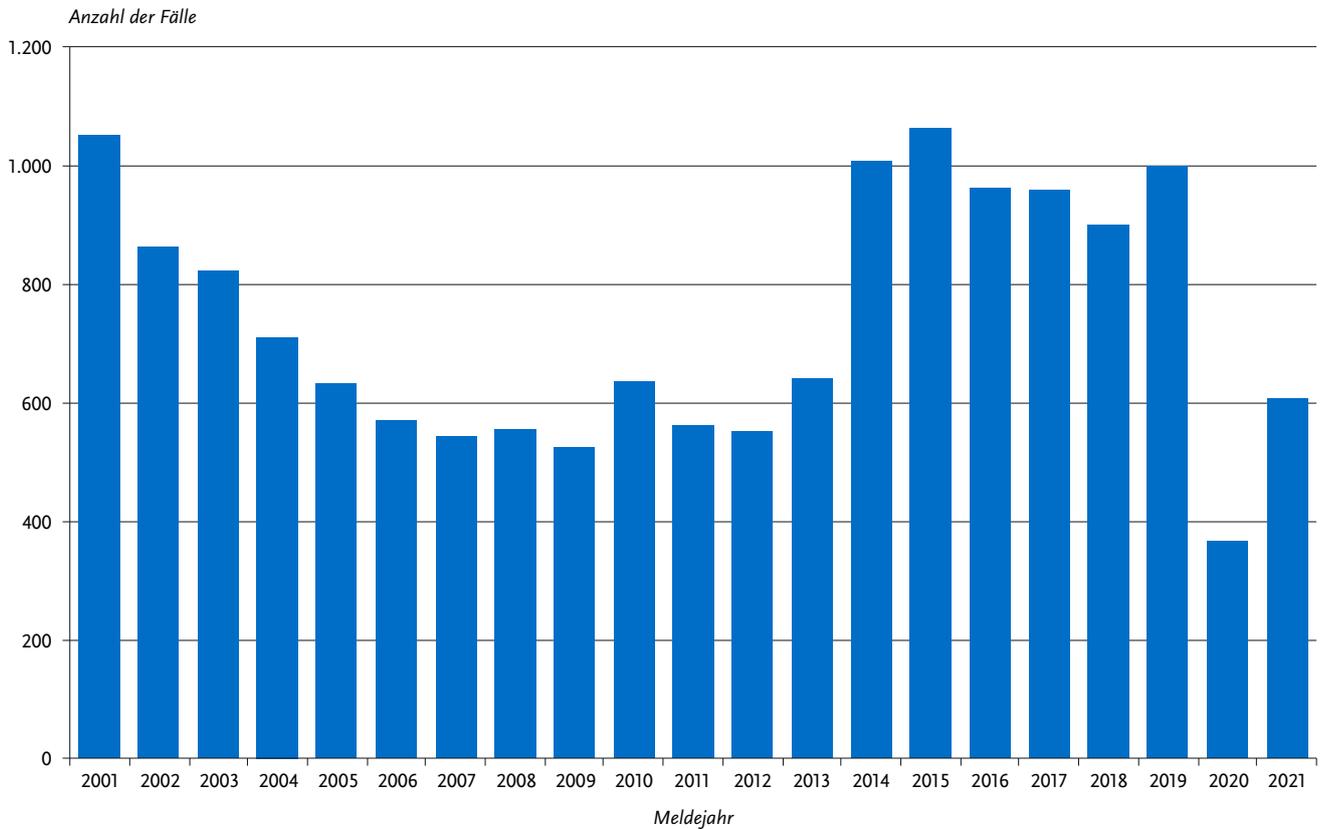
Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 441 Fälle (71 %, Vorjahr: 74 %) angegeben. Der weitaus größte Teil der Nennungen (425; 99 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.38.1). Am häufigsten wurden Kamerun, Nigeria, Ghana und Togo genannt. Kamerun und Nigeria waren auch im Vorjahr die beiden am häufigsten genannten Länder. Als Infektionsländer außerhalb Afrikas wurden Indien (3 Fälle), Papua-Neuguinea (1) und Venezuela (1) angegeben.

Bei einem Fall ohne Auslandsreise wird eine sogenannte »Koffermalaria« vermutet. Die erkrankte Person hatte eine Person aus einem Malaria-Endemiegebiet zu Besuch, in deren Gepäck sich möglicherweise eine infizierte Mücke befand.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wiesen die mittleren Altersgruppen von 20 bis 49 Jahren auf. Jungen und Männer hatten mit insgesamt 1 Fall/100.000 Einw. eine mehr als doppelt so hohe Inzidenz wie Mädchen und Frauen mit 0,4 Fällen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.38.3).

Abb. 6.38.1: Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Tab. 6.38.1: Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2021 (n=430)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kamerun	98	22 %
Nigeria	89	20 %
Ghana	48	11 %
Togo	32	7 %
Benin	23	5 %
Guinea	21	5 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	18	4 %
Uganda	18	4 %
Kongo, Demokratische Republik	16	4 %
Sierra Leone	12	3 %
Andere	66	15 %
Summe	441	100 %

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.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 585 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (97% aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 518 Fällen (89%; 2020: 240 Fälle, 69%) am häufigsten diagnostiziert. An zweiter Stelle lag *P. ovale* mit 18 Fällen (2020: 38 Fälle), gefolgt von *P. vivax* mit 16 Fällen (2020: 33 Fälle), *P. malariae* mit 15 Fällen (2020: 20 Fälle) und Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) mit 3 Fällen (2020: 7 Fälle). Bei 15 Fällen wurde eine Mischinfektion angegeben (s. Tab. 6.38.2). Im Vergleich zum Vorjahr stieg der Anteil gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen wieder deutlich an und lag sogar etwas über dem Anteil, der in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie beobachtet wurde.

Tab. 6.38.2: Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2021 (n=585)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	518	88,5 %
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	18	3,1 %
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	16	2,7 %
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	15	2,6 %
Mischinfektion	15	2,6 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	3	0,5 %
Summe	585	100 %

Abb. 6.38.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=605) im Vergleich mit den Vorjahren

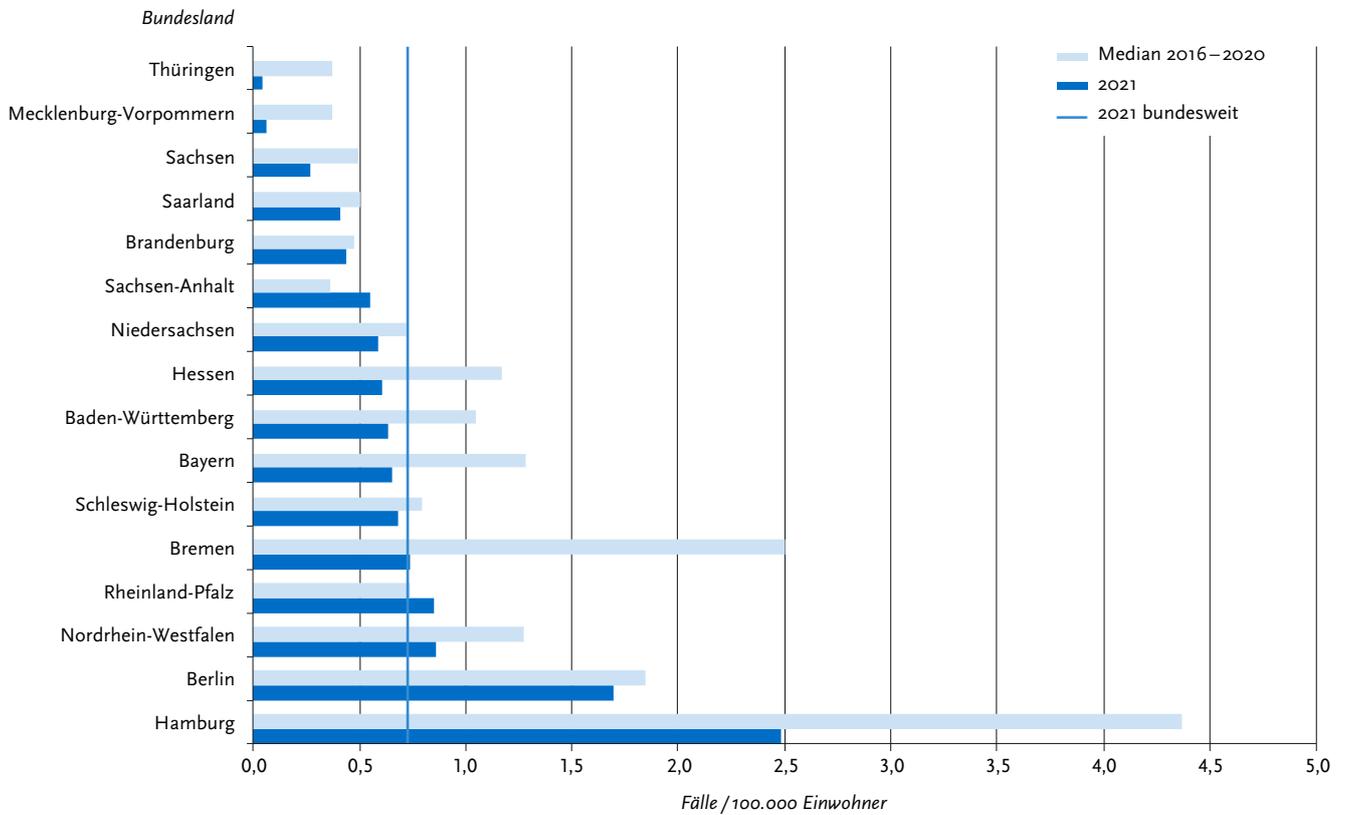
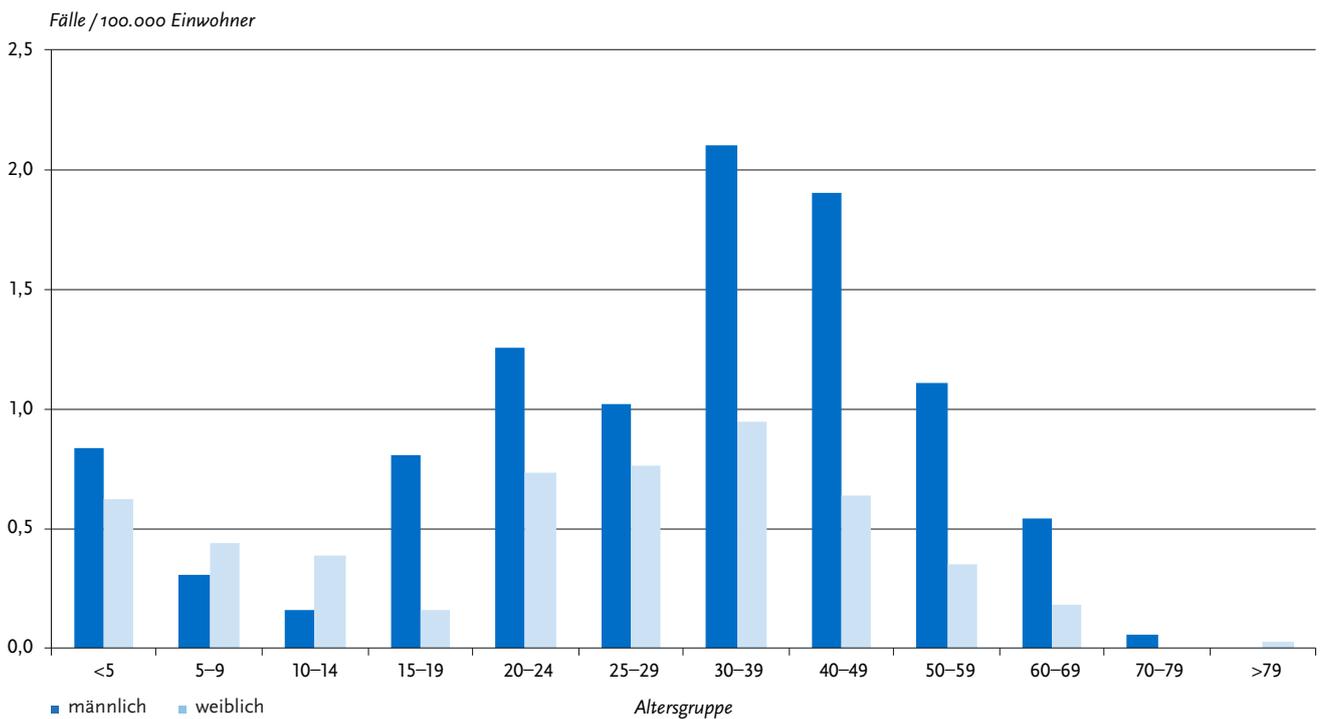


Abb. 6.38.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=595)



Klinische Aspekte

Im Jahr 2021 wurde für 4 Malaria-Fälle durch *P. falciparum* ein tödlicher Verlauf berichtet. Die Personen waren in der Altersgruppe der 40- bis 60-jährigen und hatten die Malaria in Afrika erworben (2× Uganda, 1× Nigeria, 1× Ghana). Angaben zum Geschlecht lagen für 3 Personen vor: 2 waren männlich und eine weiblich.

Datenqualität

Für 412 Fälle (68%; Vorjahr: 70%) lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch von Ärztinnen und Ärzten vor, für 187 Fälle nur der Laborbogen, für 6 Fälle nur der Arztbogen. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland sind in der Regel nur im Meldebogen der einsendenden Ärztinnen und Ärzte vorhanden.

Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle ist 2021 im Vergleich zu 2020 um 65% gestiegen, lag aber weiterhin deutlich unter den Werten der Jahre vor Beginn der COVID-19-Pandemie.

Literaturhinweise

- WHO (2020): *World malaria report 2020: 20 years of global progress and challenges*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240015791>
- 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, Frank C, Stark K: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Reiseassoziierte Krankheiten 2020*. Epid Bull 2021; 48. <https://doi.org/10.25646/9319>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.39 Masern

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 10
- ▶ Inzidenz: 0,01 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Es wurden keine Ausbrüche übermittelt
- ▶ Erneut drastischer Rückgang der Fallzahlen im Jahr 2021 im Vergleich zu den Vorjahren

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 2021 wurden 62 Fälle übermittelt, von denen 10 der Referenzdefinition entsprachen. Ein Teil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischem Bild könnte z. B. auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und abgeschwächter 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.

Zeitlicher Verlauf

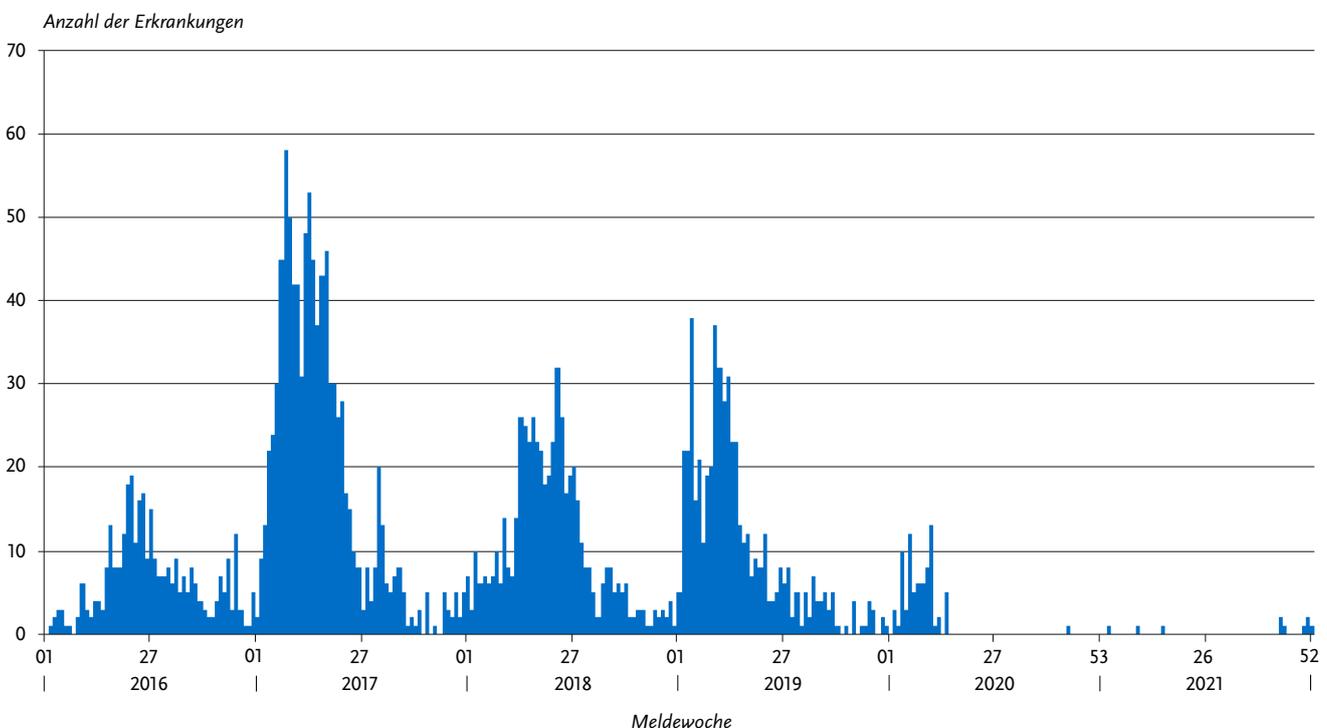
Für das Jahr 2021 wurden 10 Masern-Erkrankungen und damit im Vergleich zu 2020 (n=76) erneut noch einmal deutlich weniger Fälle übermittelt. Das drastische Absinken der Fallzahlen der Masern in den Jahren 2020 und 2021 in Deutschland wie auch in der Europäischen Region und weltweit ist beeindruckend. Ursächlich hierfür sind mit hoher Wahrscheinlichkeit die globalen Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie (z.B. Kontaktverbote, Schließungen von Gemeinschaftseinrichtungen, Ein- und Ausreiseverbote, Einschränkung der Reisetätigkeit).

Wie im Vorjahr gingen auch 2021 von Mai bis Oktober keine Fälle am RKI ein (s. Abb. 6.39.1). Die Anzahl der nach Referenzdefinition im Jahr 2021 übermittelten Masern-Erkrankungen ist die niedrigste seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2001. Die Masernfälle traten sporadisch, insbesondere ab der 42. Meldewoche auf. Zum Ende des Jahres kam es zu einzelnen Importen der Masern aus Afghanistan.

Tab. 6.39.1:
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	5	3 %	4	6 %
klinisch-epidemiologisch (B)	14	9 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	57	36 %	6	10 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	50	32 %	27	44 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	32	20 %	25	40 %
alle	158	100 %	62	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	76	48 %	10	16 %

Abb. 6.39.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 bis 2021



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,01 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit noch einmal niedriger als im Jahr 2020 (0,1) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,6).

Es wurden insgesamt 3 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, je 2 Fälle aus Hamburg und Bayern und je ein Fall aus Sachsen, Hessen und Niedersachsen übermittelt. Außer in Hamburg (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) lag die Inzidenz in allen Bundesländern unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Diese Inzidenz stellt die von der WHO vorgeschlagene Indikatorinzidenz dar, bei der von erfolgreichen Strategien gegen eine Maserntransmission ausgegangen wird. Aus 10 Bundesländern wurden gar keine Masernfälle übermittelt. Auch in den Bundesländern, in denen Masern aufgetreten waren, lag die Inzidenz weit unter dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.39.2).

Es lagen 7 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 7 Fälle mit Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (86 % der Nennungen; n=6). Als weiteres Infektionsland wurde bei einem Fall Afghanistan angegeben.

Demografische Verteilung

Jeweils ein Masernfall wurde bei den 1-Jährigen sowie in den Altersgruppen der 5- bis 9-, 20- bis 24-, 25- bis 29- und 40- bis 49-Jährigen beobachtet. Zwei Fälle traten bei 3-Jährigen und drei Fälle bei 15- bis 19-Jährigen auf (siehe auch Abbildung 6.39.3). Keiner der übermittelten Masernfälle war 50 Jahre oder älter.

Im Jahr 2021 traten in 7 von 10 Fällen die Masern bei männlichen Personen auf. Drei Fälle waren weiblich (s. Abb. 6.39.3). Die geringe Fallzahl lässt keine Verallgemeinerung der geschlechtsspezifischen Unterschiede zu.

Abb. 6.39.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland,
Deutschland, 2021 (n=10) im Vergleich zu den Vorjahren

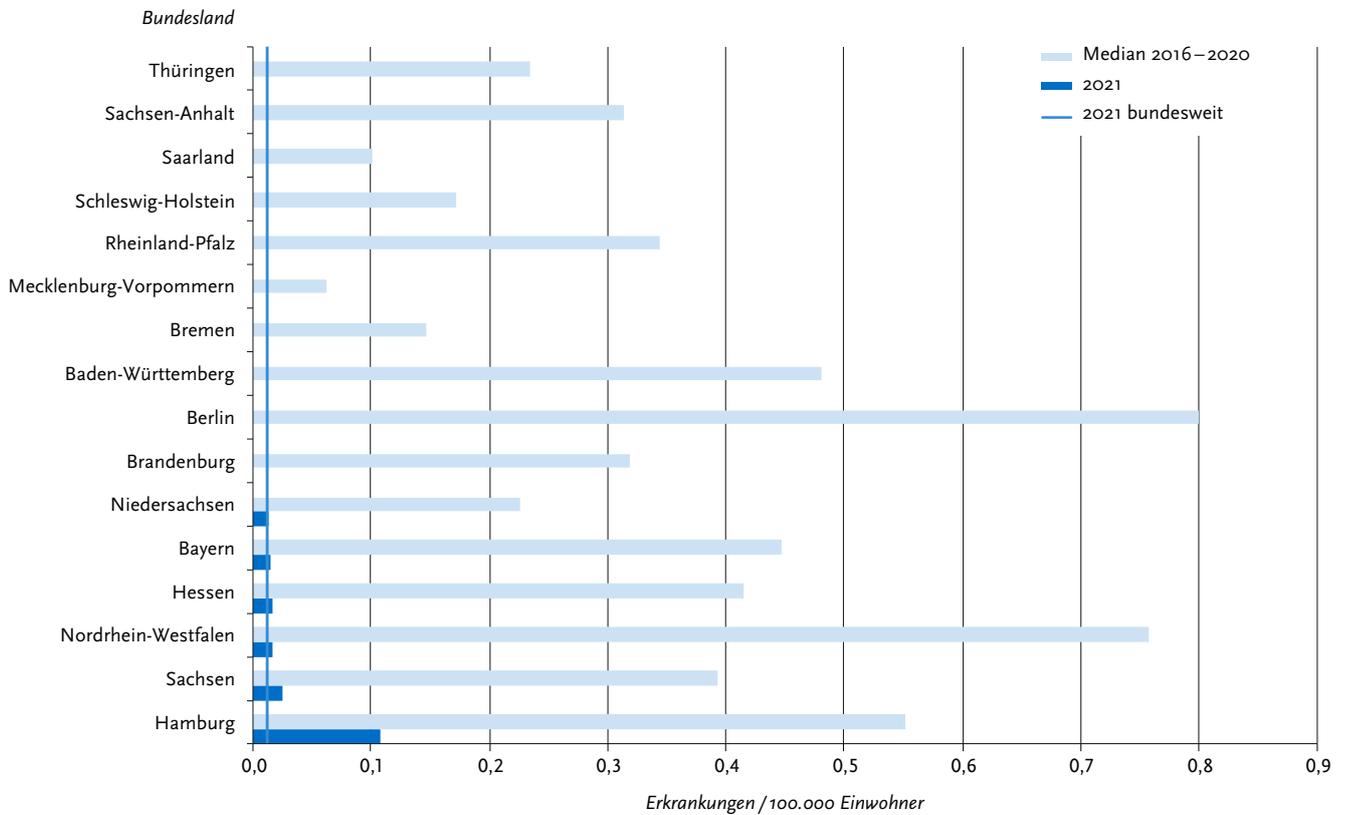
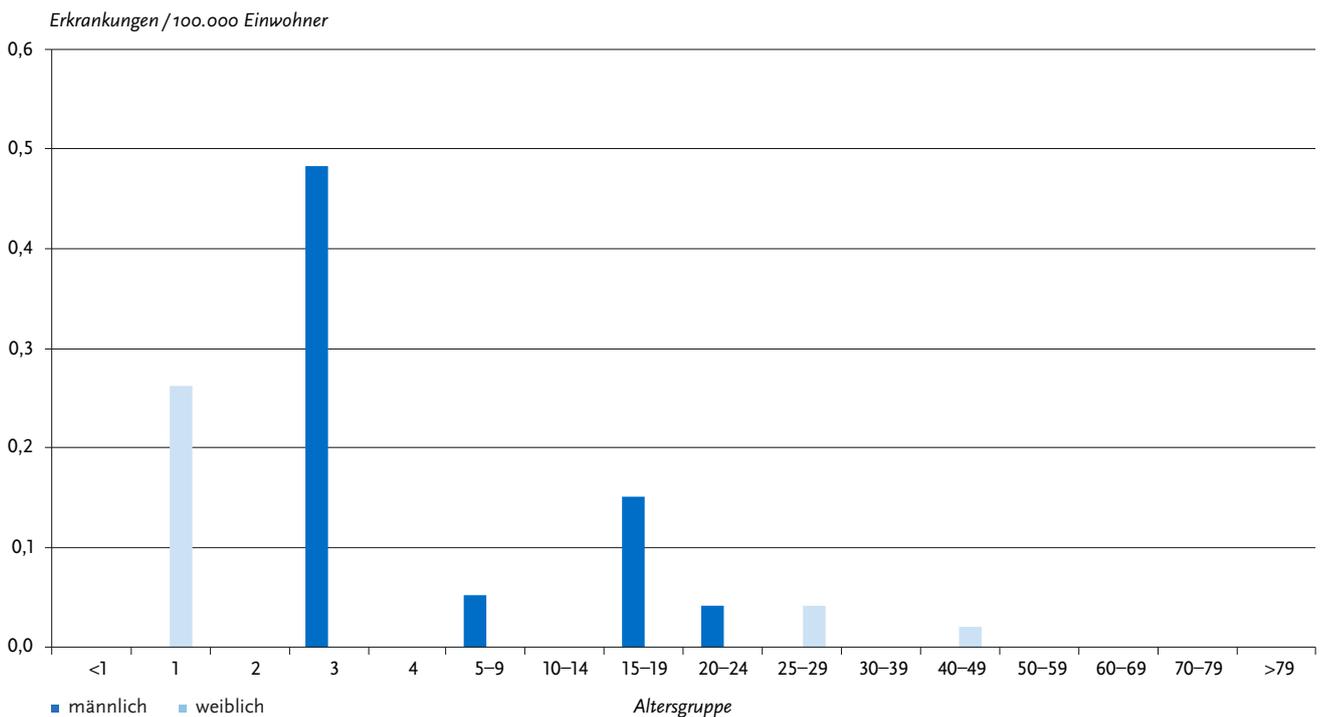


Abb. 6.39.3:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht,
Deutschland, 2021 (n=10)



Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung lag im Jahr 2021 bei 40% (n=4). Dies betraf zwei Kinder im Alter von 3 Jahren und zwei Erwachsene in den Altersgruppen 25 bis 29 Jahre und 40 bis 49 Jahre. Im Jahr 2020 waren 36% der Masernfälle in einem Krankenhaus behandelt worden.

Für 6 der 10 Erkrankten lagen im Jahr 2021 Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 5 Patienten keine Komplikationen angegeben. Im Zusammenhang mit 1 Masern-Erkrankung wurde eine Meningitis als Komplikation dokumentiert. 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. Es 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. Die STIKO hat im Jahr 2010 zudem Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgesprochen. Ferner wurden von der STIKO Anfang des Jahres 2020 die Empfehlungen für beruflich indizierte MMR- und Varizellen-Impfungen angeglichen und wissenschaftlich begründet (siehe *Epidemiologisches Bulletin* 2/2020). Als Grundsatz gilt, dass nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) bewertbar sind. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen, ist sehr unsicher und wird nicht empfohlen.

Von den 10 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei allen Fällen bekannt. Von den 10 Fällen wurden 7 als geimpft und 3 als ungeimpft übermittelt. Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung herangezogen. Diese lagen bei 4 der 7 Geimpften vollständig vor. Bei 1 dieser 4 geimpften Personen kann ein unzureichender Impfschutz angenommen werden. Dieser Fall war bisher nur einmalig zeitgerecht geimpft worden und 19 Jahre alt. Eine rechtzeitige 2-malige Impfung gemäß STIKO-Empfehlung hätte höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können. Bei drei 2-fach Geimpften mit Angabe des Impfdatums kann möglicherweise von einem Impfdurchbruch ausgegangen werden. Diese Patienten waren zwischen 15 und 29 Jahre alt.

Um Impfdurchbrüche, d.h. Masern-Erkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, sicher feststellen zu können, sollte unbedingt bei allen geimpften Patienten die Erkrankung labor diagnostisch gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei lediglich klinisch bestätigten geimpften Fällen ohne Labornachweis ist die Maserndiagnose 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. Im Jahr 2021 war nach den Daten des RKI kein Ausbruch übermittelt worden.

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 Maserndiagnose sehr niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte immer bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften erfolgen. Der Anteil an klinisch-laborbestätigten und epidemiologisch verlinkten Fällen lag mit 6 von 10 Fällen niedriger als in den letzten Jahren. Die WHO fordert einen Anteil labordiagnostisch gesicherter Fälle von 80% und mehr.

Bei einem Fall wurde eine »Antigenbestimmung im Blut« als durchgeführte Laboruntersuchung zur Bestätigung eines Verdachtes auf Masern angegeben. Es wird vermutet, dass diese Laboruntersuchung mit der Serologie verwechselt wurde. Die »Antigenbestimmung im Blut« ist eine Spezialuntersuchung zum Nachweis der Masernviren im Blut. Sie ist teuer und erfolgt in der Regel nicht routinemäßig. Die serologische Bestätigung einer akuten Masernerkrankung wird mit An klicken der Items »IgM-Antikörpernachweis« oder »IgG-Antikörpernachweis (deutliche Änderung zwischen zwei Proben)« dokumentiert.

Bei nur 2 der 10 übermittelten Erkrankungen nach Referenzdefinition (2020: 40%) war eine Genotypisierung veranlasst worden, die auch erfolgreich war. Die vom Nationalen Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln (NRZ) an die Gesundheitsämter gemeldeten 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 Masern-Fällen (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 nachgetragen und übermittelt werden. Aufgrund der vorliegenden Systematik der Meldesoftware ist es möglich, explizit jede vorliegende Sequenzvariante in der Software zu dokumentieren.

Die epidemiologische Analyse der Herkunft der Masern und möglicher Expositionen, insbesondere im Ausland, ist entscheidend, um importierte Masern zu erkennen, importassoziierte Fälle besser zuordnen und Transmissionsketten verfolgen zu können. Bei den hochkontagösen 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 den 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 Unterfassung der Komplikationen sehr wahrscheinlich.

Fazit

Für das Jahr 2021 wurde eine Masern-Inzidenz von 0,01 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2020: 0,1). 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 erreicht. Die übermittelte Masernfallzahl ist weiterhin, höchstwahrscheinlich aufgrund der nicht-pharmazeutischen Infektionsschutzmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie (z.B. Kontaktbeschränkungen, Schließungen von Gemeinschaftseinrichtungen, Ein- und Ausreiseverbote), auf einem historisch niedrigen Niveau.

Gestiegene Impfquoten in der Bevölkerung sind höchstwahrscheinlich nicht die Ursache für die gesunkenen Fallzahlen. Diese haben sich zwar durch die Pandemie nicht verschlechtert und sind im Gegenteil bei den 24 bis 36 Monate alten Kinder um 2 – 4 Prozentpunkte gestiegen, sie reichen jedoch weiterhin nicht aus, um eine Transmission der Masern dauerhaft zu unterbrechen. Es ist zu erwarten, dass die Zahl der Masernfälle wieder ansteigt, sobald Masern nach Deutschland importiert und die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie reduziert werden. Gerade die 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 regelmäßig 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.

Es ist nicht zu erwarten, dass die Masernfallzahlen in Deutschland und der Europäischen Region so niedrig bleiben, wenn die Maßnahmen gegen die COVID-19-Pandemie wieder gelockert werden. Weltweit sind weiterhin große Reservoirs der Masern vorhanden. Wichtig bleibt es, die Immunitätslücken in der Bevölkerung zu erkennen und so schnell wie möglich zu schließen.

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. Preprint: <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3748410>
- Schmid-Küpke NK, Matysiak-Klose D, Siedler A, et al.: *Cancelled routine vaccination appointments due to COVID-19 pandemic in Germany*. Vaccine X 2021. <https://doi.org/10.1016/j.jvax.2021.100094>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3–66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland – erste erfreuliche Ergebnisse erzielt*. Epid Bull 2021; 15:3–7. <https://doi.org/10.25646/8109>

Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2021; 49:6–29. <https://doi.org/10.25646/9355>

Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. Epid Bull 2021; 50:3–22. <https://doi.org/10.25646/9436>

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: *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

RKI-Ratgeber (2020). www.rki.de/ratgeber

6.40 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 74
- ▶ Abnahme der Fallzahlen im Jahr 2021 um 48%
- ▶ Abfall der Todesfälle auf 7 (Vorjahr: 17)
- ▶ 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%. Meningokokken werden in verschiedene Serogruppen unterteilt, von denen in Deutschland die Serogruppe B am häufigsten vorkommt, gefolgt von den Serogruppen W, C und Y. 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 labor diagnostisch 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 Meningokok-

ken-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 2021 erfüllten insgesamt 74 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 48% weniger als im Vorjahr. Anders als in den meisten Vorjahren wurde kein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet. Der höchste Anteil entfällt dagegen auf das IV. Quartal, in dem 25 Fälle (34%) invasiver Meningokokken-Infektionen auftraten (s. Abb. 6.40.1). Die stark gesunkenen und niedrigen Fallzahlen, die seit dem II. Quartal 2020 beobachtet wurden, setzen sich im Jahr 2021 fort. Diese Entwicklung kann im Zuge der Implementierung 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

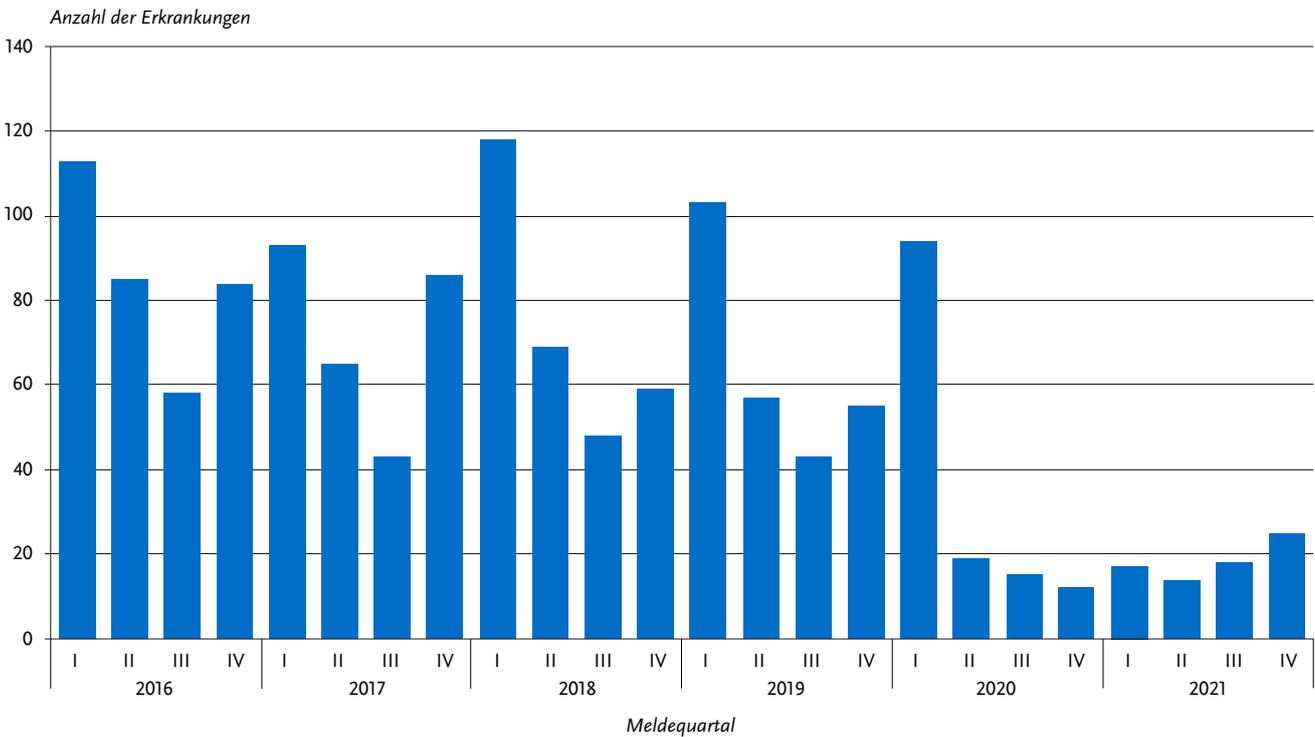
Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,3 Fälle/100.000 Einw.).

Von den 59 (80%) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 58 ausschließlich Deutschland und in einem Fall die Republik Kroatien als wahrscheinliches Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die höchsten Fallzahlen traten bei Kindern unter 5 Jahren auf, auf diese Altersgruppe entfallen 35% (26 Fälle) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, darunter 13 Fälle bei Säuglingen (< 1 Jahr) und 7 Fälle bei 1-Jährigen. Dort sind auch die höchsten Inzidenzen mit 0,7 Fällen/100.000 Einw. zu verzeichnen (s. Abb. 6.40.3). Von den 74 Fällen waren 38 männlichen und 36 weiblichen Geschlechts.

Abb. 6.40.1: Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021 (n=1.393)



Tab. 6.40.1: Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	4	3 %	0	0 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	126	89 %	72	97 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	6 %	1	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	2 %	1	1 %
alle	141	100 %	74	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	141	100 %	74	100 %

Abb. 6.40.2:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=74) im Vergleich mit den Vorjahren

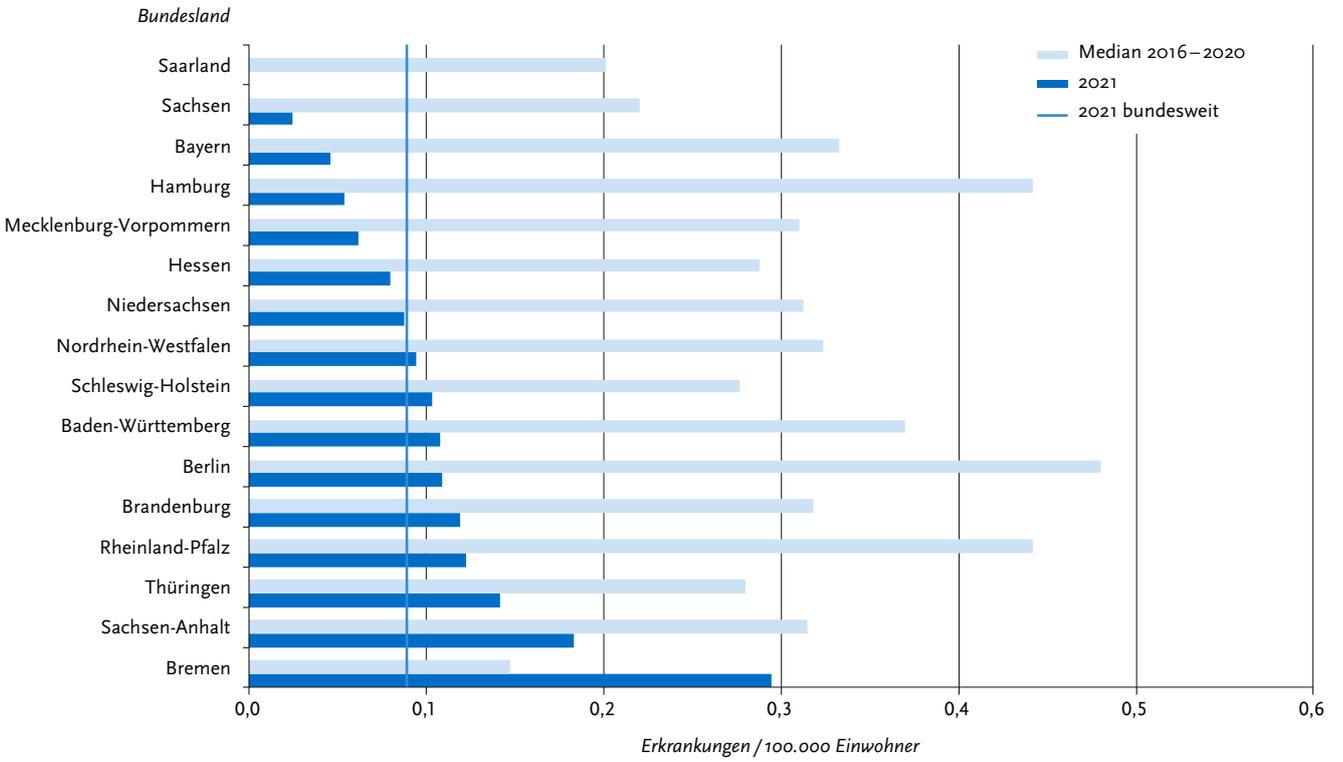
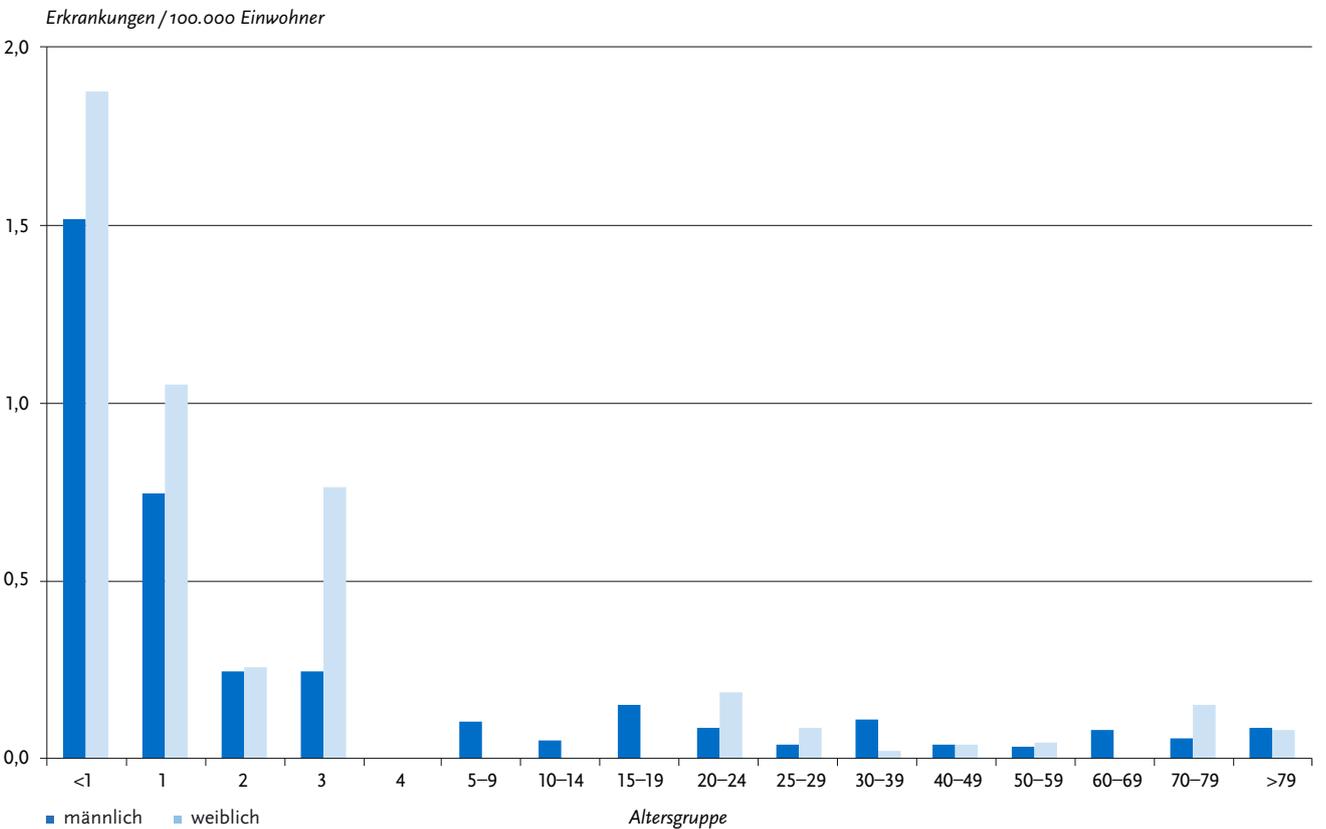


Abb. 6.40.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=74)



Nachgewiesene Erreger

Für 62 (84 %) der 74 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen spezifische Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 72 %). 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 41 Fällen (66 %) für die Mehrzahl der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen verantwortlich (Vorjahr: 56 [55 %]); gefolgt von der Serogruppe W mit 10 (16 %) Fällen (Vorjahr: 11 [11 %]). Die Serogruppe C wurde bei 6 (10 %) Fällen (Vorjahr: 8 [8 %]) und die Serogruppe Y bei 2 (3 %) Fällen (Vorjahr: 19 [19 %]) nachgewiesen. Bei 2 Fällen (3 %) wurde keine Serogruppe aufgrund einer fehlenden Kapsel (NG) nachgewiesen und in einem Fall wurden Meningokokken der Serogruppe A nachgewiesen. Aufgrund der geringen Fallzahlen und der unterschiedlichen Vollständigkeit der Angaben zur Serogruppe kann ein Vergleich mit dem Vorjahr nur eingeschränkt vorgenommen werden.

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 2019 wurde bei den Kindern im Alter von 4 bis 7 Jahre im Bundesdurchschnitt eine Impfquote von 90 % verzeichnet. Von den 16 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe war bei 15 die Serogruppe angegeben. Bei 2 der 15 Fälle wurde die Serogruppe C nachgewiesen. (Vorjahr: 1 Fall). Invasive Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe nahmen insgesamt um 90 % ab (2021: 12 Fälle gegenüber 2006: 116 Fälle), invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C sind um 96 % (2021: 2 Fälle gegenüber 2006: 52 Fälle) zurückgegangen. Einschränkend muss auch hier auf den starken Rückgang der Fallzahlen seit dem Jahr 2020 verwiesen werden. Zusammen mit an anderer Stelle veröffentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rückgang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Infektionen bei Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten weiterhin für eine hohe Wirksamkeit der Meningokokken-C-Impfung.

Tab. 6.40.2:
Serogruppenverteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2021 (n=62 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Serogruppe B	41	66,1 %
Serogruppe W	10	16,1 %
Serogruppe C	6	9,7 %
Serogruppe Y	2	3,2 %
NG (»keine Serogruppe bestimmbar«)	2	3,2 %
Serogruppe A	1	1,6 %
Summe	62	100,0 %

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild wurden bei 72 der 74 invasiven Meningokokken-Infektionen (97 %) gemacht. Nach diesen Angaben lagen bei 36 Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 35 ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 19 Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 7 Fällen und Purpura fulminans bei 2 Fällen angegeben.

Insgesamt 7 Fälle mit invasiven Meningokokken-Infektionen wurden als verstorben übermittelt, davon sind 6 an der gemeldeten Krankheit verstorben, eine erkrankte Person aufgrund anderer Ursache. Die Letalität lag somit bei 8 %.

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im zweiten 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 60 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 13 Fällen (22 %) die Angabe zum Impfstatus. Auch bei 1 von 12 Fällen ohne Angabe der Serogruppe bzw. mit der Angabe »andere/sonstige« (8 %) war der Impfstatus unklar.

Von den 41 übermittelten Fällen der Serogruppe B lagen für 34 Informationen zum Impfstatus vor. Für 6 von diesen wurde eine Impfung angegeben; bei 3 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen die Serogruppe C und bei 3 Fällen lagen keine Informationen vor. Von den 6 Serogruppe C-Erkrankten hatten 4 eine Angabe zum Impfstatus; darunter hatte kein Fall eine Meningokokken-C-Impfung erhalten. Von den 10 Serogruppe-W-Erkrankten lag für 7 eine Angabe zum Impfstatus vor, wobei 6 keine Impfung erhalten hatten und einer eine Impfung gegen Meningokokken C. Von den 2 Fällen der Serogruppe Y hatte ein Fall eine Meningokokken-C-Impfung, für den zweiten Fall war der Impfstatus nicht ermittelbar.

Bei 2 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 2021 bei den übermittelten invasiven Meningokokken-Erkrankungen keine möglichen Impfdurchbrüche identifiziert.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden keine Häufungen von Meningokokken-Infektionen übermittelt.

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit eindeutigen Angaben zur Serogruppe lag bei 84% – und stellt damit eine Verbesserung gegenüber dem Vorjahr (72%) dar. Es fehlten zudem Angaben zum Impfstatus bei 22% 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 2021 im Vergleich zum Vorjahr deutlich ab. Die implementierten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, wie das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und Kontaktbeschränkungen, sind hierfür die wahrscheinlichste Erklärung. Eine geringere Inanspruchnahme medizinischer Versorgung bei einer derart schweren Erkrankung erscheint unwahrscheinlich. Diese Entwicklung erschwert die Interpretation der Fortsetzung oder Veränderung von Trends im Jahr 2021. Der Rückgang betraf alle Serogruppen. Nach Aufhebung der Maßnahmen ist mit einem Wiederanstieg zu rechnen, der aufgrund einer verminderten Immunität infolge der derzeit geringeren Meningokokken-Besiedlung auch deutlich ausfallen könnte.

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). 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

- Krone M, Läm T, Claus H, Vogel U: *Recurrent invasive meningococcal infections – quantifying the risk, Germany, 2002 to 2018*. Euro Surveill 2020. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.25.1900565>
- Krone M, Gray S, Abad R, et al.: *Increase of invasive meningococcal serogroup W disease in Europe, 2013 to 2017*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.14.1800245>
- 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 (2020)*. <https://www.hygiene.uni-wuerzburg.de/meningococcus/startseite/berichte/berichte-meningokokken/daten-2020>
- Whittaker R, Dias JG, Ramliden M, et al.: *The epidemiology of invasive meningococcal disease in EU/EEA countries, 2004 – 2014*. Vaccine 2017. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2017.03.007>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4:3 – 66. <https://doi.org/10.25646/9285>
- 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 31.12.2021 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 2.583 Fälle. Mit weltweit 17 neuen Fällen stiegen die kumulativen Fallzahlen im Jahr 2021 nur noch gering an. 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. Möglicherweise hatten die im Rahmen der COVID-19-Pandemie getroffenen Maßnahmen bzw. Ereignisse auch einen dämpfenden Einfluss auf das Infektionsgeschehen von MERS. Seit 2012 haben 27 Länder Fälle an die WHO gemeldet. Von den gemeldeten 2.583 Fällen starben 889, im Jahr 2021 verstarben 4 (Fall-Verstorbenen-Anteil insgesamt von 34%; Fall-Verstorbenen-Anteil für die Fälle in 2021: 24% [4/17]).

Unter den Primärfällen überwiegen Personen im Alter von 40 bis 80 Jahren, während die Sekundärfälle eher 20 bis 60 Jahre alt sind. Der Fall-Verstorbenen-Anteil steigt mit zunehmendem Alter an. Die Mehrheit der bisherigen MERS-CoV-Fälle ist männlich (69%).

Im Jahr 2021 wurden alle 17 Fälle aus Saudi-Arabien (15 Fälle) oder den Vereinigten Arabischen Emiraten (2 Fälle) berichtet. Sämtliche bisherigen weltweiten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch ein großer südkoreanischer Ausbruch im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien, welches etwa 80% aller Erkrankungen an die WHO meldete, 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 Patienten und Patientinnen entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitsspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der Patienten und Patientinnen, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzerkrankung.

Nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft sind Dromedare die wichtigste Wirtsspezies 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 u. a. bei Baktrian-Kame-

len, 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. 1 Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland einfliegen. Touristen, 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 Patienten, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt, davon verstarb ein Patient. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab in keinem der beiden Fälle einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal ein MERS-Fall 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 2021. <http://www.emro.who.int/health-topics/mers-cov/mers-outbreaks.html>
- Zhang A-R, Shi W-Q, Liu K, et al.: Epidemiology and evolution of Middle East respiratory syndrome coronavirus, 2012 – 2020. *Infectious Diseases of 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 2021 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebrauchern 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 Heroingebrauchern. 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*. EBioMedicine 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 2021: 1.071
- ▶ Seit 9 Jahren deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ 2021 gegenüber den Vorjahren verminderte Abnahme der Fallzahl
- ▶ Höchste Inzidenz bei männlichen Erwachsenen 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 labordiagnostisch 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 2021 wurden 1.071 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 6% weniger als im Vorjahr (1.135). Die Inzidenz in Deutschland betrug 1,3 Fälle pro 100.000 Einwohner und entspricht somit annähernd der Inzidenz des Vorjahres von 1,4 Fällen pro 100.000 Einwohner. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten (s. Abb. 6.43.1). Während dieser Rückgang im Jahr 2020 besonders ausgeprägt war, zeigte sich 2021 nur eine geringe Verminderung.

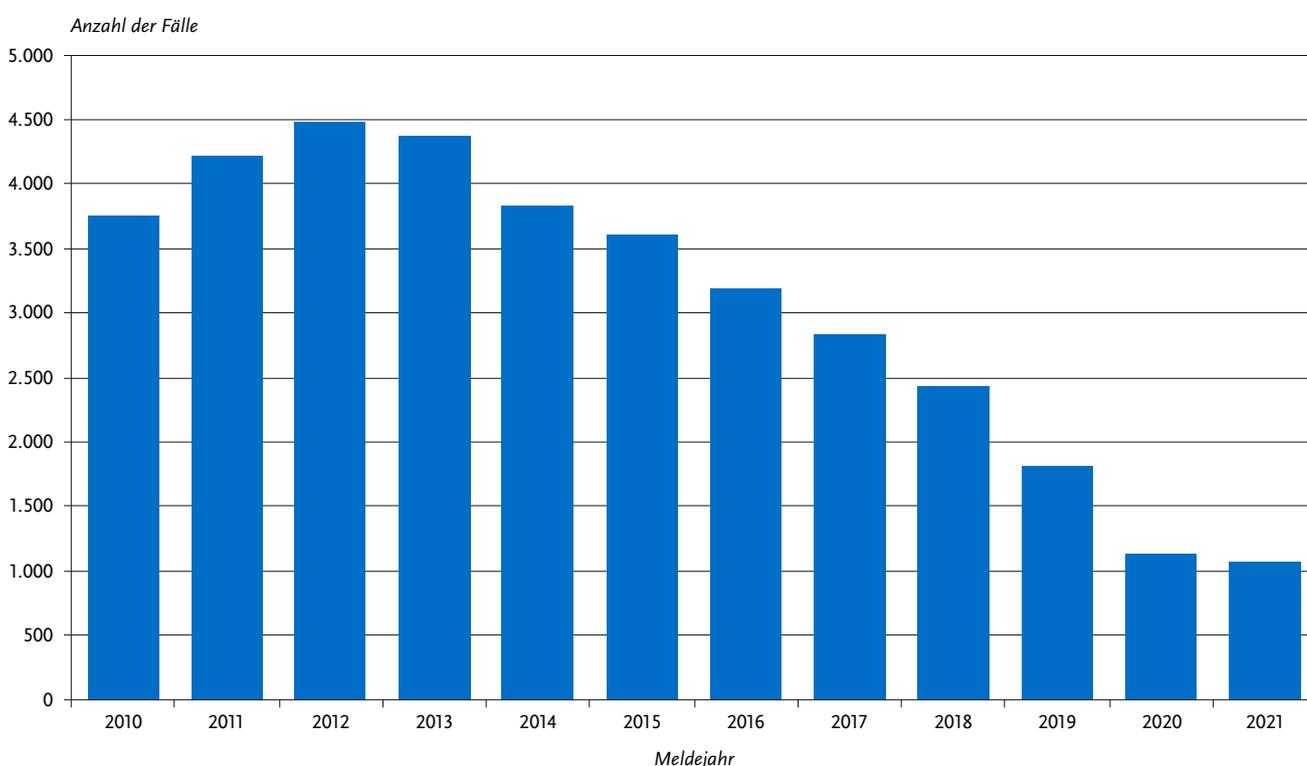
Geografische Verteilung

In den meisten Bundesländern unterschied sich die Anzahl der übermittelten MRSA-Infektionen im Gegensatz zum Vorjahr nicht wesentlich. Nur in Berlin, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt war ein Rückgang der Inzidenz um mindestens 0,5 Infektionen/100.000 Einw. zu verzeichnen. Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,6 (Baden-Württemberg) und 2,1 (Bremen) 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.

Tab. 6.43.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	847	75 %	727	68 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	135	12 %	173	16 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	153	13 %	171	16 %
alle	1.135	100 %	1.071	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.135	100 %	1.071	100 %

Abb. 6.43.1:
Übermittelte MRSA-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2010 bis 2021



Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 5,5 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 3,7. Insgesamt 77% der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (1,7) auf (s. Abb. 6.43.3). Mit einer Inzidenz von 1,7 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (0,9 Fälle/100.000 Einw.).

Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99,6% aus Blutkulturen. Bei 9 (< 1%) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 5 von diesen 9 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 833 der übermittelten Infektionen lagen Angaben zum klinischen Bild vor. Bei 492 (59%) der Infektionen mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 526 (63%) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 29% der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt. Es wurden 54 Todesfälle (5,1% von 1.060 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Patienten häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob der Patient 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.

Abb. 6.43.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=1.071) im Vergleich mit den Vorjahren

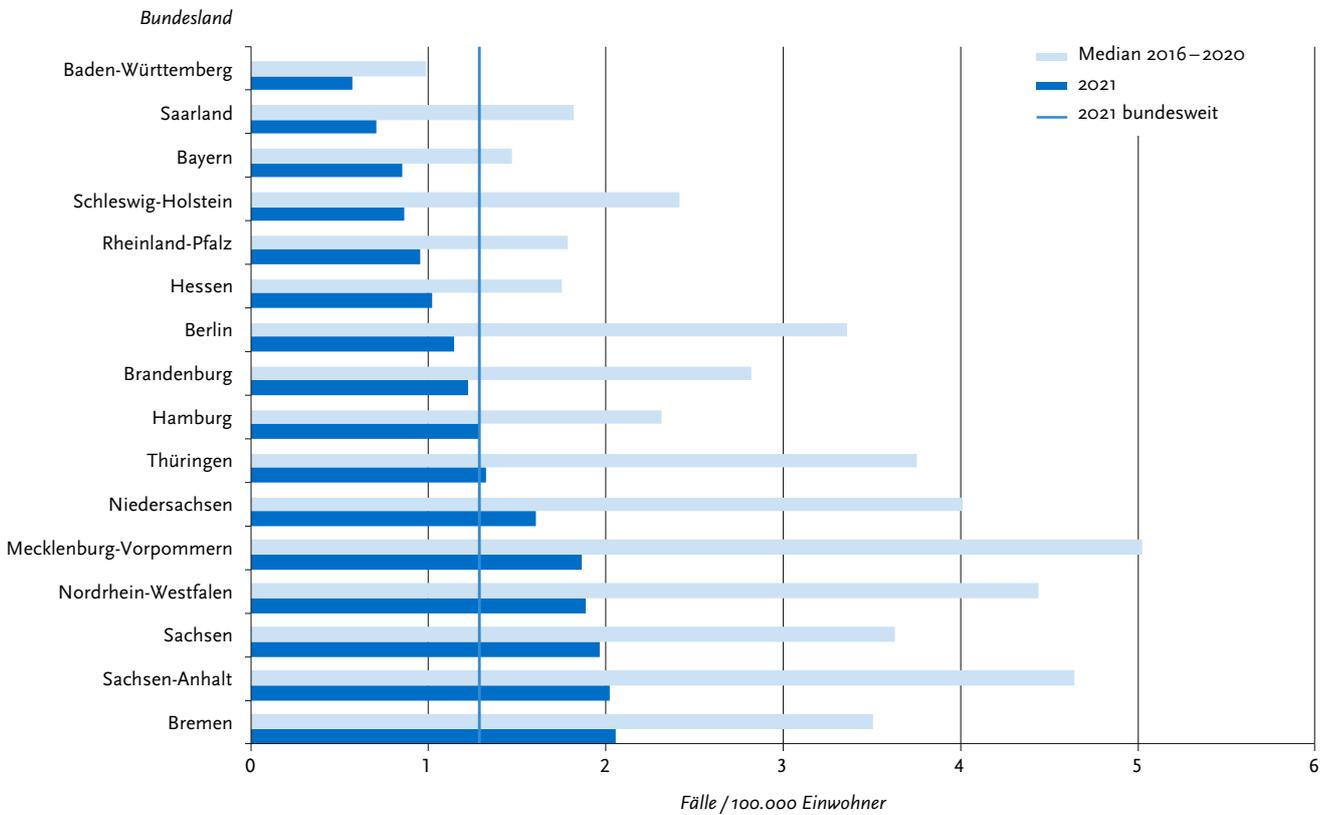
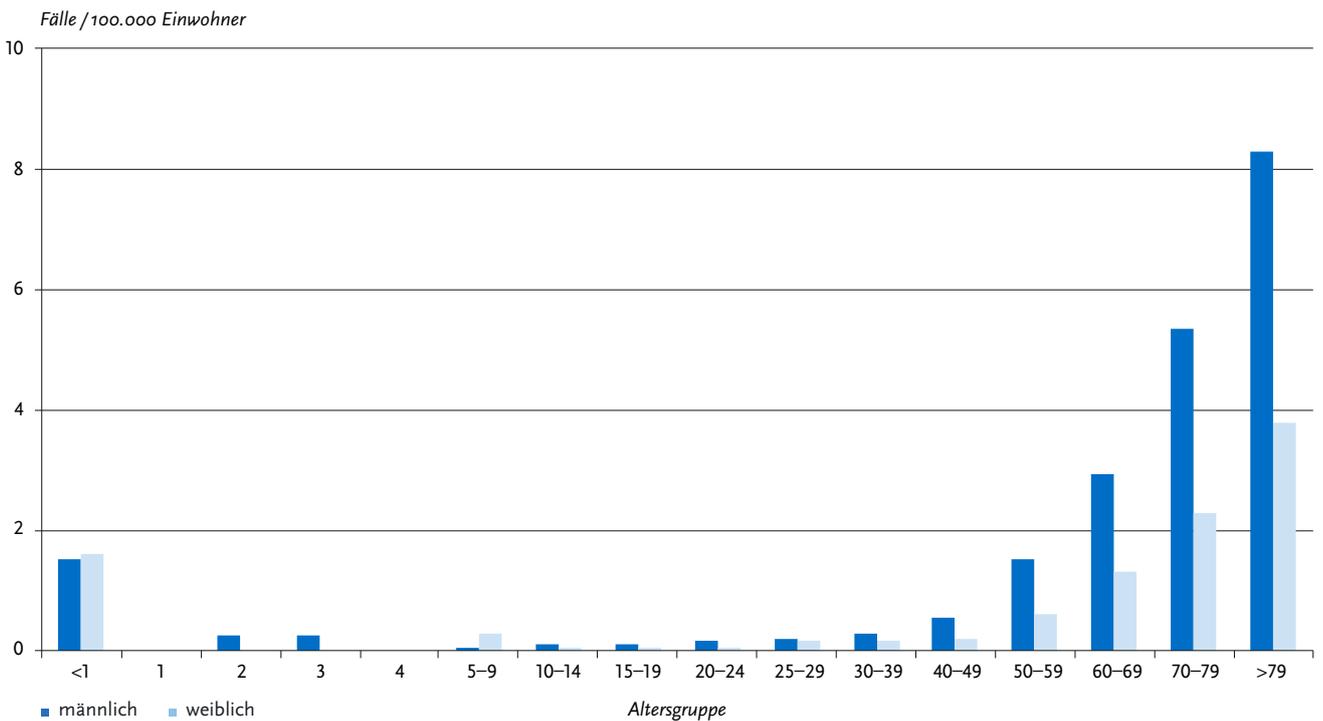


Abb. 6.43.3:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.068)



Datenqualität

Die Daten aus der MRSA-Meldepflicht 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

Die ausgeprägt niedrigere Anzahl der im Jahr 2020 im Vergleich zu den Vorjahren nachgewiesenen MRSA-Infektionen setzte sich im Jahr 2021 nicht fort. Eine mögliche Ursache hierfür wären beispielsweise die insbesondere zu Beginn der COVID-19-Pandemie geringeren Patientenzahlen (durch verschobene elektive Eingriffe/Aufnahmestopp) in den Krankenhäusern, welche sich im Verlauf der Pandemie wieder normalisierten. Eine weitere Möglichkeit wäre eine verspätete Meldung/Übermittlung von Fällen aus dem Jahr 2020. Dies lässt sich zum jetzigen Zeitpunkt und auf Basis der vorliegenden Daten jedoch nicht abschließend klären.

Literaturhinweise

- 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>
- Jurke A, Daniels-Haardt I, Silvis W, et al.: *Changing epidemiology of methicillin-resistant Staphylococcus aureus in 42 hospitals in the Dutch – German border region, 2012 to 2016: results of the search-and-follow-policy*. Euro Surveill 2019. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.15.1800244>
- 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>
- Walter J, Noll I, Feig M, et al.: *Decline in the proportion of methicillin resistance among Staphylococcus aureus isolates from non-invasive samples and in outpatient settings, and changes in the co-resistance profiles: an analysis of data collected within the Antimicrobial Resistance Surveillance Network, Germany 2010 to 2015*. BMC Infect Dis 2017. <https://doi.org/10.1186/s12879-017-2271-6>
- Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten Staphylococcus aureus-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:696–732.
- Walter J, Haller S, Blank H, Eckmanns T, Abu Sin M, Hermes J: *Incidence of invasive methicillin-resistant Staphylococcus aureus infections in Germany, 2010 to 2014*. Euro Surveill 2015. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.46.30067>

- 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 2021: **112**
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 112 bis 835 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 5 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- ▶ 70 % 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 (22 Erkrankungen)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (55 %), 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. Seit 2001 gilt die aktuell bestehende STIKO-Impfempfehlung, die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zu verabreichen, gefolgt von der 2. Impfstoffdosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß IfSG für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus.

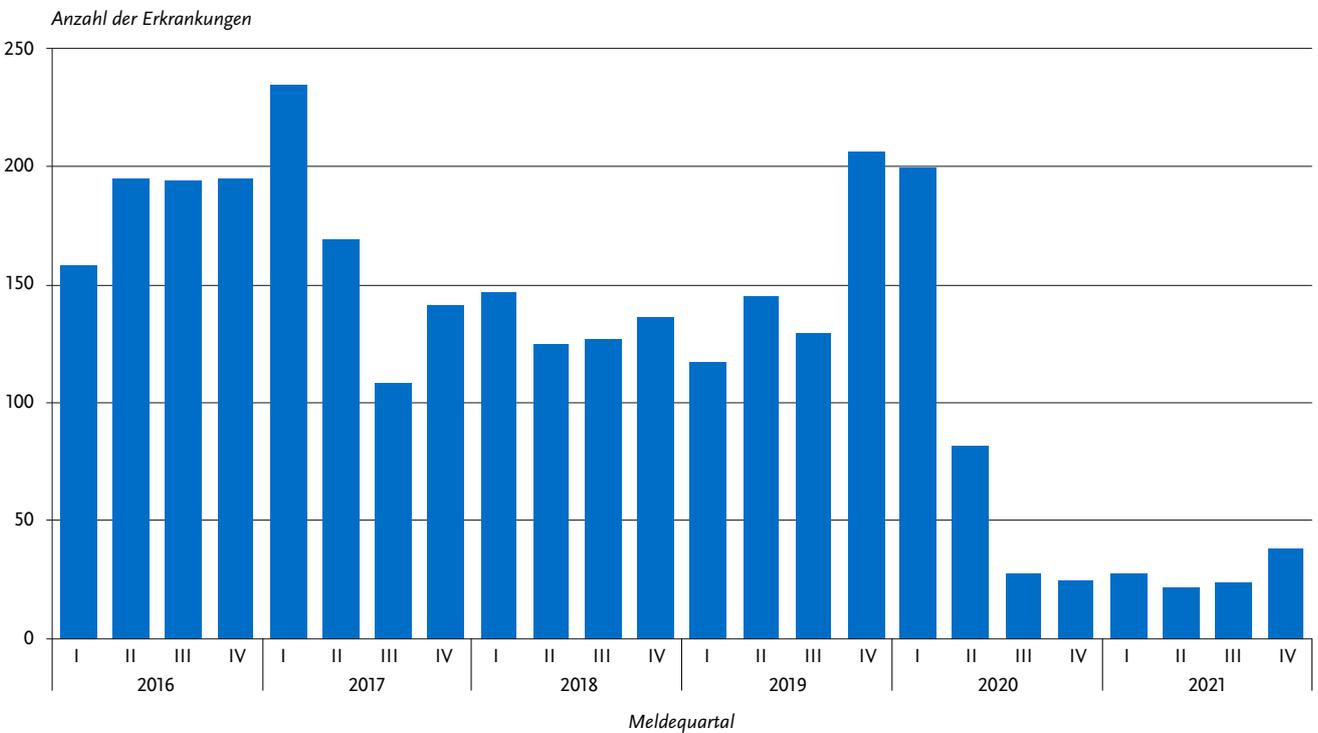
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.44.1).

Tab. 6.44.1: Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	88	16 %	45	18 %
klinisch-epidemiologisch (B)	13	2 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	237	44 %	67	27 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	66	12 %	49	20 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	130	24 %	85	35 %
alle	534	100 %	246	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	338	63 %	112	46 %

Abb. 6.44.1: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2016 bis 2021



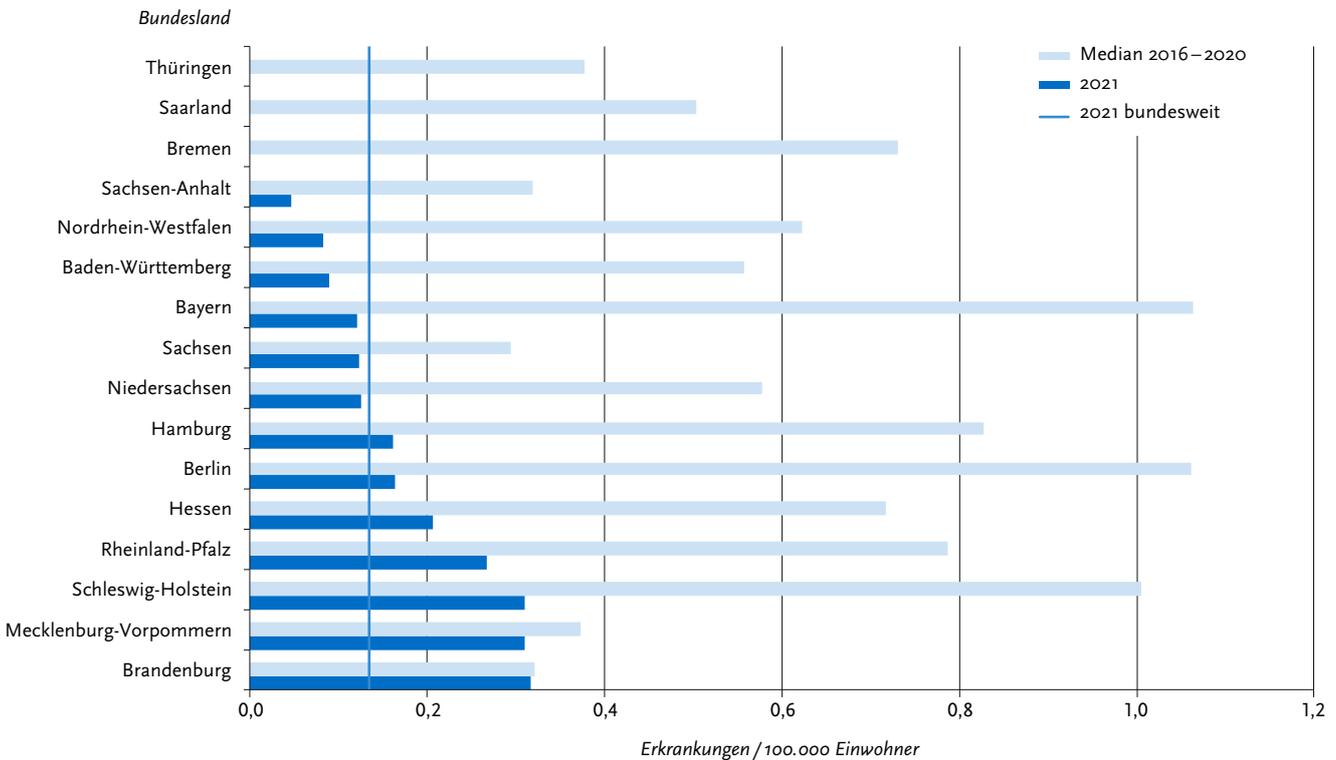
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2021 wurden 112 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Die Zahl der Mumps-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr (338 Erkrankungen) erneut deutlich abgenommen (-67%) und stellt damit ein neues Minimum an jährlich übermittelten Mumps-Erkrankungen dar. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 bei 835 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten zwar im gesamten Jahr 2021 auf, die Fallzahl ist jedoch im Jahresverlauf auf dem niedrigen Niveau der zweiten Jahreshälfte des Vorjahres geblieben. In den Quartalen des Jahres 2021 wurden zwischen 22 und 38 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Es ist zu vermuten, dass der Rückgang 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 0,13 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und ist im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (0,7/100.000) weiter deutlich zurückgegangen. Inzidenzen oberhalb des bundesweiten Durchschnitts wurden mit abnehmender Höhe in den folgenden Bundesländern verzeichnet: Brandenburg (0,32), Mecklenburg-Vorpommern (0,31), Schleswig-Holstein (0,31), Rheinland-Pfalz (0,27), Hessen (0,21), Berlin (0,16) und Hamburg (0,16) (s. Abb. 6.44.2). Einen besonders deutlichen Rückgang der Inzidenz um ≥ 85% im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man in Thüringen, dem Saarland, Bremen, Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 51 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (mit 49 von 51 [96%] Nennungen).

Abb. 6.44.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=112)



Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-Jährigen (0,5 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. In allen übrigen Altersgruppen ist die Inzidenz weniger als halb so hoch ($< 0,25/100.000$ Einwohner). Mehr als zwei Drittel (70%) 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 2021 bei Mädchen und Frauen nahezu gleich hoch wie bei Jungen und Männern (0,14 und 0,13).

Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 99 (88%) 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 43-mal (38%), Pankreatitis 5-mal (5%), Hörverlust 4-mal (4%), Meningitis 3-mal (3%) und Orchitis einmal (2% der Jungen und Männer).

Im Jahr 2021 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff) erfolgen. Seit 2001 gilt die aktuelle STIKO-Empfehlung, wonach die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten und die 2. Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten verabreicht werden soll. 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. 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 112 übermittelten an Mumps Erkrankten war der Impfstatus bei 81 (72%) bekannt. Von diesen wurden 45 (56%) als geimpft und 36 (44%) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.44.4). Bei 32 (71%) der 45 geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: Es wurden davon 10 Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet; (i) 7 Erkrankte die zum Zeitpunkt der Erkrankung < 18 Jahre alt waren und nur einmal geimpft waren, (ii) 1 Erkrankter im Alter ≥ 18 Jahre, welcher ebenfalls nur einmal geimpft war und bei dem die Impfung im Kindesalter erfolgt war sowie 2 Mumps-Erkrankte, die im Alter < 18 Jahren 2-mal geimpft worden waren und bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung < 21 Tage betragen hat. Es wurden 22 Mumps-Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung als »ausreichend geimpft« beurteilt. Darunter waren (iv) zwei Erkrankte, die 3-mal gegen Mumps geimpft worden waren, (v) 10 Mumps-Erkrankte, die im Alter < 18 Jahren 2-mal geimpft worden waren und bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betragen hat, (vi) 8 Mumps-Erkrankte, die im Alter ≥ 18 Jahre 2-mal geimpft worden waren, bei denen der Impfabstand zwischen der letzten Impfung und der Mumps-Erkrankung > 21 Tage betrug und (vii) 2 Erkrankte, die im Alter ≥ 18 Jahre einmalig

Abb. 6.44.3: Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=112)

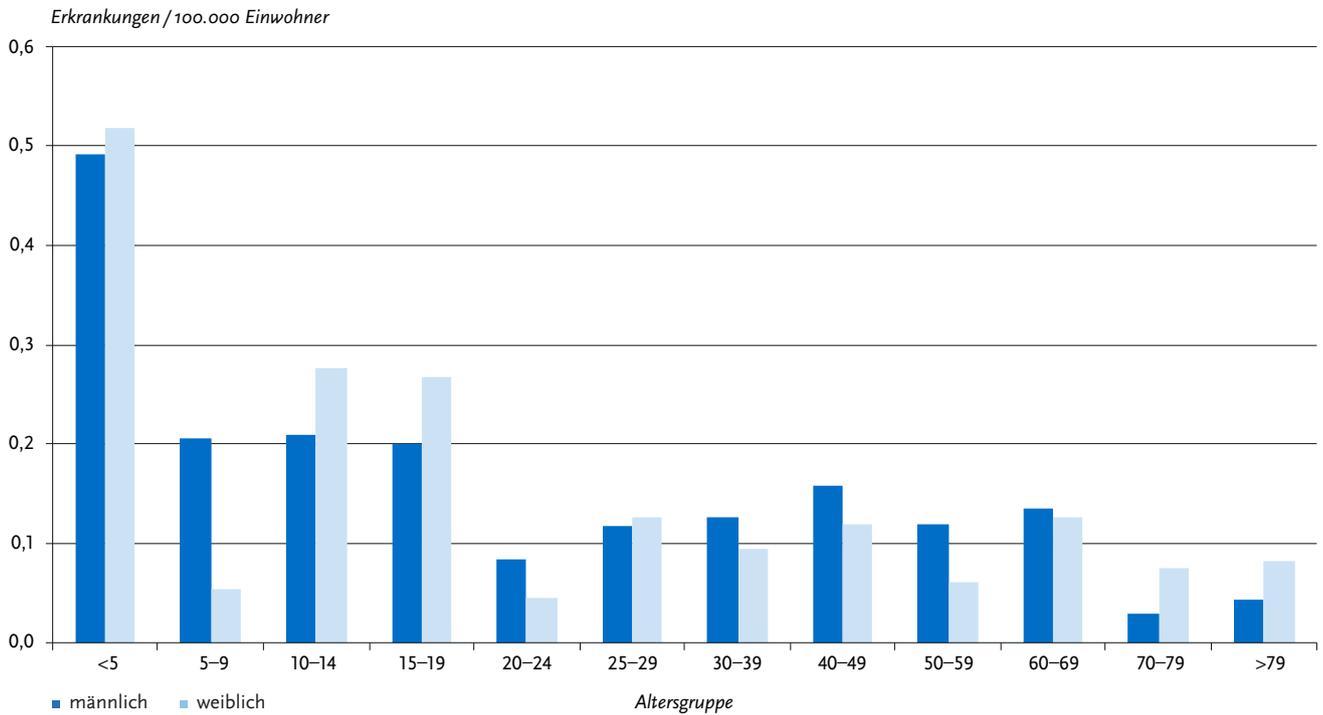
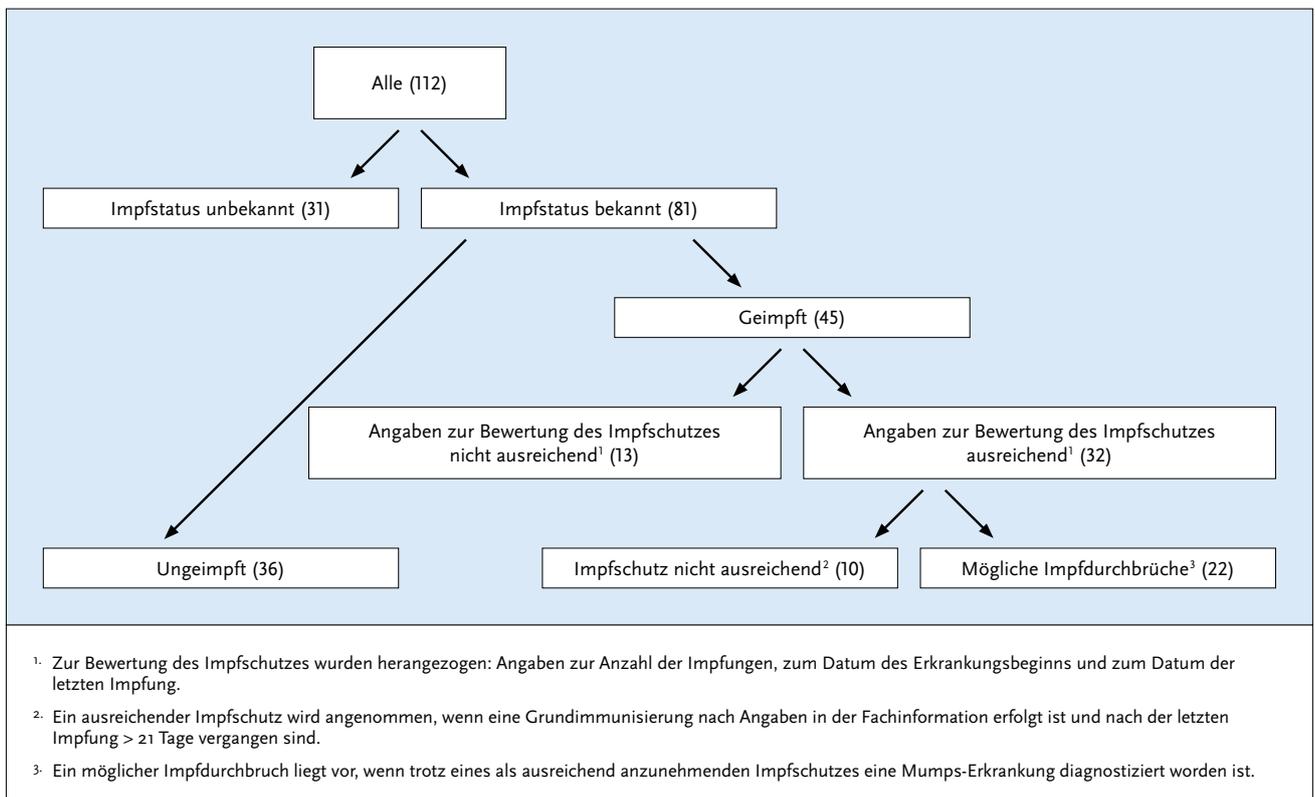


Abb. 6.44.4: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2021 (n=112)



geimpft worden waren und einen ausreichenden Impfabstand zwischen Impfung und Erkrankung aufwiesen. Bei den 22 Mumps-Erkrankten, die gemäß den Angaben zum Impfstatus als ausreichend geimpft eingestuft worden sind, muss von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden. Der Großteil der 2-mal oder mehr Geimpften, bei denen Angaben zum Alter bei Impfung vorlagen (16 von 20; 80%), war 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 9,3 Jahre zurück (Median: 5,4 Jahre).

Ausbrüche

Es wurden 2021 keine Mumps-Ausbrüche übermittelt. Im Vorjahr wurden insgesamt 11 Ausbrüche mit 38 Fällen übermittelt dies entsprach etwa 11% der 2020 übermittelten Mumps-Erkrankungen.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (55%) von labordiagnostisch bestätigten Fällen verwunderlich, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 20%) oder unbekanntem (Falldefinitions-kategorie E; 35%) klinischen Bild die Referenzdefinition nicht erfüllen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass pandemiebedingt die zusätzlich notwendigen Recherchen zur Klärung des Sachverhalts aufgrund der außergewöhnlichen Arbeitslast in den Gesundheitsämtern nicht immer durchgeführt werden konnten. Zudem ist es möglich, dass aufgrund des unspezifischen Labornachweises (IgM) keine Mumps-Infektion vorliegt. Ferner fällt auf, dass keine Mumps-Erkrankungen Ausbrüchen zugeordnet werden konnten und Mumps-Erkrankungen nur als Einzelfälle übermittelt wurden. Zur besseren Darstellung der Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte zukünftig versucht werden, Infektionsketten umfassender aufzuklären und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Damit es möglich ist, 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 112 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer niedrigen Fallzahl < 500 Fällen/ Jahr. Bedenklich ist die hohe Anzahl (n=22) 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 verantwortlich 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>
- 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, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2021; 49:6 – 29. <https://doi.org/10.25646/9355>
- RKI-Ratgeber (2019). www.rki.de/ratgeber

6.45 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 33.002
- ▶ Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbestätigter Erkrankungen
- ▶ Nach extremem Rückgang der Fallzahlen im Vorjahr, Wiederanstieg in der zweiten Jahreshälfte
- ▶ Höchste Inzidenz bei einjährigen Kindern mit 725 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 5 verschiedene Genogruppen (GI-GV) unterschieden, wobei für den Menschen die Gruppen GI, GII und GIV relevant sind. Sie 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

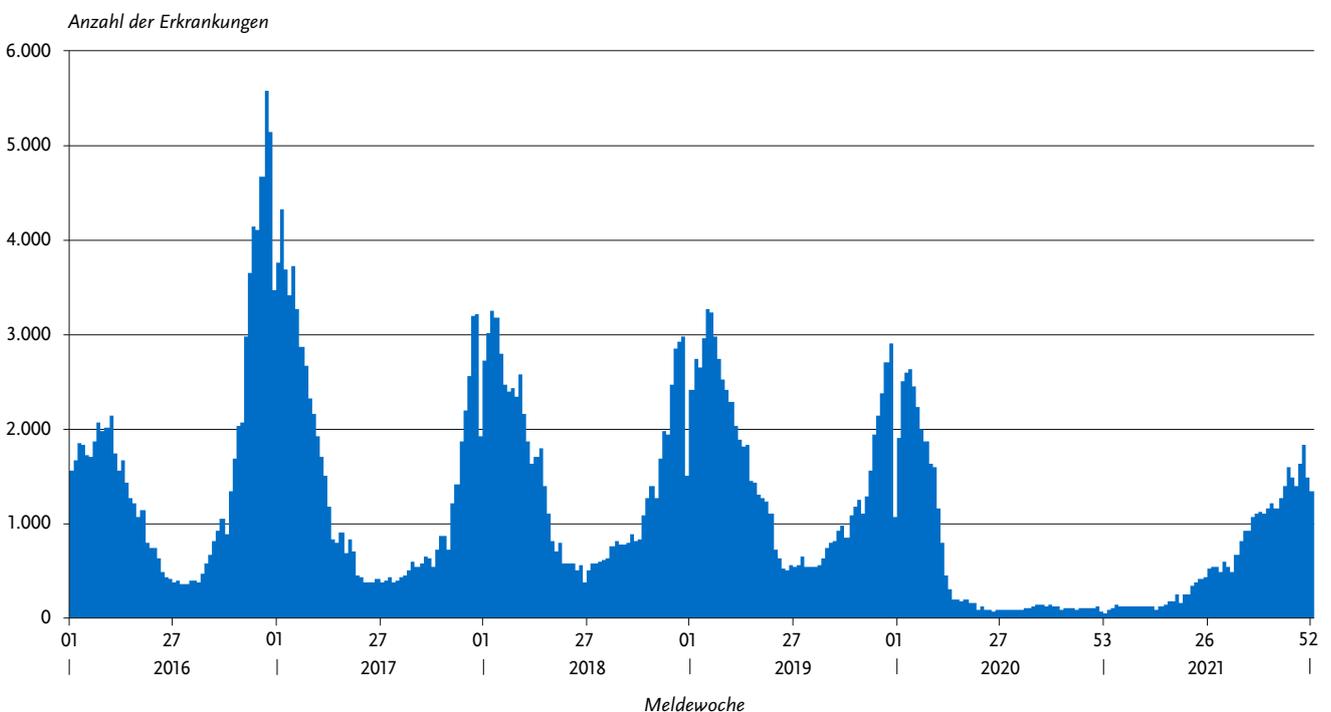
Im Jahr 2021 wurden dem RKI 33.002 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (15,6% mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 39,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (34,3 Erkr./100.000 Einw.) leicht angestiegen, liegt aber noch immer deutlich unter dem Median der letzten 5 Jahre (93,4 Erkr./100.000 Einw.).

Wie im Jahr zuvor wurde, wahrscheinlich bedingt durch die Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, zu Anfang des Jahres eine untypisch geringe Inzidenz beobachtet. Im I. Quartal 2021 betrug diese lediglich 5% des Vergleichszeitraumes der Vorjahre. Die höchsten Fallzahlen wurden im Jahr 2021 in den Herbst- und Wintermonaten verzeichnet. Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde mit 1.828 Erkrankungen in der 50. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 13. Meldewoche mit 85 Erkrankungen (s. Abb. 6.45.1).

Tab. 6.45.1:
Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	28.539	84 %	33.002	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	681	2 %	1.116	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.778	14 %	5.505	14 %
alle	33.998	100 %	39.623	100 %
Referenzdefinition (C)	28.539	84 %	33.002	83 %

Abb. 6.45.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2016 bis 2021



Geografische Verteilung

In allen Bundesländern außer Bayern wurde ein zum Teil deutlicher Anstieg der Norovirus-Gastroenteritiden im Vergleich zum Jahr 2020 verzeichnet. Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Sachsen-Anhalt (145 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (101), Thüringen (101), Mecklenburg-Vorpommern (90) sowie Brandenburg (75) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Baden-Württemberg (19), Bremen (22), Hessen (23), Schleswig-Holstein (24), und Bayern (27) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.45.2). Bei 19.089 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (19.114 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 99 % der Nennungen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden, wie in den Vorjahren, bei den unter 2-Jährigen mit einem Häufigkeitsgipfel bei den einjährigen Kindern (725 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Neben den Kindern war auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (84 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.45.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 9 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei Kindern ab 10 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 (40), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (38) (s. Abb. 6.45.3).

Abb. 6.45.2:
 Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=33.002) im Vergleich mit den Vorjahren

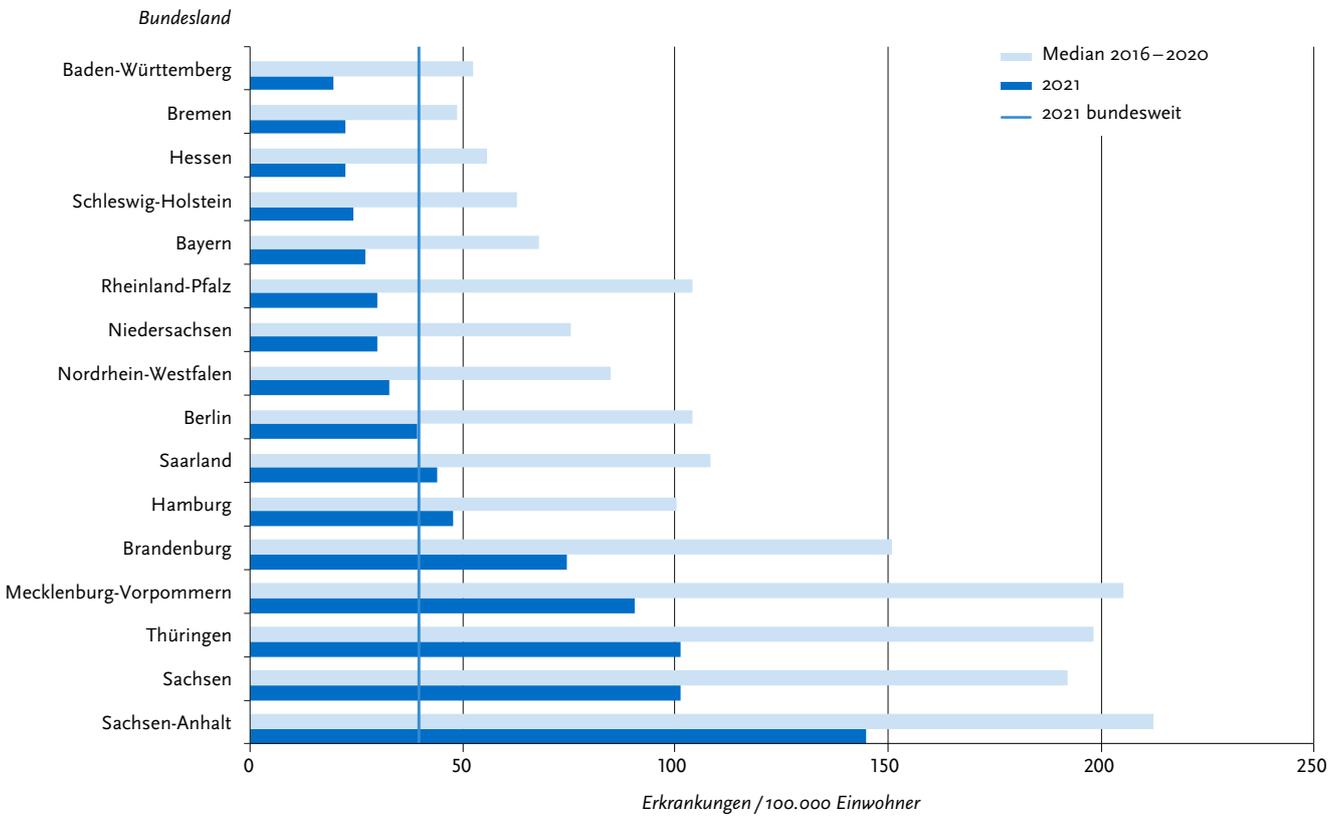
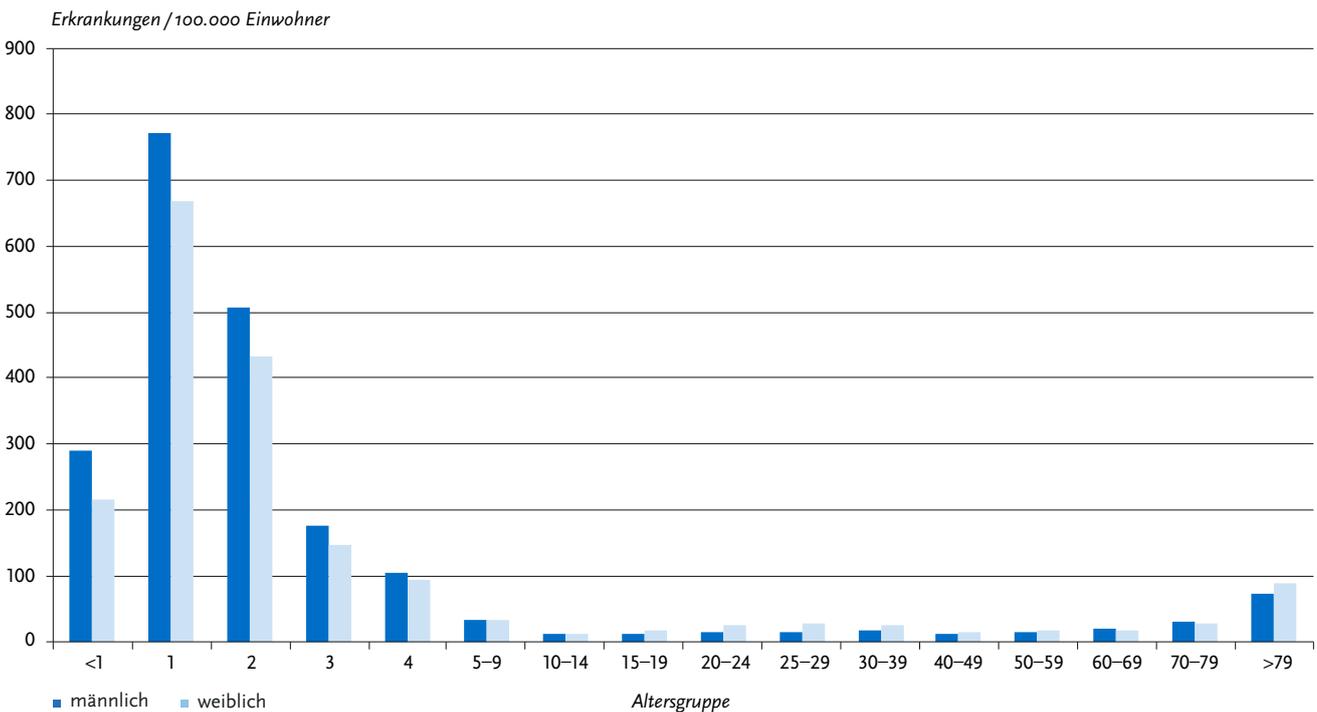


Abb. 6.45.3:
 Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=32.586)



Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 16 Norovirus-Fälle übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,05 % (Vorjahr: 0,06 %).

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 5.758 (18 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 1.430 höher als im Vorjahr (2020: 1.296). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 50. Meldewoche 2021 übermittelt (95), die niedrigste in 3 Meldewochen in der ersten Jahreshälfte (mit jeweils 2 Ausbrüchen) (s. Abb. 6.45.4).

Für 1.372 Ausbrüche (96 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Kindergärten, Horte (37 %), Alten- und Pflegeheime (24 %), Krankenhäuser (21 %) sowie private Haushalte (8 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche (n=70) des Jahres 2021 wurden nicht rekombinante Viren der Genogruppe GI in keinem Ausbruch als auslösendes Agens identifiziert. Nicht rekombinante Viren der Genogruppe GII wurden in 6 %, rekombinante Viren hingegen in 94 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem

Jahr 2015 stetig steigt, im Vergleich zum Vorjahr (89 %) im Jahr 2021 weiter leicht gestiegen.

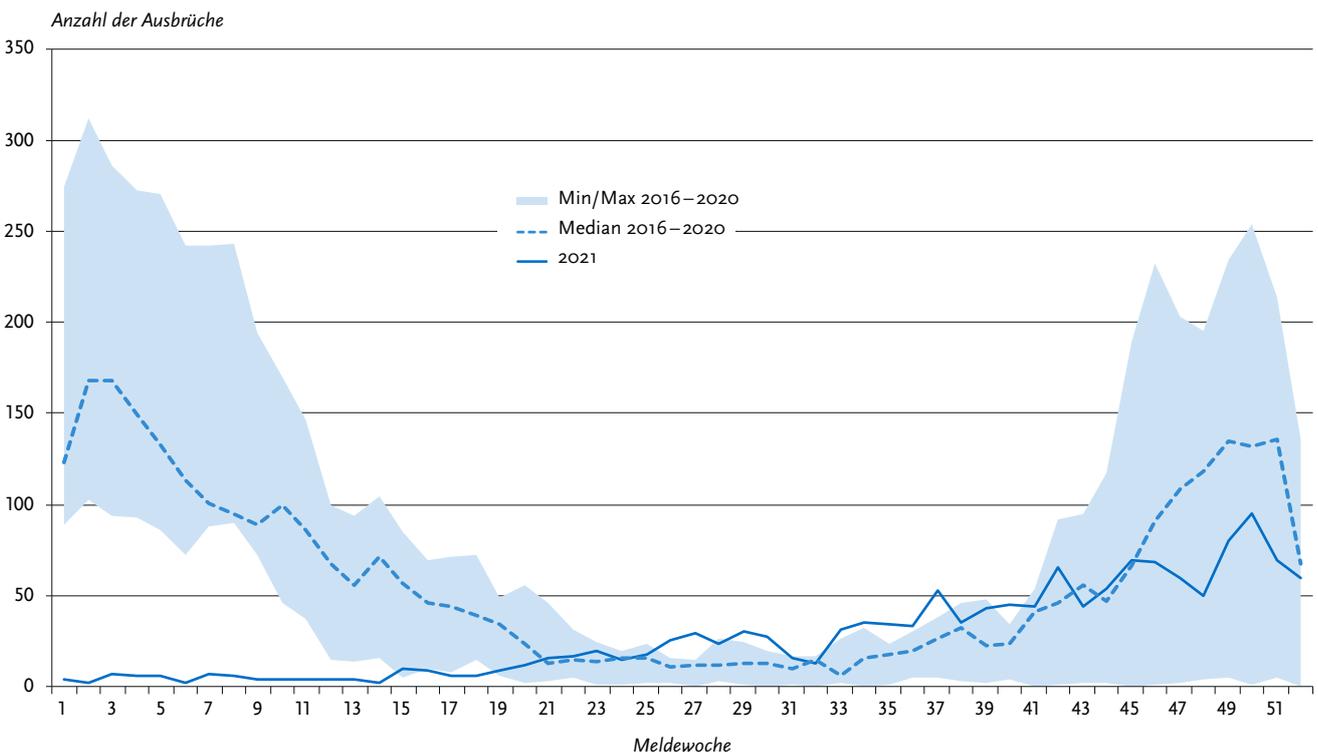
Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante (GII.P16-GII.4 Sydney) war für 41 % aller Norovirusassoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigsten nachgewiesene Norovirus-Variante. Insgesamt wurden 13 verschiedene Norovirus-Varianten im Jahr 2021 detektiert.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labor diagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch 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-labor diagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labor diagnostisch bestätigt.

Abb. 6.45.4:
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2021 (n=1.430) im Vergleich mit den Vorjahren



Fazit

Die Inzidenz übermittelter Norovirus-Gastroenteritiden befand sich im ersten Halbjahr 2021 im Vergleich zu den Jahren vor der Pandemie noch auf einem sehr niedrigen Niveau. Dies war sehr wahrscheinlich bedingt durch die Maßnahmen zur Bekämpfung der COVID-19-Pandemie und zum Beispiel durch Veränderungen der Kontaktmuster in der Bevölkerung (wie Schließung von Gemeinschaftseinrichtungen, Absage von Veranstaltungen und Kreuzfahrten). Im zweiten Halbjahr wurde wieder eine mit den Jahren vor der Pandemie vergleichbare, wenn auch niedrigere Inzidenz verzeichnet.

Literaturhinweise

- 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

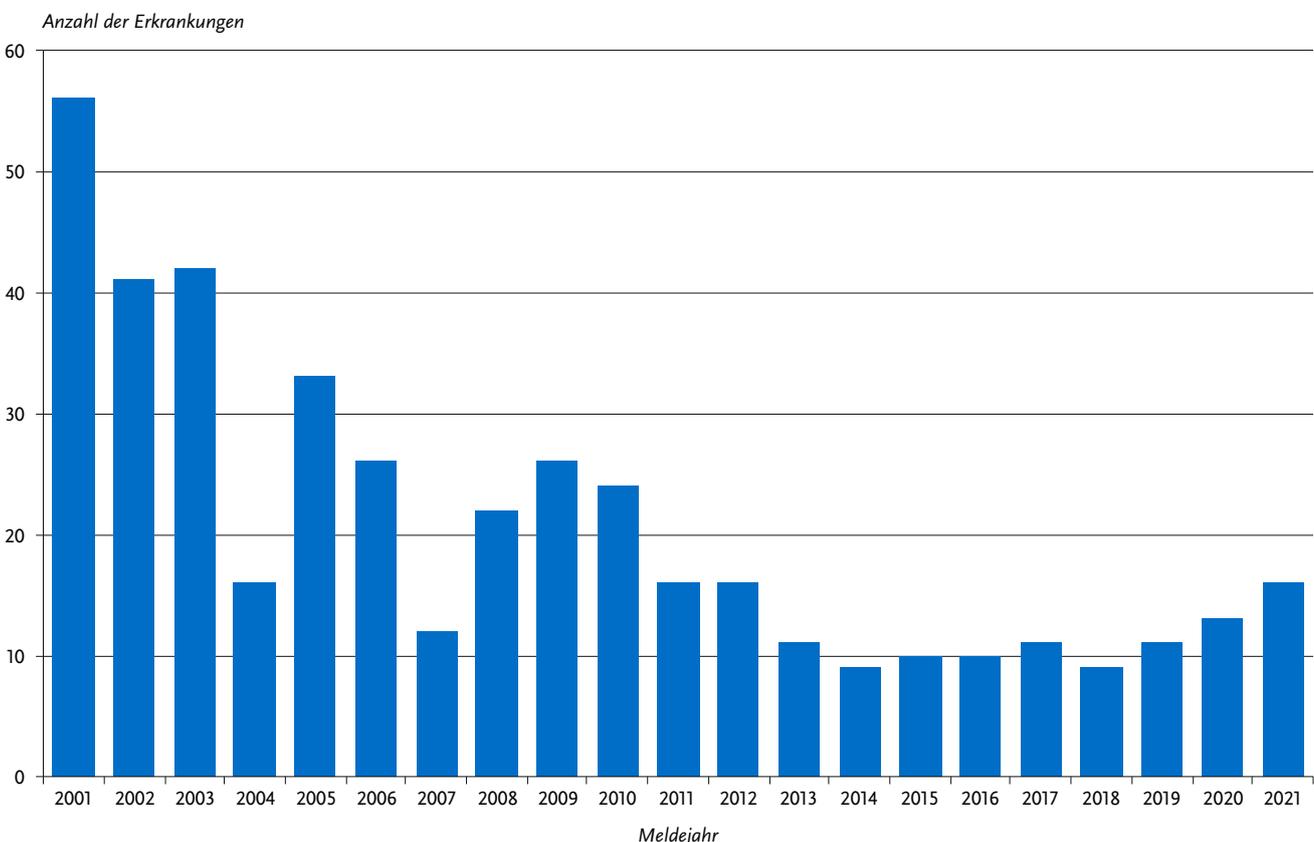
6.46 Ornithose**Kurzbeschreibung**

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 überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen 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 2021 wurden 16 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 Nordrhein-Westfalen wurden 5 Erkrankungen übermittelt, aus Niedersachsen 4 Erkrankungen, aus Baden-Württemberg 3 Erkrankungen und aus Brandenburg, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen wurde jeweils eine Erkrankung übermittelt. Für 13 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben.

Abb. 6.46.1:
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Die Erkrankten Personen entfallen auf Altersgruppen zwischen 25 und 79 Jahren. Unter den Erkrankten waren 3 Frauen und 13 Männer. Bei 12 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert, bei einem Erkrankten wurde eine Endokarditis übermittelt. Zwei Personen sind krankheitsbedingt 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 Chlamydophila 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

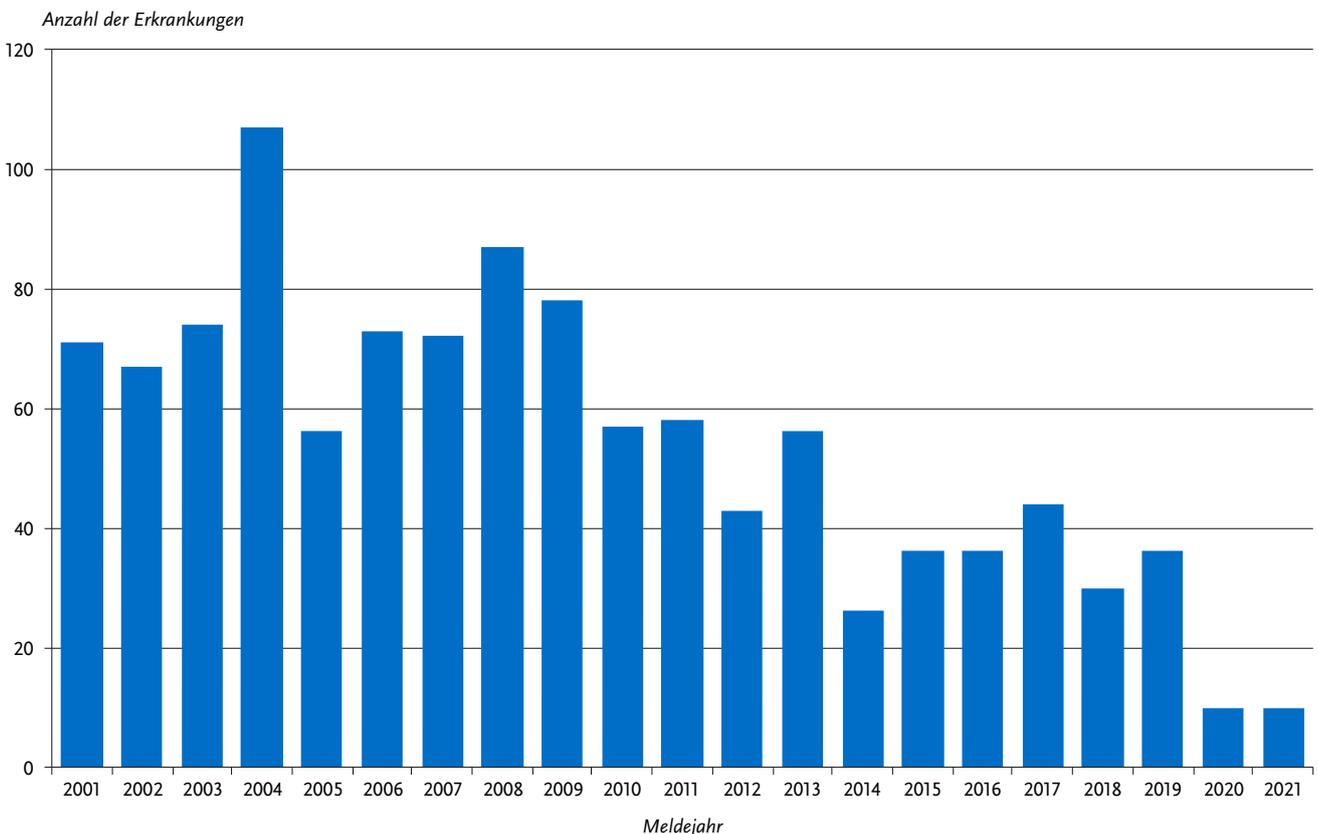
Paratyphus wird durch die Serotypen Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Der Serotyp Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serotypen Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern vorkommen. Erkrankungen durch Infektion mit dem enteritischen 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. 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 gleicht dem des Typhus abdominalis, verläuft aber in der Regel milder.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden wie im Vorjahr 10 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.47.1). Die starke Abnahme der übermittelten Erkrankungen seit 2019 ist vermutlich vor allem durch die verminderte (Fern-) Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie bedingt.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2021 aus den 6 Bundesländern Niedersachsen (3), Nordrhein-Westfalen (3) und Brandenburg, Berlin, Hessen und Bayern (je 1) übermittelt. Für 7 Erkrankungen wurde jeweils ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt, davon lagen 6 im Ausland. Hier wurden der Irak (3), Pakistan (2) und Indien (1) genannt.

Abb. 6.47.1: Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Es erkrankten 6 weibliche und 4 männliche Personen. Die meisten Erkrankungen (80%) traten in der Altersgruppe der unter 25-Jährigen auf. Informationen zum Serotyp lagen bei allen Erkrankungen vor. Von den 4 Erkrankungen durch *S. Paratyphi A* wurden 3 aus Pakistan oder Indien importiert. Von den 6 Erkrankungen durch *S. Paratyphi B*, wurden 3 mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort im Irak erworben. 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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>
- 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, wird durch Polioviren hervorgerufen, die von infizierten Menschen in großer Zahl mit dem Stuhl ausgeschieden werden. Die Übertragung erfolgt vorwiegend fäkal-oral; eine Übertragung über Tröpfchen ist auch möglich. Es gibt eine wirkungsvolle Schutzimpfung. In Deutschland wurde 1998 der Impfstoff von OPV (orale Polio-Lebendvakzine) auf IPV (inaktivierte Polio-Vakzine) umgestellt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 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. Die letzte mit dem Impfvirus in Zusammenhang gebrachte Poliomyelitis trat im Jahr 2000 auf. Es handelte sich dabei um eine Frau mit Antikörpermangelsyndrom, die 1998 mit OPV geimpft worden war.

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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820.2>
- Diedrich S: *Weltpoliotag 2020: Afrikanische Region als poliofrei zertifiziert*. *Epid Bull*. 2020; 43:15–16. <https://doi.org/10.25646/7166>
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

6.50 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 99
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr 80% höher
- ▶ 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 erregerbelasteten 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.

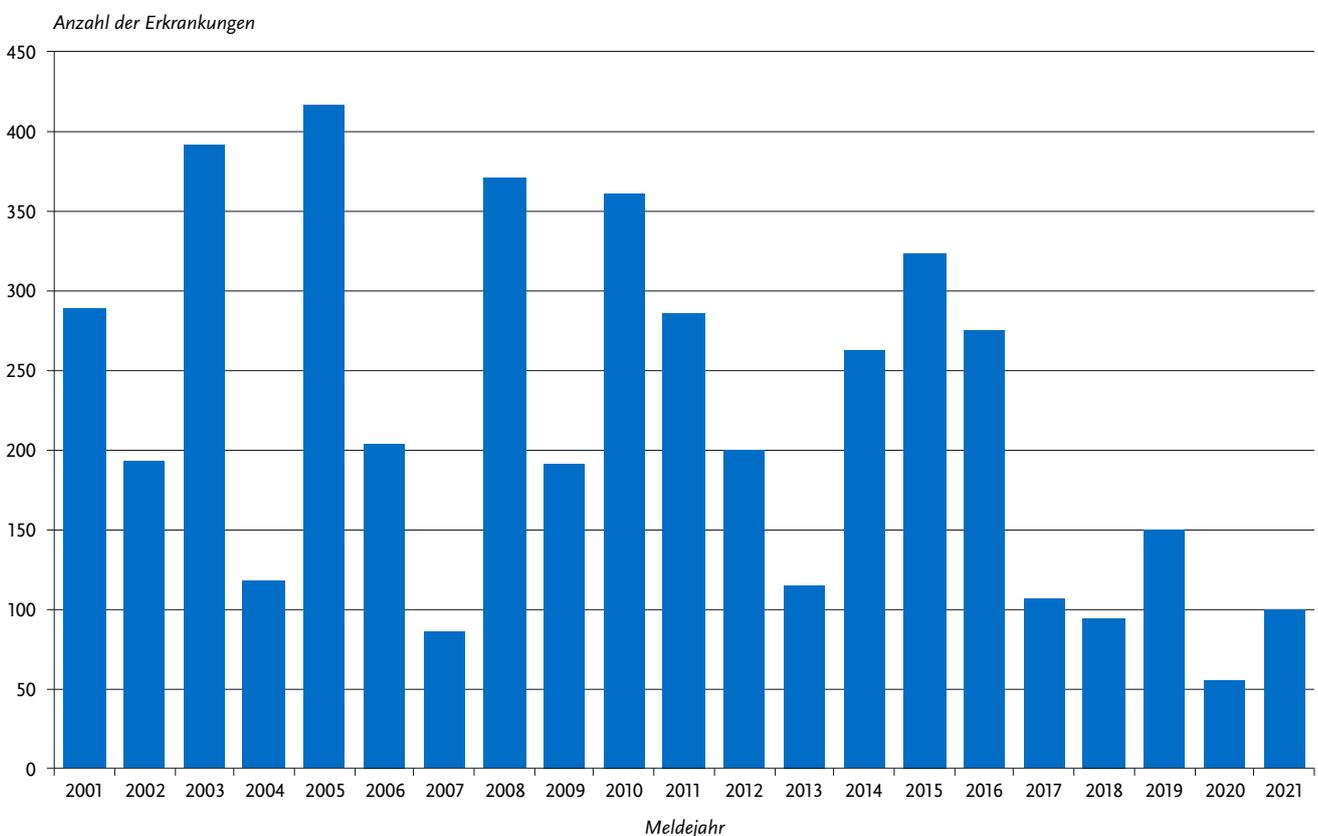
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

Tab. 6.50.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	55	71 %	99	68 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	9 %	21	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	16	21 %	26	18 %
alle	78	100 %	146	100 %
Referenzdefinition (B+C)	55	71 %	99	68 %

Abb. 6.50.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden insgesamt 99 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (55) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 80% höher (s. Abb. 6.50.1), liegt aber unter dem Median der Vorjahre (200).

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen, Hamburg und dem Saarland sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Die höchsten Inzidenzen wurden dabei in Berlin (0,5 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet.

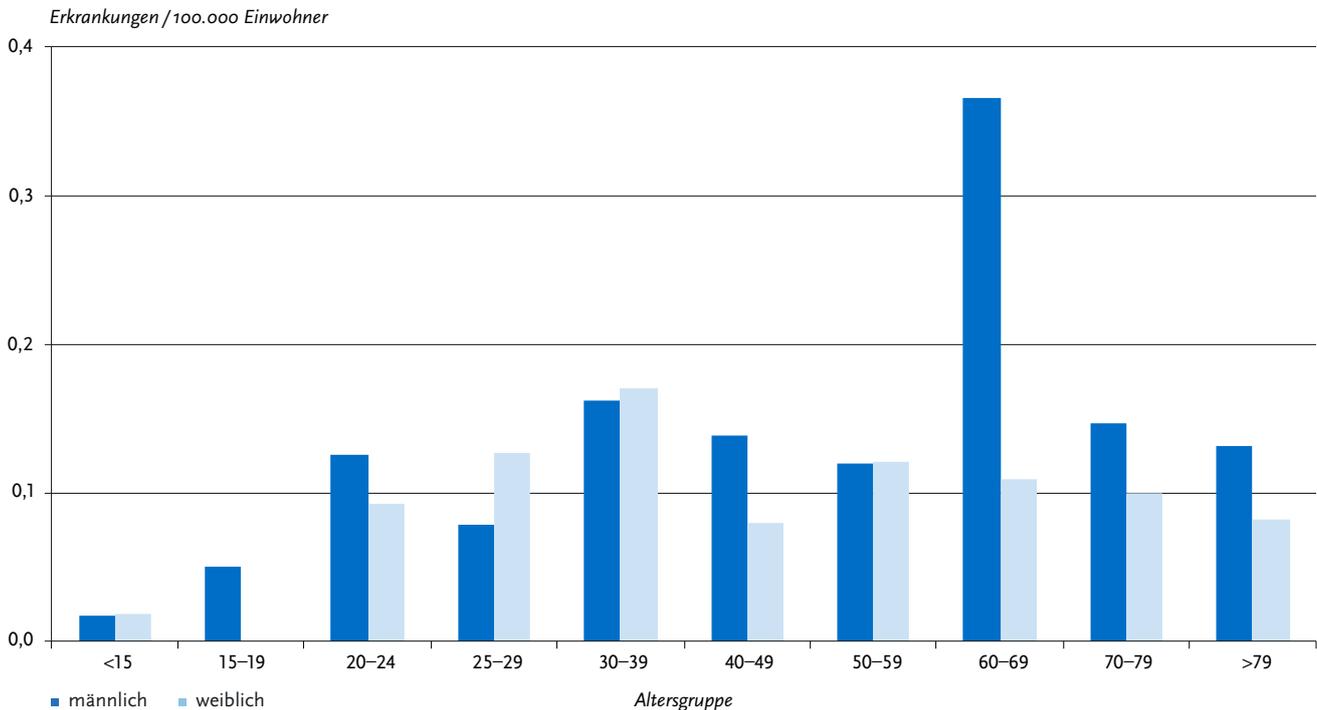
Für 73 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (74%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) genannt. Bei 67 Erkrankungen (91%) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden in allen Altersgruppen übermittelt. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 60- bis 69-jährigen Männern (0,4 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen.

Wie in den Vorjahren waren Männer (58 Erkrankungen) deutlich stärker betroffen als Frauen (40 Erkrankungen), bei einem Fall ist das Geschlecht nicht bekannt. (s. Abb. 6.50.2).

Abb. 6.50.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=98)



Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 215 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 82% aller Erkrankungen) und Fieber (bei 75% aller Erkrankungen). Bei 25 Erkrankungen (25%) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 wurden 15 Erkrankungen in einem Ausbruch aus Berlin und Brandenburg übermittelt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass es sowohl bei sporadischen Q-Fieber-Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland starke und schwache Jahre gibt. Seit 2001 schwanken die Zahlen zwischen 55 und 416 Erkrankungen pro Jahr (Median 200 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

Literaturhinweise

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

6.51 Rotavirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: **5.619**
- ▶ Bei insgesamt rückläufigem Trend seit 2008 sind die Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr um 13% zurückgegangen
- ▶ Der weitere Rückgang der Rotavirus-Gastroenteritiden ist vermutlich auf die Infektionsschutzmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie zurückzuführen.
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- ▶ 106 Ausbrüche mit 631 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 Impfkommision (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

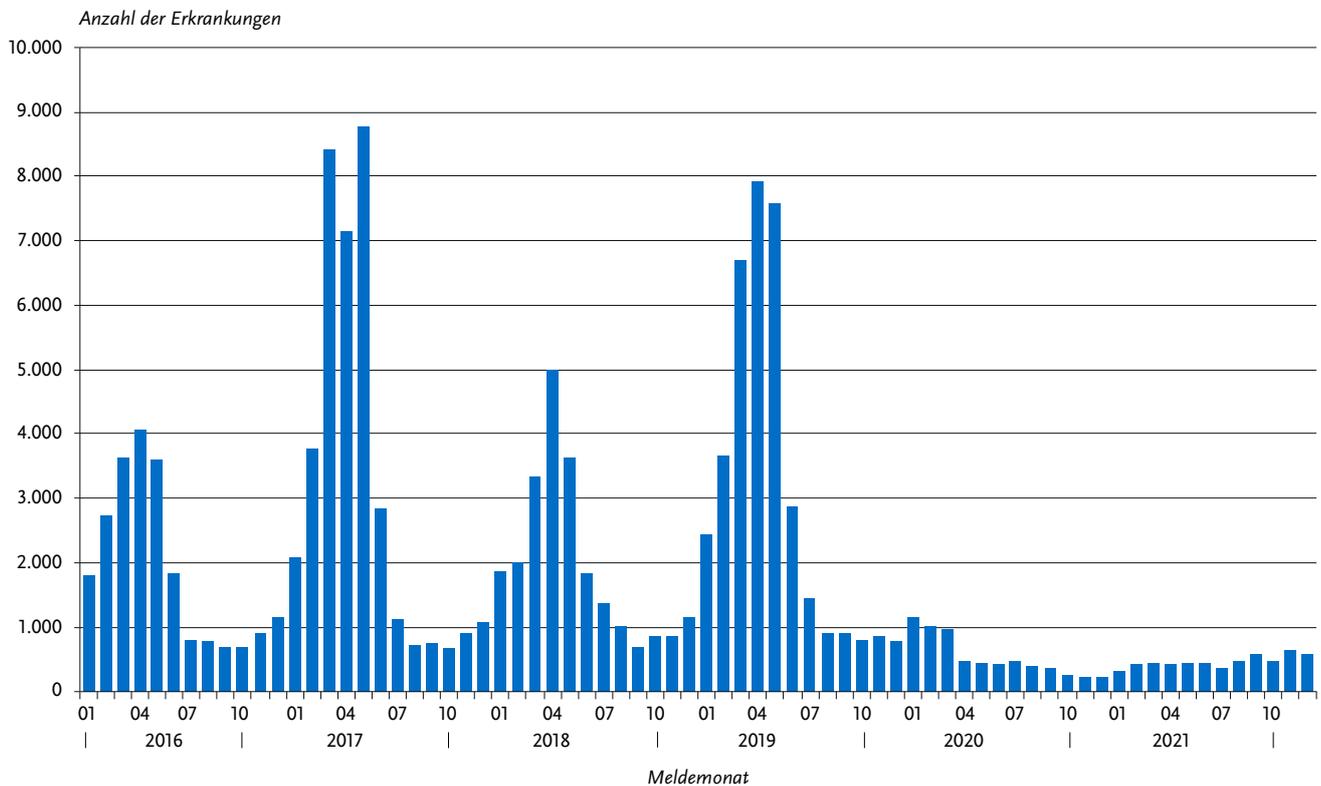
Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2021 die vierthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der *Campylobacter*-Enteritis, der Norovirus-Gastroenteritis und der Salmonellose. Der seit 2008 beobachtete rückläufige Trend der Fallzahlen setzt sich fort. Nach dem deutlichen Rückgang (> 80%) im Vorjahr sind die Fallzahlen weiter zurückgegangen und befinden sich auf dem niedrigsten Niveau seit Einführung der Meldepflicht 2001 (s. Abb. 6.51.1).

Die Zahl der Erkrankungen (5.619) sind 2021 im Vergleich zum Vorjahr (6.478) nochmals um 13% und im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre (23.599) um 76% zurückgegangen (s. Abb. 6.51.1). Es ist zu vermuten, dass die Infektionsschutz-

maßnahmen, 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 sind (z.B. durch Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln sowie Kita- und Schulschließungen).

Im Jahr 2021 sind die übliche kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden am Anfang des Jahres und der saisonale Gipfel im Frühjahr ein zweites Jahr in Folge ausgeblieben. Die monatlich übermittelte Fallzahl beträgt zwischen 310 und 641 Fällen und zeigt im Jahresverlauf einen nur leicht zunehmenden Trend. Ein steiler Anstieg der Erkrankungszahlen als Beginn der nächsten Rotavirus-Saison zeigt sich bis zum Ende 2021 nicht und bei den weiterhin bestehenden Kontaktbeschränkungen könnte man vermuten, dass auch die nächste Rotavirus-Saison ausfällt.

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr und -monat, Deutschland, 2016 bis 2021



Tab. 6.51.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	437	6 %	378	5 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	6.041	77 %	5.241	74 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	219	3 %	273	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.160	15 %	1.158	16 %
alle	7.857	100 %	7.050	100 %
Referenzdefinition (B+C)	6.478	82 %	5.619	80 %

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 6,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit deutlich unterhalb des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (28,4 Erkr./100.000 Einw.). In allen Bundesländern ist die Inzidenz im Vergleich zum bundeslandspezifischen Median der Vorjahre zurückgegangen. Einen besonders deutlichen Rückgang um mehr als 59 Erkr./100.000 Einw. wurde in den östlichen Bundesländern Thüringen, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Brandenburg beobachtet. In den übrigen Bundesländern war der Rückgang geringer ausgeprägt und betrug zwischen 5,5 und 35 Erkr./100.000 Einw. Die Inzidenzen lagen in den östlichen Flächenbundesländern mit Werten zwischen 10,2 und 19,4 etwas höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin mit Werten zwischen 3,5 und 7,9) (s. Abb. 6.51.2). Der Trend des Vorjahres setzte sich weiter fort. In allen Bundesländern ging auch 2021 die Inzidenz weiter zurück oder blieb unverändert niedrig, nur in Mecklenburg-Vorpommern ist ein kleiner Anstieg zu verzeichnen.

Bei 3.304 (59%) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 97% der Nennungen (Mehrfachnennung möglich) Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 29% der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde wie bereits im vergangenen Jahr bei unter einjährigen Kindern (83 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 2021 lag die Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-jährigen Personen bei 17 Erkr./100.000 Einw., insgesamt wurden 1.008 (18%) Erkrankungen in dieser Altersgruppe übermittelt.

Im Vergleich zum Vorjahr blieb die Inzidenz in nahezu allen Altersgruppen auf einem ähnlichen Niveau. Einzig bei den 70- bis 79- (-2,5/100.000) und den >79-Jährigen (-5,2/100.000) zeigte sich ein weiterer Rückgang. Es fällt auf, dass im Säuglingsalter Jungen häufiger betroffen sind als Mädchen.

Klinische Aspekte

Bei 4.997 Erkrankungen (89%) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 2.827 Erkrankungen (57%) wurde eine stationäre Behandlung angegeben. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war am höchsten in den Altersgruppen der unter 10-Jährigen (64%) sowie der über 69-Jährigen (63%); bei den 20- bis 49-Jährigen war der Anteil mit 28% am geringsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99% der Erkrankungen vor. Es wurden 4 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 72 und 92 Jahren (Altersmedian 88,5 Jahre). Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,07%.

Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzine für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® und RotaTeq®. Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säug-

Abb. 6.51.2: Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=5.619) im Vergleich mit den Vorjahren

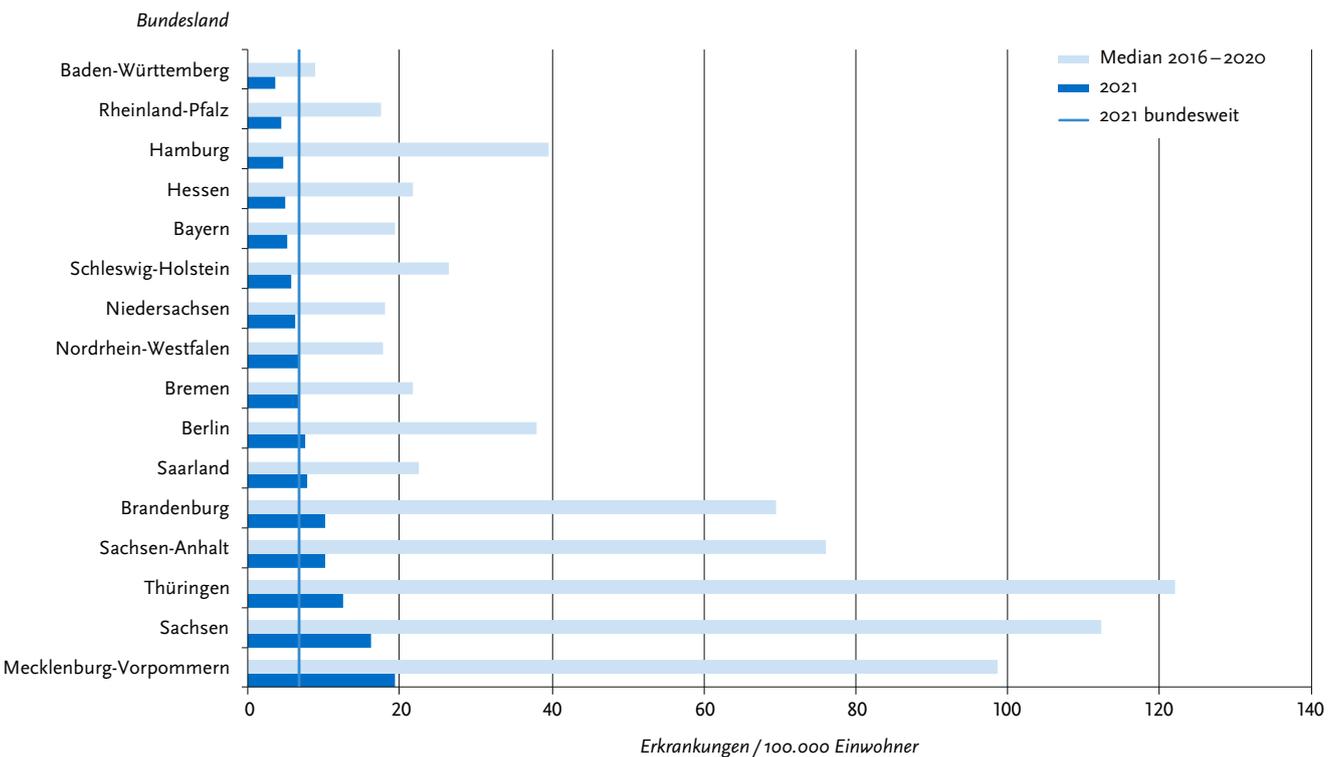
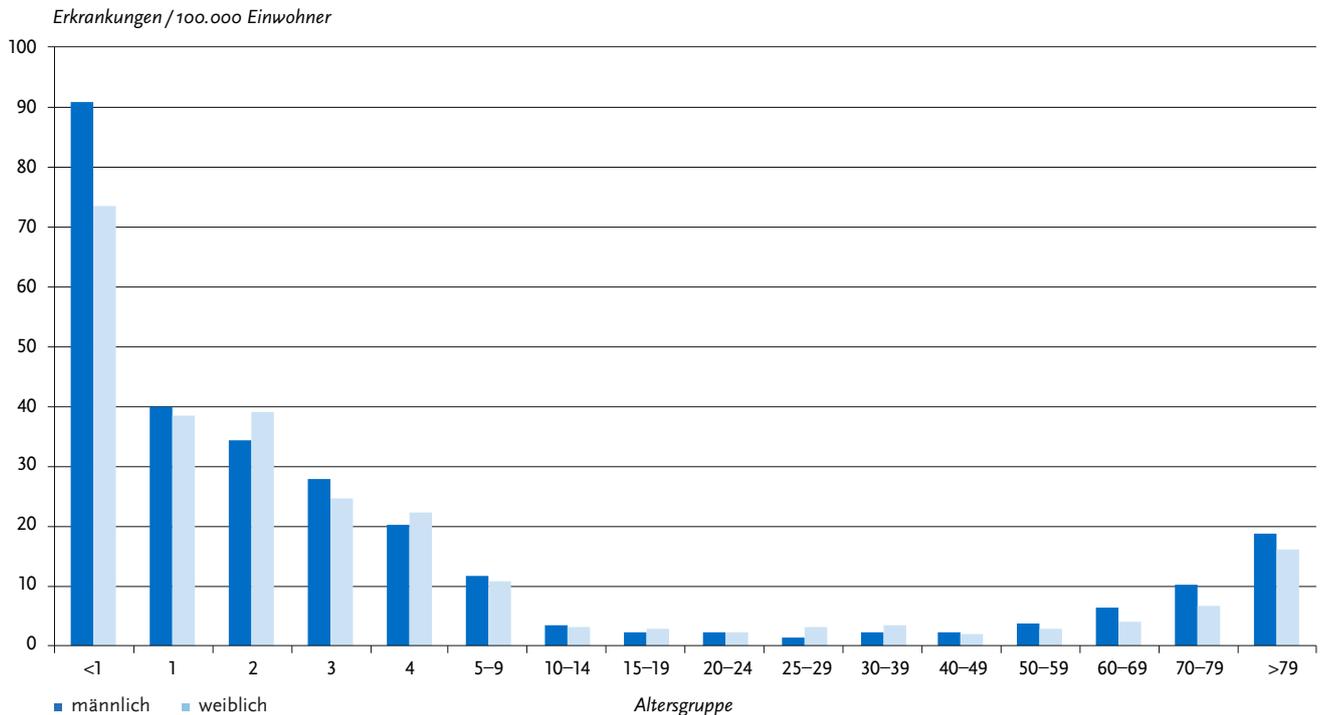


Abb. 6.51.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=5.576)



lingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rotarix) bzw. 32 Wochen (RotaTeq[®]) indiziert. Die Impfserie besteht aus 2 (Rotarix[®]) bzw. 3 (RotaTeq[®]) Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Impfstoffdosen ist ein Zeitabstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfserie sollte 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 Impfserie.

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 2019 basierend auf den Daten der KV-Impfsurveillance betrug 68%; sie war regional sehr unterschiedlich und reichte von 60% in Bayern bis 82% 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.

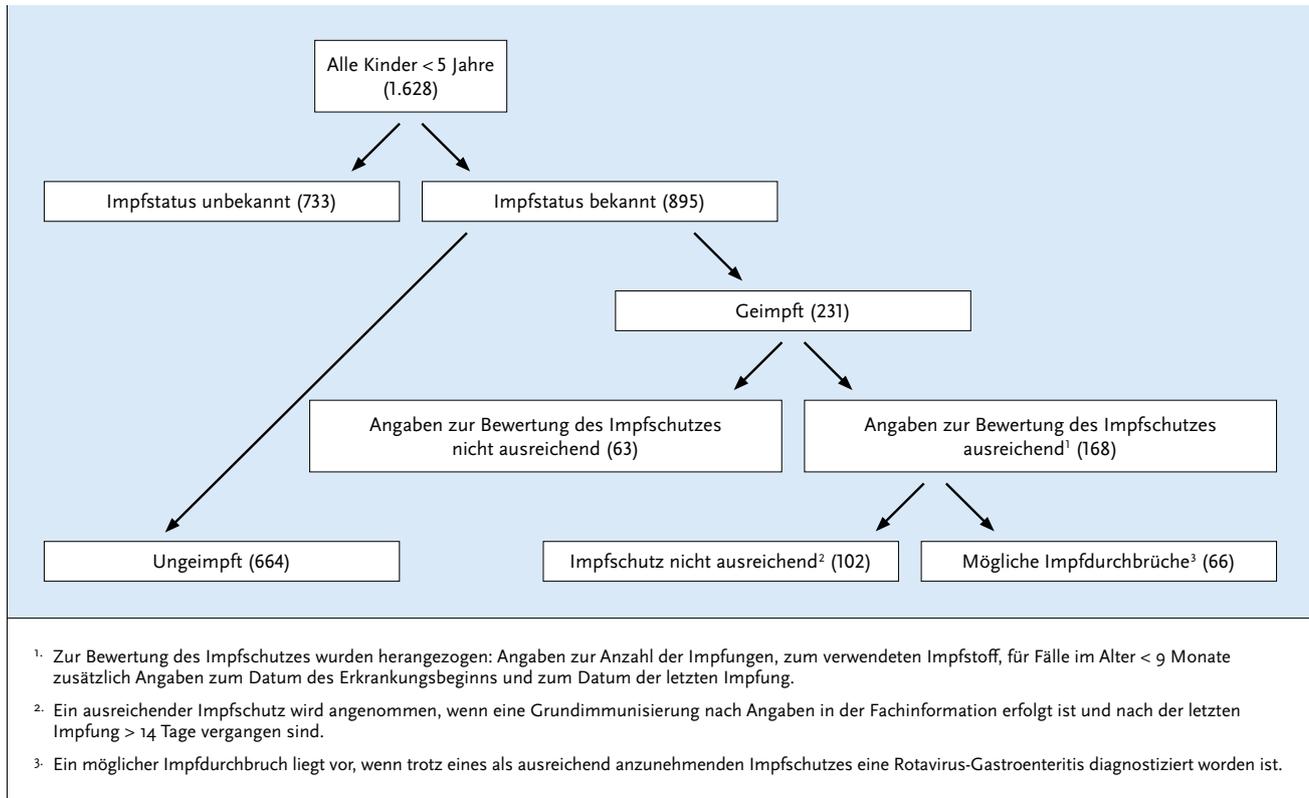
Von den 1.628 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 895 (55%) bekannt. Von diesen wurden 231 (26%) Kinder als geimpft und 664 (74%) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.51.4). Von den geimpften Kindern waren bei 168 (73%) die Angaben zur

Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 9 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der anzunehmende Impfschutz bewertet werden konnte. Von diesen 168 Kindern waren 66 (39%) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 66 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 41 Erkrankungen nach abgeschlossener Rotarix-Grundimmunisierung, 20 Erkrankungen nach abgeschlossener RotaTeq-Grundimmunisierung und 5 Erkrankungen nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates. Die Diagnose war bei 167 (99%) der 168 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 66 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 9 (14%) unter einem Jahr, 19 (29%) ein Jahr, 19 (29%) 2 Jahre, 14 (21%) 3 Jahre und 5 (8%) 4 Jahre alt. 38 (58%) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 3 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 106 Ausbrüche mit insgesamt 631 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.51.2). Die Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zum Vorjahr (102 Ausbrüche) nahezu gleich geblieben. Insgesamt sind 11% aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 73 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 181 Erkrankungen) und 33 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 450 Erkrankungen) auf. Für 94% der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 39% dieser Ausbrüche in Pflege- und Altenheimen, 29% in Kindergärten und 13% in Krankenhäusern.

Abb. 6.51.4:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus bei Kindern < 5 Jahren, Deutschland, 2021 (n=1.628)



Tab. 6.51.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2019 und 2020

	2020		2021	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	59	156	73	181
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	43	501	33	450
Alle Ausbrüche	102	657	106	631

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.

Die COVID-19-Pandemie, die sich seit Beginn 2020 weltweit ausgebreitet hat, hat aufgrund der Infektionsschutzmaßnahmen, die zur Eindämmung der SARS-CoV-2-Ausbreitung in Deutschland eingeführt wurden, erhebliche Auswirkungen auf die Rotavirus-Epidemiologie. Insbesondere die Kontaktbeschränkungen, die Abstands- und Hygieneregeln sowie die Kita- und Schulschließungen haben dazu geführt, dass die übliche saisonale Zunahme der Rotavirus-Gastroenteritiden in den Frühjahren 2020 und 2021 ausgeblieben ist. Eine wissenschaftlich fundierte Interpretation und ein Vergleich mit den Vorjahren sind unter den gegebenen Umständen nicht möglich. Es ist anzunehmen, dass auch im Jahr 2022 durch die fortgesetzten Maßnahmen der Pandemiebekämpfung die Transmission der Rotavirus-Gastroenteritis weiterhin niedrig ist.

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*; 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>
 STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022.* *Epid Bull* 2022; 43:6 – 66. <https://doi.org/10.25646/9285>
 Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance.* *Epid Bull* 2021; 49:6 – 29. <https://doi.org/10.25646/9355>
 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 2021: 5
- ▶ Inzidenz 0,006 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion
- ▶ Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labordiagnostisch mit einer PCR bestätigt werden
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

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.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß IfSG eine bundesweite namentliche Meldepflicht der Röteln für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Röteln-Infektionen bundesweit nichtnamentlich an das RKI zu melden.

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. Der Status der Elimination der Röteln wurde für Deutschland im Dezember 2020 von der WHO ausgesprochen.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 202 im Jahr 2021 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 5 (2%) 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 5 Fälle nach Referenzdefinition waren labordiagnostisch durch eine Serologie bestätigt worden, eine PCR wurde bei diesen Fällen nicht durchgeführt.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2021 wurden insgesamt 5 Röteln-Erkrankungen übermittelt, und damit das Minimum des Vorjahres noch unterschritten ($n=7$). Das jährliche Maximum wurde im Jahr nach der Einführung der bundesweiten Meldepflicht verzeichnet und lag bei 153 übermittelten Erkrankungen im Jahr 2014. Seitdem nahm die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen mit erfüllter Referenzdefinition kontinuierlich ab. Die im Jahr 2021 verzeichneten Erkrankungen traten über das gesamte Jahr hinweg auf, dabei wurde nie mehr als eine Erkrankung im Monat übermittelt. Es ist zu vermuten, dass der erneut drastische Rückgang der übermittelten Fälle in den Jahren 2020 und 2021 auch 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 0,006 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Die 5 akuten Rötelnfälle nach Referenzdefinition waren in Nordrhein-Westfalen ($n=2$), Bayern, Hessen und Rheinland-Pfalz (je $n=1$) aufgetreten. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 4 Erkrankungen vor. Nach diesen Angaben wurden in 3 Fällen die Röteln-Infektion in Deutschland erworben, ein Fall importierte die Röteln aus dem Ausland, das konkrete Land ist unbekannt.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Alle nach Referenzdefinition übermittelten Fälle traten bei Erwachsenen im Alter von 20 Jahren oder älter auf. Für die Altersgruppen der

Tab. 6.52.1: Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	11	7 %	4	2 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	7	5 %	5	2 %
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	58	39 %	90	45 %
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	71	48 %	103	51 %
alle	147	100 %	202	100 %
Referenzdefinition (B+C)	7	5 %	5	2 %

20- bis 24- und 50- bis 59-Jährigen wurden je 2 Röteln-Erkrankungen übermittelt. In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen war ein Fall aufgetreten.

Unter den 5 übermittelten Röteln-Fällen nach Referenzdefinition wurde bei 3 Personen ein weibliches und bei 2 Personen ein männliches Geschlecht angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 5 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen Patienten war ein generalisiertes Exanthem aufgetreten. Lymphknotenschwellungen wurden bei 4 Erkrankungen angegeben. Bei 2 Fällen wurden Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) beschrieben. Kein Fall wurde aufgrund der Erkrankung hospitalisiert. Auch Röteln-assoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2021 nicht berichtet.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnvirushaltigen 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. Anfang des Jahres 2020 hat die STIKO 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) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 5 Erkrankungen im Jahr 2020 wurden 3 Erkrankte als ungeimpft übermittelt. Bei 2 Fällen blieb der Impfstatus unbekannt.

Ausbrüche

Im Jahr 2021 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 besonders viele Erkrankungen 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 (2020: 1 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. Im Jahr 2021 war kein Fall, der der Referenzdefinition entsprach, als hospitalisiert übermittelt worden.

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 prädiktive Wert der Serologie ist bei den selten auftretenden Röteln extrem niedrig!

Es wird 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 Fehlangabe oder tatsächlich um einen positiven PCR-Befund als Goldstandard der labordiagnostischen Erhebung handelt.

Die im Jahr 2021 bei 22 Patienten veranlassten labordiagnostischen Abklärungen am NRZ für MMR, häufig verbunden mit der Bitte um eine PCR-Untersuchung und Genotypisierung, ergaben lediglich einen möglichen akuten Rötelnfall.

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 Rötelnkrankung 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-erkrankung vorliegt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Rötelnfälle im Jahr 2021 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 Fall pro 100.000 Einwohner unterschritten. Eine endemische Transmission der Rötelnviren ist weiterhin höchst unwahrscheinlich. Untersuchungen des NRZ für MMR am RKI in den letzten Jahren haben den Eindruck bestätigt, dass die Röteln in Deutschland kaum noch zirkulieren. Die Röteln gelten seit 2020 in Deutschland als eliminiert.

Die übermittelten Daten von 2021 ermöglichen allerdings keine eindeutige Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Die Anzahl der Fälle der Kategorien D und E ist weiterhin hoch. Hier können sich aufgrund des unspezifischen Krankheitsbildes durchaus noch weitere akute Rötelnfälle verbergen. Eine labordiagnostische Bestätigung erleichtert die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen).

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensibler 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 2021 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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820>

- Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland – erste erfreuliche Ergebnisse erzielt*. *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>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2021; 49:6–29. <https://doi.org/10.25646/9355>
- Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2021; 50:3–22. <https://doi.org/10.25646/9436>
- Matysiak-Klose D, Siedler A, Diercke M, Dudareva S, Wichmann O: *Bericht über die Nationale Konferenz zum Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland 2019 in Berlin*. *Epid Bull* 2019; 32/33:301–305. <https://doi.org/10.25646/6212>
- 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 2021: **8.186**
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Großteil der Infektionen in Deutschland erworben
- ▶ 107 Ausbrüche mit 572 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 Reptilien vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovaren *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).

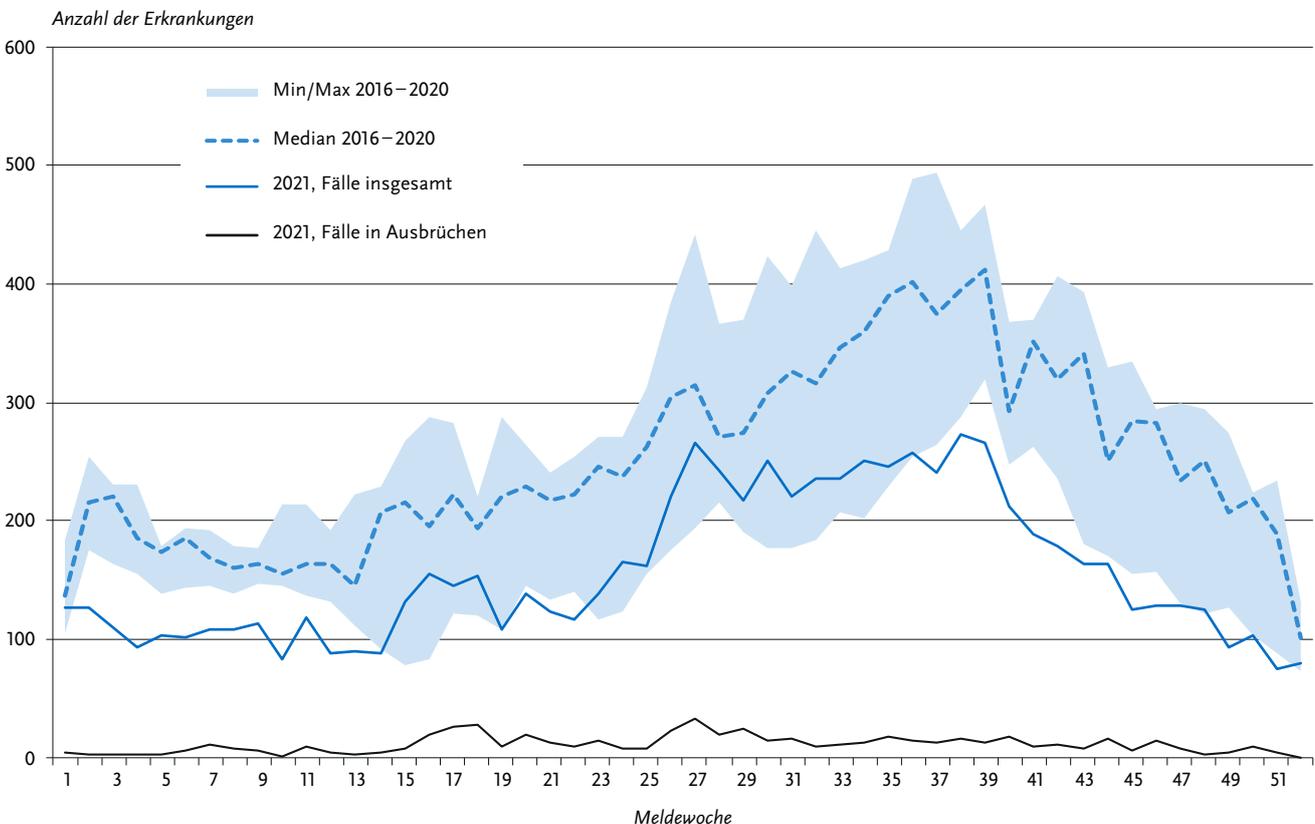
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden insgesamt 8.186 (2020: 8.771) 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

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	79	1 %	42	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8.692	81 %	8.144	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	428	4 %	403	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.539	14 %	1.415	14 %
alle	10.738	100 %	10.004	100 %
Referenzdefinition (B+C)	8.771	82 %	8.186	82 %

Abb. 6.53.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2021 (n=8.186) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



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 steht (2019: 17 Erkrankungen/100.000 Einwohner; 2020: 11 Erkr./100.000 Einw.; 2021: 10 Erkr./100.000 Einw.). Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (3.250; 40 %) im III. Quartal (Juli bis September) übermittelt (s. Abb. 6.53.1).

Geografische Verteilung

In allen Bundesländern mit Ausnahme des Saarlandes lag die Inzidenz im Jahr 2021 unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.53.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Hamburg (-60 %) zu verzeichnen. In Schleswig-Holstein

(-48 %), Sachsen-Anhalt (-45 %), Sachsen (-42 %), Bayern (-42 %) und Mecklenburg-Vorpommern (-41 %) lag der Rückgang über dem bundesweiten Durchschnitt (-40 %). Der geringste Rückgang war in Bremen (-7 %) zu verzeichnen. Im Saarland war ein leichter Anstieg (+6 %) zu beobachten. Wie in den 5 Vorjahren war die Inzidenz in Thüringen (19 Erkr./100.000 Einw.) am höchsten.

Bei 4.935 Salmonellosen (60 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (4.960 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich); 4.416 der Nennungen entfielen auf Deutschland (89 %; 2020: 91 %; vor der COVID-19-Pandemie im Jahr 2019: 72 %). Andere Länder wurden insgesamt deutlich seltener genannt, am häufigsten die Türkei (119 Nennungen), Italien (44), Spanien (36), Polen (32) und Ägypten (31).

Abb. 6.53.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=8.186) im Vergleich mit den Vorjahren

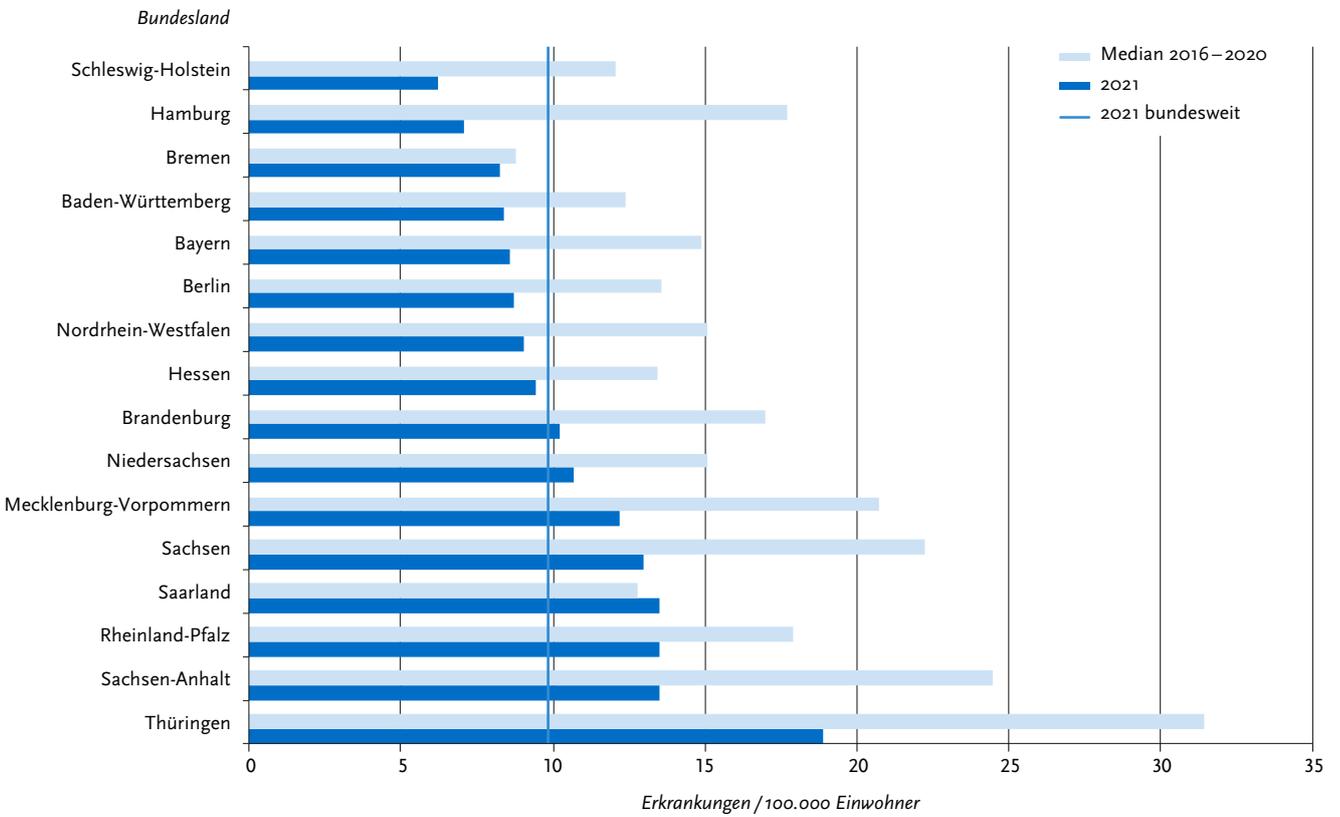
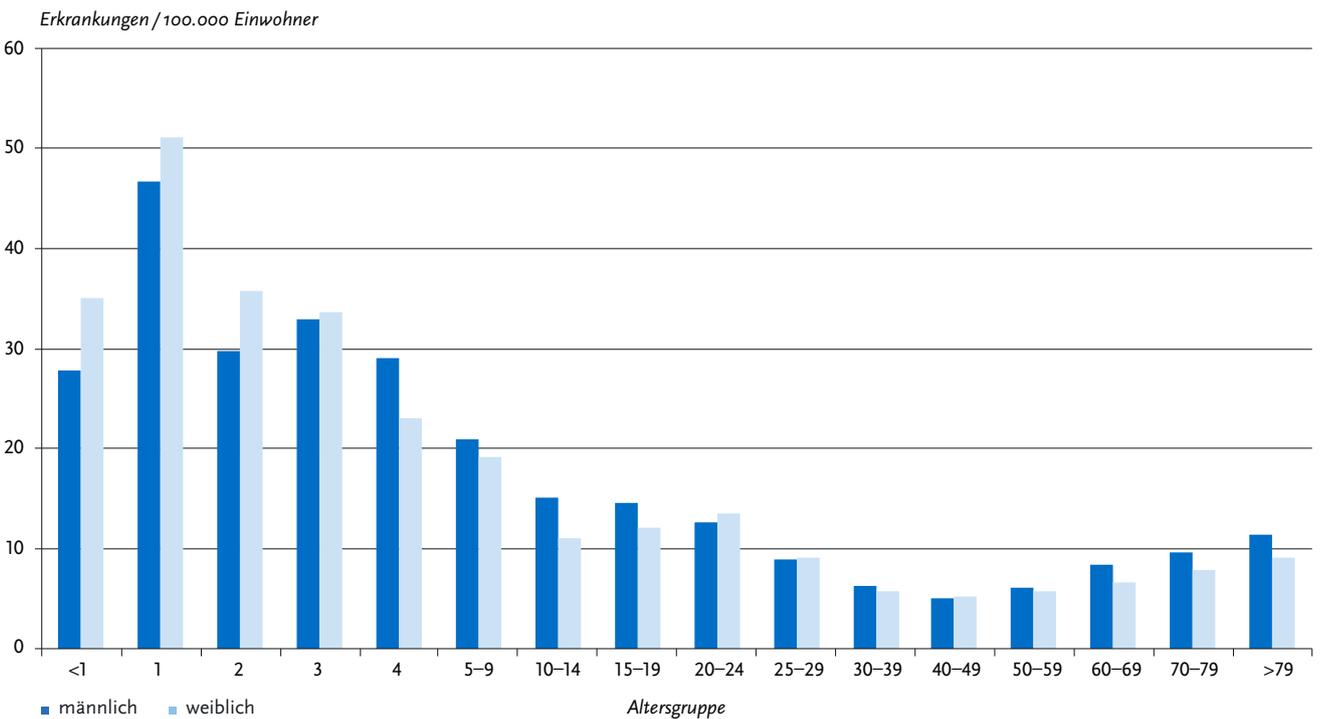


Abb. 6.53.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=8.161)



Tab. 6.53.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2020 und 2021

	2020		2021	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	100	244	87	196
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	13	372	20	376
Alle Ausbrüche	113	616	107	572

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 30 und 59 Jahren zu verzeichnen (s. Abb. 6.53.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 52%; weiblich 48%).

Nachgewiesene Erreger

Bei 5.505 Fällen (67%; 2020: 69%) wurde beim Erreger ein Serovar angegeben. Bei 1.508 Fällen (18%) wurde nur die Serogruppe oder Subspezies des Erregers übermittelt; 1.173 Fälle (14%) waren ohne entsprechende Angaben. Die am häufigsten genannten Serovare waren *S. Enteritidis* (2.102 Nennungen; 38% der Fälle mit Serovar-Angaben) und *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante 1.995 Nennungen; 36%). Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (155 Nennungen), *S. Derby* (95), *S. Chester* (74) und *S. Braenderup* (67). Andere Serovare wurden höchstens je 40-mal genannt. Die am häufigsten genannten Serogruppen (inkl. Subgruppen) waren Gruppe B (789), Gruppe C (246) und Gruppe D (196).

Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (8.183) wurden ein oder mehrere Symptome angegeben (17.778 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Durchfall (96% der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (63%), Fieber (38%) und Erbrechen (20%). Es wurden 18 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2020: 13). Betroffen waren ein Säugling im Alter von unter einem Jahr sowie 10 Männer und 7 Frauen im Alter zwischen 60 und 98 Jahren (Altersmedian 83 Jahre). Bei 10 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 6-mal *S. Typhimurium*, 3-mal *S. Enteritidis*, einmal *S. Dublin*. Bei 6 Todesfällen wurde nur die Serogruppe bzw. Subspezies übermittelt (2-mal Gruppe C, je einmal Gruppe B, Gruppe D, Gruppe F, Subspezies I). Bei 2 Todesfällen wurden keine näheren Angaben zum Serovar übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 107 (2020: 113; 2019: 277) Ausbrüche mit insgesamt 572 Erkrankungen (7% aller Salmonellosen) übermittelt (s. Tab. 6.53.2), davon 20 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen.

Der größte Ausbruch umfasste 70 übermittelte Erkrankungen durch *S. Braenderup* und war Teil eines großen multinationalen Ausbruchs mit insgesamt mehr als 300 Fällen. Mittels epidemiologischer Studien sowie durch Nachweis des Ausbruchsstamms im Lebensmittel und in der Produktionsstätte

wurden Galiamelonen aus Honduras als Infektionsvehikel ermittelt. Bei einem Ausbruch mit 54 übermittelten Erkrankungen, der durch *S. Chester* verursacht wurde, wurde Dönerfleisch als wahrscheinliches Infektionsvehikel angesehen.

Weitere relativ große Ausbrüche wurden durch *S. Mikawasa* (36 übermittelte Erkrankungen) und *S. Typhimurium* (35 übermittelte Erkrankungen) verursacht. Ein Ausbruch mit verschiedenen Serovaren (z. B. *S. Amsterdam*, *S. Havana*, *S. Kintambo*, *S. Mbandaka*, *S. Orion*, *S. Senftenberg* und *S. Tennessee*) stand im Zusammenhang mit verschiedenen Tahini- und Halva-Produkten aus Syrien.

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 kam es während der COVID-19-Pandemie erneut zu einem deutlichen Rückgang, der sich 2021 fortsetzte. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* machten zusammen 74% 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/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 (11:241:e,n,215) 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 2021: 144
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 4 % gestiegen
- ▶ Männer häufiger betroffen als Frauen (76 % zu 24 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 29 Jahren
- ▶ 63 % der Erkrankungen in Deutschland erworben, weitere Infektionsländer sind Ägypten, Kamerun und Spanien

Kurzbeschreibung

Die Shigellose ist eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Shigella* ausgelöst wird und mit wässrigen bis blutigen Durchfällen, Bauchkrämpfen und Fieber einhergeht. Es werden 4 Spezies mit unterschiedlicher geografischer 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 2021 wurden insgesamt 144 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Vorjahr um 4 % gestiegen. Generell wurden in den Jahren 2020 und 2021 weniger Fälle übermittelt als der Median der Vorjahre. Der Rückgang der Fallzahlen wird zumindest in Teilen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie gesehen. 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 426 und 730.

Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit niedriger als der Median der 5 Vorjahre (0,5).

In allen Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2021 deutlich niedriger als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. Die höchste Inzidenz wurde im Jahr 2021 in Berlin (1,1 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.54.2). Bei 115 Erkrankungen (80 %) lagen insgesamt 118 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 74 Nennungen (63 %) wurde Deutschland am häufigsten als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (5 %), Kamerun, Spanien und Kap Verde (jeweils 3 %) (s. Tab. 6.54.2).

Tab. 6.54.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2021 (Mehrfachnennungen möglich, 115 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	74	63 %
Ägypten	6	5 %
Kamerun	4	3 %
Spanien	4	3 %
Kap Verde	3	3 %
Indien	2	2 %
Kroatien	2	2 %
Dominikanische Republik	2	2 %
Portugal	2	2 %
Marokko	2	2 %
Andere	17	14 %
Summe	118	100 %

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=14). Bei Erwachsenen wurde die höchste Inzidenz bei

Tab. 6.54.1: Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	3	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	139	79 %	141	82 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	3 %	7	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	32	18 %	20	12 %
alle	177	100 %	171	100 %
Referenzdefinition (B+C)	139	79 %	144	84 %

Abb. 6.54.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021

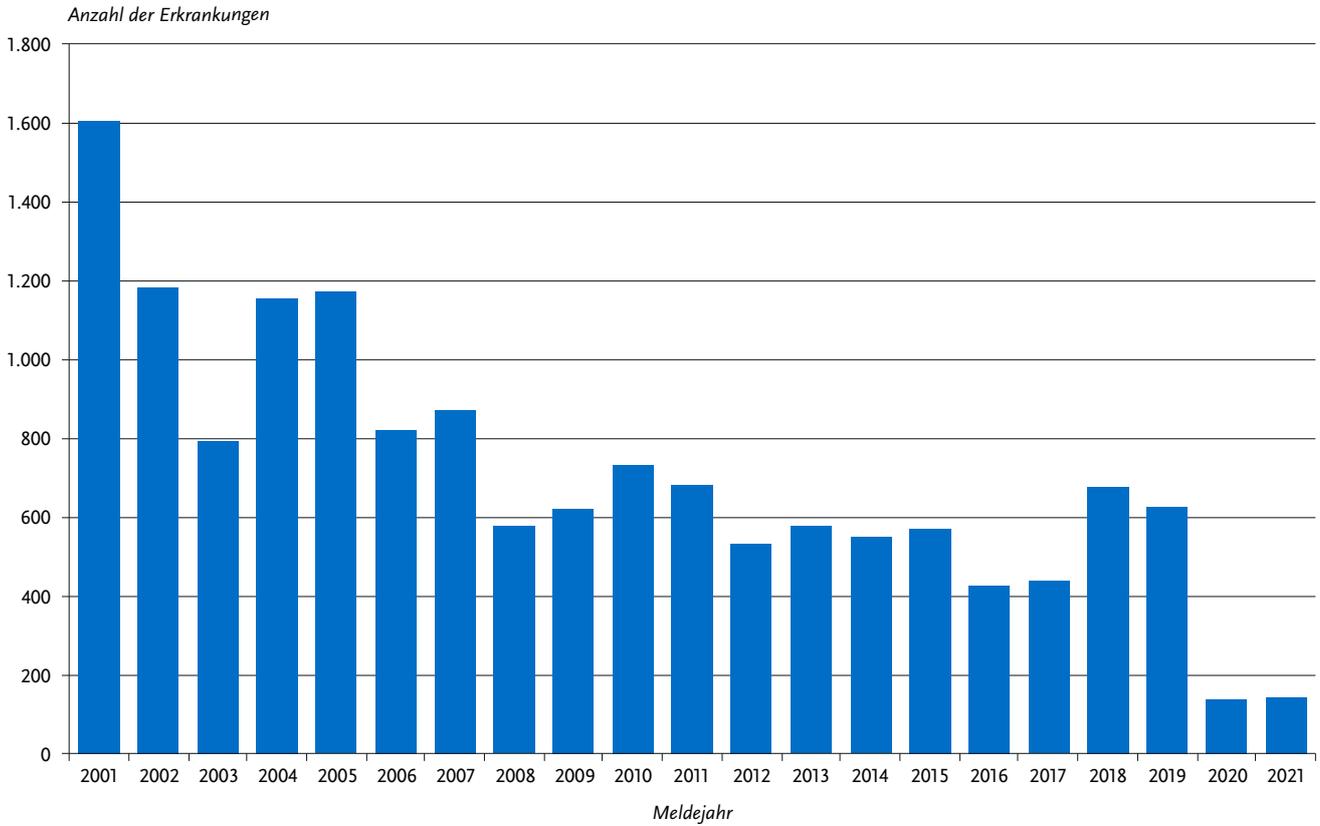


Abb. 6.54.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=144) im Vergleich zu den Vorjahren

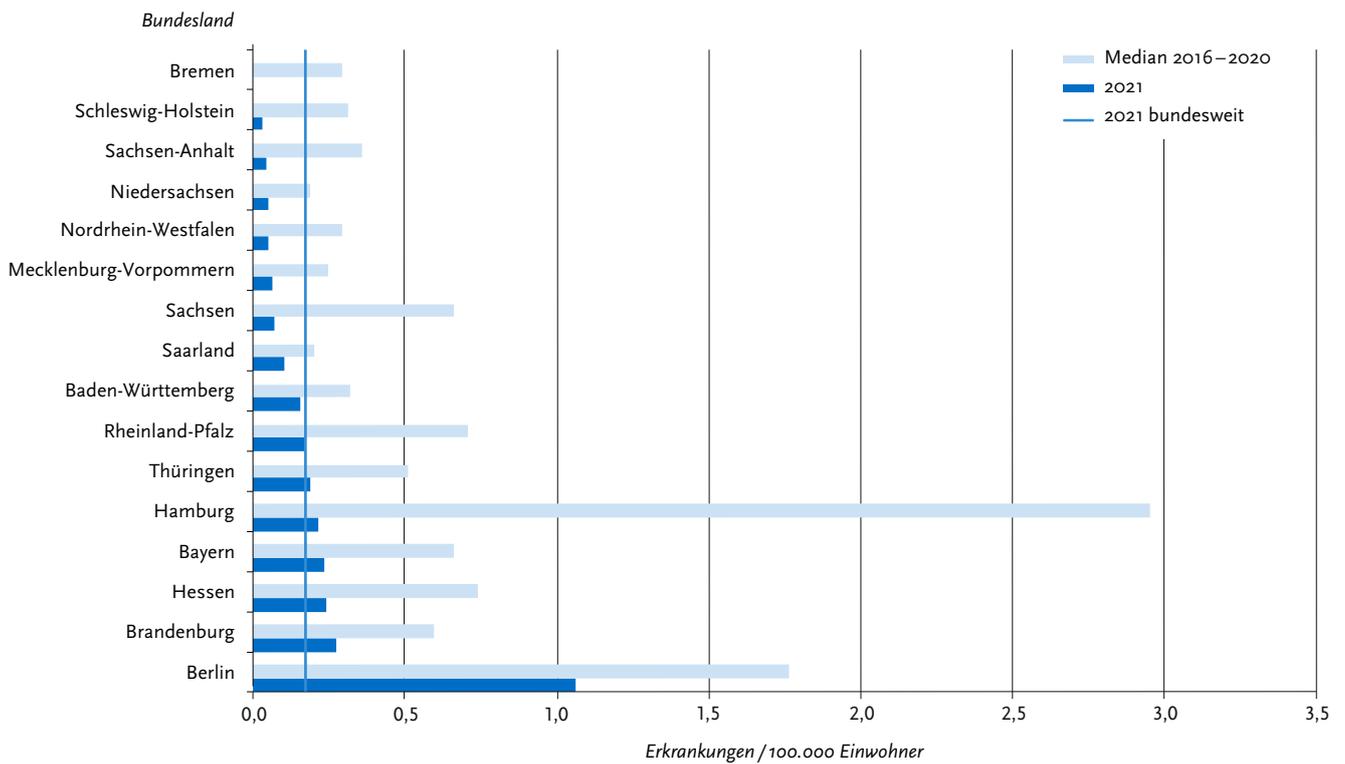
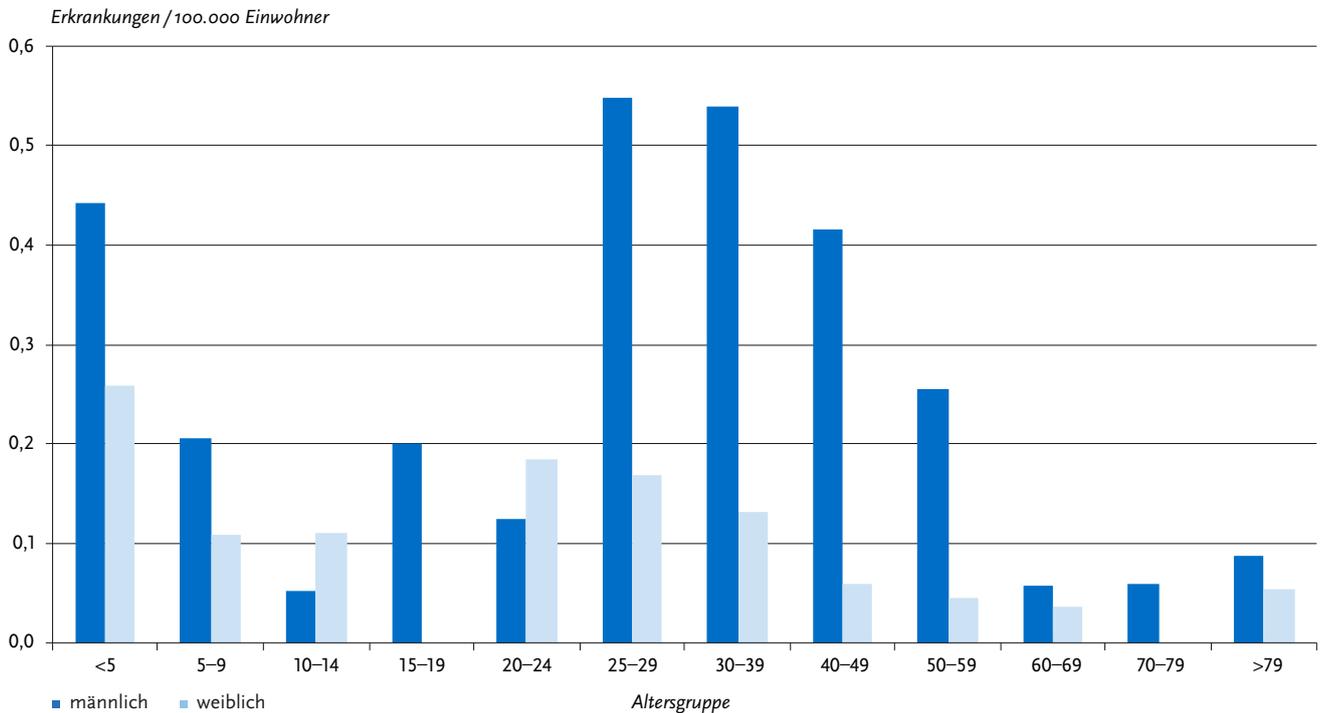


Abb. 6.54.3:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=144)



den 25- bis 29-Jährigen registriert (0,4; n=18). Insgesamt waren mehr männliche (76 %) als weibliche Personen (24 %) betroffen. In der Altersgruppe der 25- bis 59-Jährigen waren die Inzidenzen bei Männern deutlich höher als bei Frauen (s. Abb. 6.54.3).

Nachgewiesene Erreger

Bei 121 Erkrankungen (84 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (53 %), *S. flexneri* (37 %), *S. boydii* (8 %) und *S. dysenteriae* (0,8 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. boydii* (2020: 6 %) und *S. flexneri* (2020: 22 %) zugenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2020: 71 %) abgenommen hat. Der Anteil der Infektionen mit *S. dysenteriae* (2020: 0,8 %) hat sich nicht geändert.

Klinische Aspekte

Für alle 144 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (97 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (65 %), Fieber (44 %) und Erbrechen (19 %). Im Jahr 2021 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Es wurde kein Ausbruch (2020: 1) mit Erkrankungen (2020: 2) übermittelt.

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 war im Jahr 2021 (wie bereits im Jahr 2020) im Vergleich zu den Vorjahren deutlich geringer. Dies steht wahrscheinlich, zumindest teilweise, in Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie.

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 2021: 6.716
- ▶ Rückgang im Vergleich zum Vorjahr, wahrscheinlich durch die COVID-19-Pandemie bedingt
- ▶ 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 labordiagnostisch 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*).

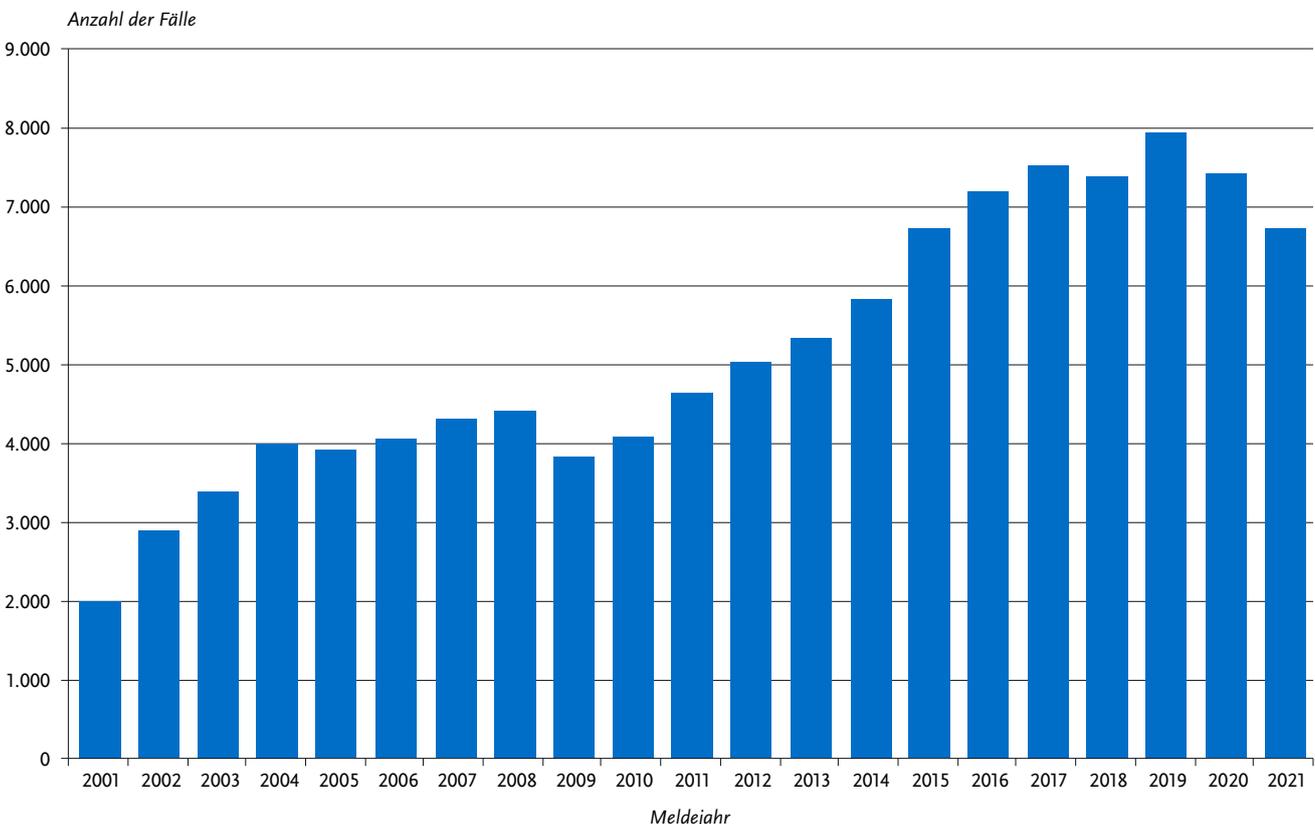
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

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 2021 wurden dem RKI 6.716 Syphilis-Fälle gemeldet, 682 (9,2%) weniger als im Vorjahr. Die Fallzahl bewegt sich damit nach einem Höchststand im Jahr 2019 auf dem Niveau von 2015 (s. Abb. 6.55.1).

Abb. 6.55.1: Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Geografische Verteilung

Bundesweit betrug die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2021 8,1 Fälle pro 100.000 Einwohner und lag damit unter dem Median der 5 Vorjahre (8,9). Die Inzidenz fiel in 12 Bundesländern ab. Der Abfall im Vergleich zum Vorjahr war prozentual besonders ausgeprägt in Mecklenburg-Vorpommern (von 6,8 auf 5,1 Fälle pro 100.000 Einw.; -25%), Bremen (von 10,0 auf 7,8; -22%), Brandenburg (von 4,6 auf 3,8; -19%), Rheinland-Pfalz (von 5,9 auf 4,9; -17%), Nordrhein-Westfalen (von 9,5 auf 8,0; -16%) und Hessen (von 9,7 auf 8,2; -16%). In den anderen Bundesländern stieg die Inzidenz an, prozentual am ausgeprägtesten in Schleswig-Holstein (von 4,1 auf 5,5 Fälle pro 100.000 Einw.; +36%) und Thüringen (von 4,0 auf 4,9; +22%).

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (34,4) und Hamburg (24,6) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Sachsen (8,4) und Hessen (8,2); am niedrigsten in Niedersachsen (4,8), Baden-Württemberg (4,7) und Brandenburg (3,8) (s. Abb. 6.55.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 20 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg in den Städten Köln (37,7), München (27,3), Frankfurt/M. (24,3) und Offenbach (22,9) zu verzeichnen (s. Abb. 6.55.3).

Für 5.076 Fälle (76%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (4.839; 95%) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (56 Nennungen), Rumänien (20), Thailand (16), Brasilien (15) und die Türkei (13).

Abb. 6.55.3: Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2021 (n=6.716)

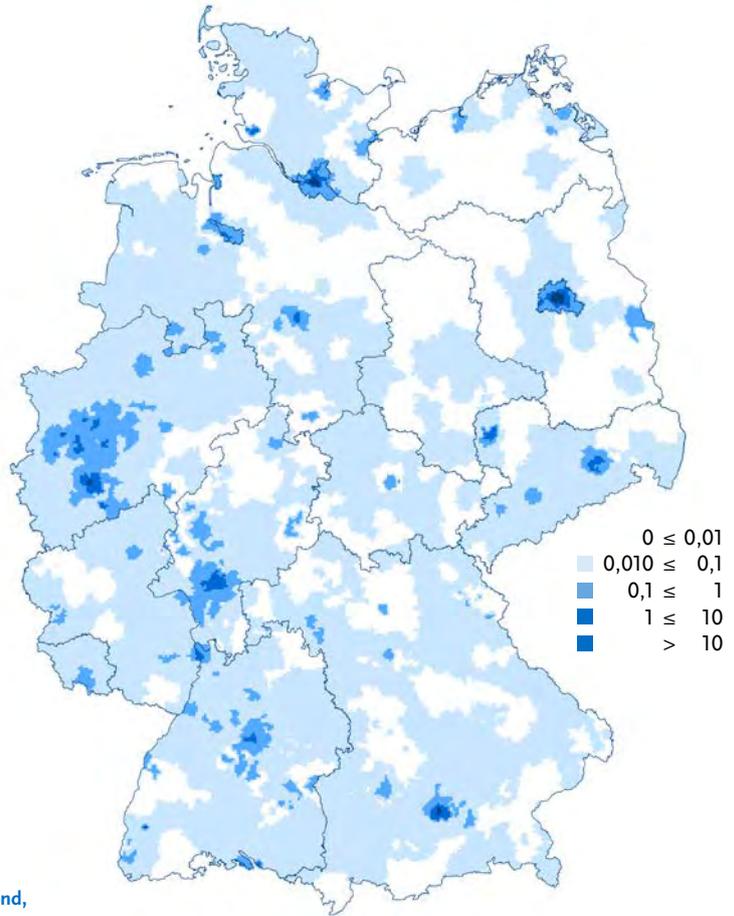
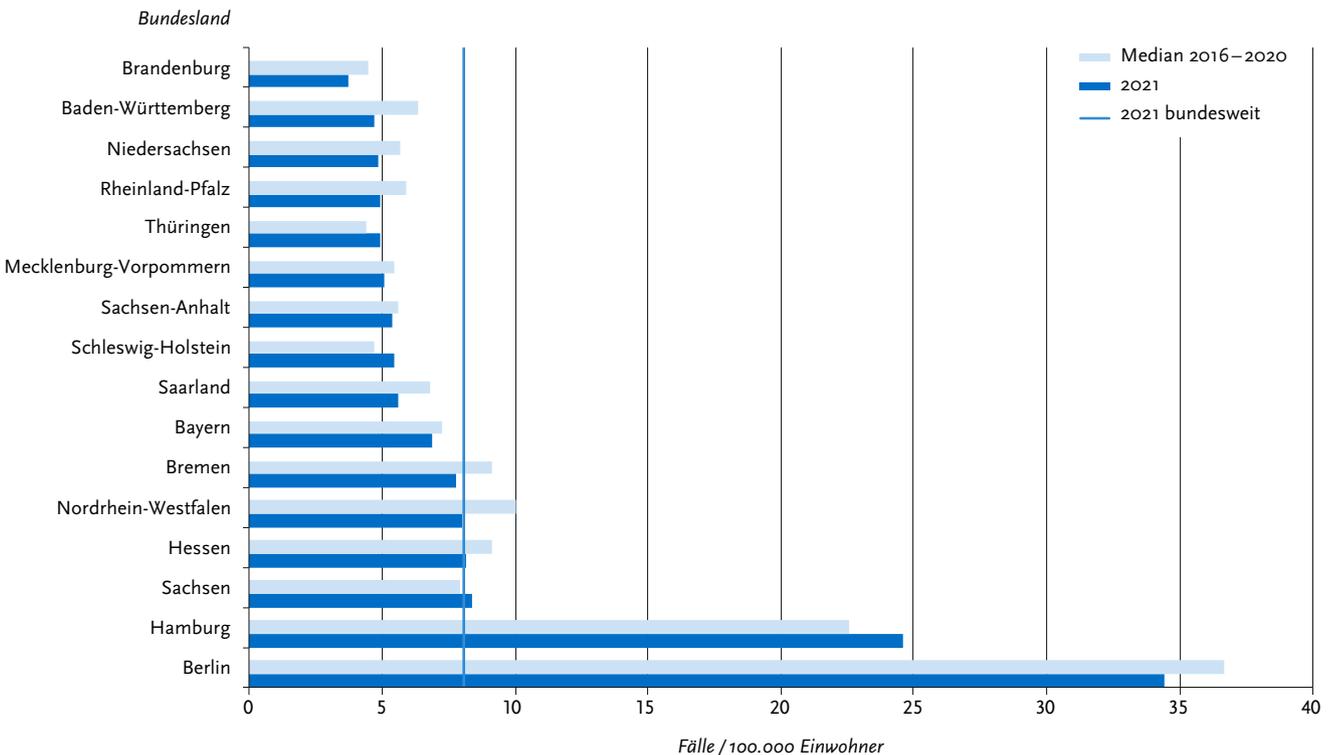


Abb. 6.55.2: Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=6.691) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Im Jahr 2021 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 6,1 % und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr unverändert. Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen lag leicht niedriger als im Vorjahr (2012: 412, 2020: 458). Die Anzahl der Fälle unter Männern (6.279) fiel um 9,4 %. Mit 15,3 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen mit 1,0. Die höchste Inzidenz wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (33,3) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (31,6) und der 40- bis 49-Jährigen (29,7) waren ähnlich 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 (2,7) sowie den 30- bis 39-Jährigen (2,3) (s. Abb. 6.55.4).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 80 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Fälle, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) übertragen wurden, 84 % aus und lag damit auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 16 %.

Bei MSM fiel die Anzahl der Fälle gegenüber 2020 um insgesamt 10 %, dabei in 12 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß: Bremen (-30 %), Nordrhein-Westfalen (-20 %), Sachsen-Anhalt (-19 %), Hessen (-16 %), Brandenburg (-15 %), Sachsen (-14 %), Berlin und Niedersachsen (je -13 %), Rheinland-Pfalz (-7 %), Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern (je -6 %), Baden-Württemberg (-5 %). Demgegenüber stieg die Anzahl der Fälle von MSM in Bayern und Hamburg (je 5 %), im Saarland (43 %) sowie in Schleswig-Holstein (50 %).

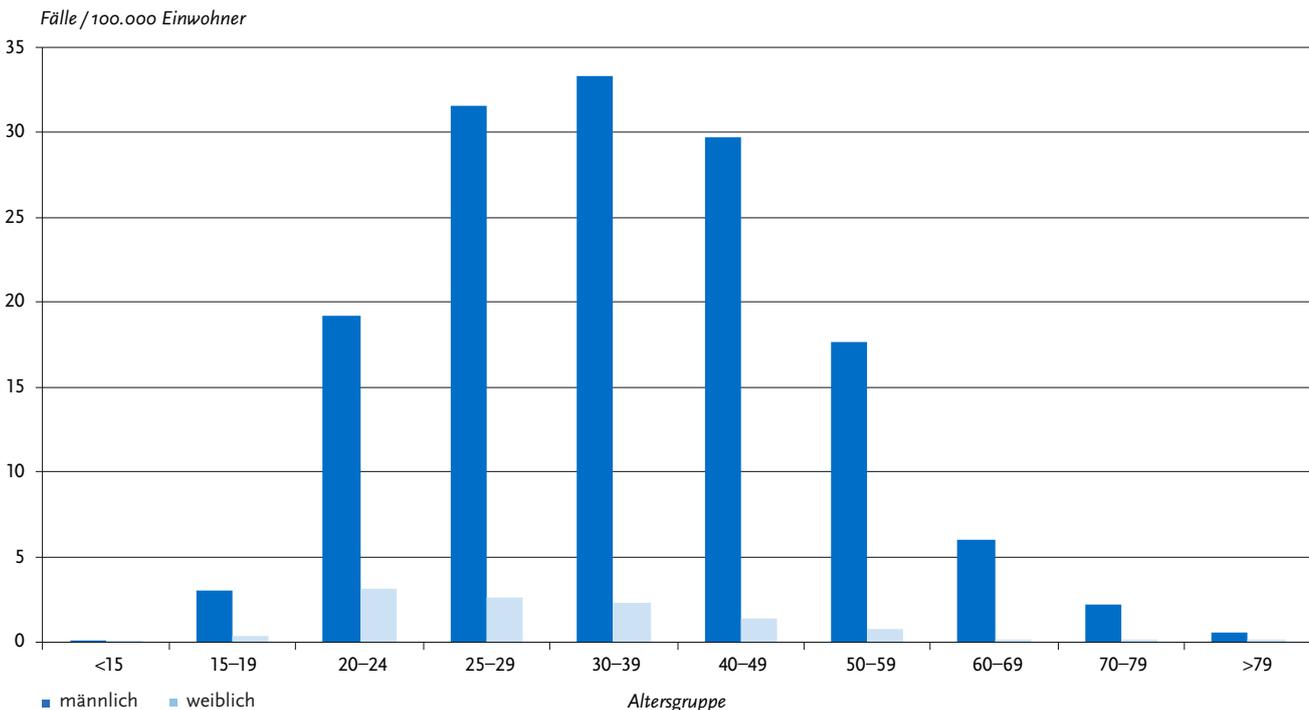
Im Vergleich zum Vorjahr fiel die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden, deutlich ab (n=42; -58 %). Demgegenüber blieb die Zahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden, stabil (n=62; 0 %). Insgesamt handelte es sich um kleine Fallzahlen, bei denen Angaben im Kontext der Prostitution gemacht wurden. 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 2021 wurde ein solcher Fall berichtet.

Bei einem Viertel der Fälle aus dem Jahr 2021 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (27 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 38 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (7 %).

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, fiel von 9.542 im Jahr 2020 auf 8.598 im Jahr 2021. 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.

Abb. 6.55.4: Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=6.680)



Fazit

Nach einem seit 2010 zu beobachtenden Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland fiel deren Anzahl im Jahr 2021 zum zweiten Mal in Folge ab, aktuell in etwa auf das Niveau von 2015. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffenen-Gruppe sind nach wie vor MSM, mit Abfällen in annähernd allen Bundesländern, mit Ausnahme von Bayern, Hamburg, Schleswig-Holstein sowie dem Saarland, die in absoluten Zahlen jeweils einen leichten Anstieg verzeichneten. In absoluten Zahlen war ein relevanter Rückgang der gemeldeten Fallzahlen insbesondere in Berlin und Nordrhein-Westfalen zu verzeichnen.

Es ist wahrscheinlich, dass die COVID-19-Pandemie einen Einfluss auf den erneuten Rückgang der Syphilis-Fallzahlen im Jahr 2021 hatte. Dies kann zum einen im Rückgang Risikobehafteter Sexualkontakte durch die Pandemie-bedingten Kontaktbeschränkungen begründet sein. Zum anderen kann es aber auch zu einer geringeren Inanspruchnahme von Test-Einrichtungen gekommen sein, sei es aufgrund von Bedenken vor einer potenziellen Infektion seitens der Patientinnen und Patienten, sei es durch eine zumindest zeitweise Schließung relevanter Einrichtungen wie z.B. Checkpoints für MSM. Der Einfluss solcher Effekte kann anhand der Meldedaten nicht genau beziffert werden.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschaftsvorsorgeuntersuchungen ist in Deutschland von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle, mit nur einem gemeldeten Fall im Jahr 2021. Die Ausübung sowie die Inanspruchnahme von Sexarbeit spielt für die Syphilis-Epidemie in Deutschland auf Grundlage der Meldedaten eine untergeordnete Rolle, allerdings ist eine Untererfassung dieser Merkmale im Rahmen der Meldung möglich.

Trotz des Rückgangs der Fallzahlen im Jahr 2021 bleibt die Anzahl der gemeldeten Syphilis-Infektionen auf einem vergleichsweise hohen Niveau. Dies zeigt, wie wichtig eine frühzeitige Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen ist, um Infektionsketten möglichst frühzeitig zu unterbrechen. Das Bewusstsein für Syphilis sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen 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-Fachgesellschaft 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-Prä-expositionsprophylaxe sind regelmäßige STI-Tests 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 Viren der Familie der Rhabdoviridae, Genus Lyssaviren. Innerhalb des Genus Lyssaviren existieren verschiedene Virusspezies, die typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen werden, z.B. das Rabiesvirus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt dabei durch einen Biss oder durch Kontamination von Wunden oder Hautabschürfungen mit Speichel. Tollwut kann – auch noch nach der Übertragung – durch Impfung verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen (z.B. Parästhesien, Lähmungen, vermehrter Speichelfluss, Spasmen, Krämpfe) aufgetreten sind. Es wird geschätzt, dass weltweit jährlich ca. 60.000 Menschen an Tollwut sterben. Durch die COVID-19-Pandemie kann es durch einen Rückgang der Kontrollmaßnahmen zu einem Anstieg der Tollwutfälle kommen; erste Berichte hierzu liegen bereits vor.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 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

- Nadal D, Beeching S, Cleveland S, et al.: *Rabies and the pandemic: lessons for One Health*. Trans R Trop Med Hyg 2021. <https://doi.org/10.1093/trstmh/trab123>
- Raynor B, Diaz EW, Shinnick J, et al.: *The impact of the COVID-19 pandemic on rabies reemergence in Latin America: The case of Arequipa, Peru*. PLoS Negl Trop Dis 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009414>
- 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>
- Haselbeck AH, Rietmann S, Tadesse BT, et al.: *Challenges to the Fight against Rabies – The Landscape of Policy and Prevention Strategies in Africa*. Int J Environ Res Public Health 2021. <https://doi.org/10.3390/ijerph18041736>

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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820>

RKI: *RKI-Ratgeber* (2020). www.rki.de/ratgeber

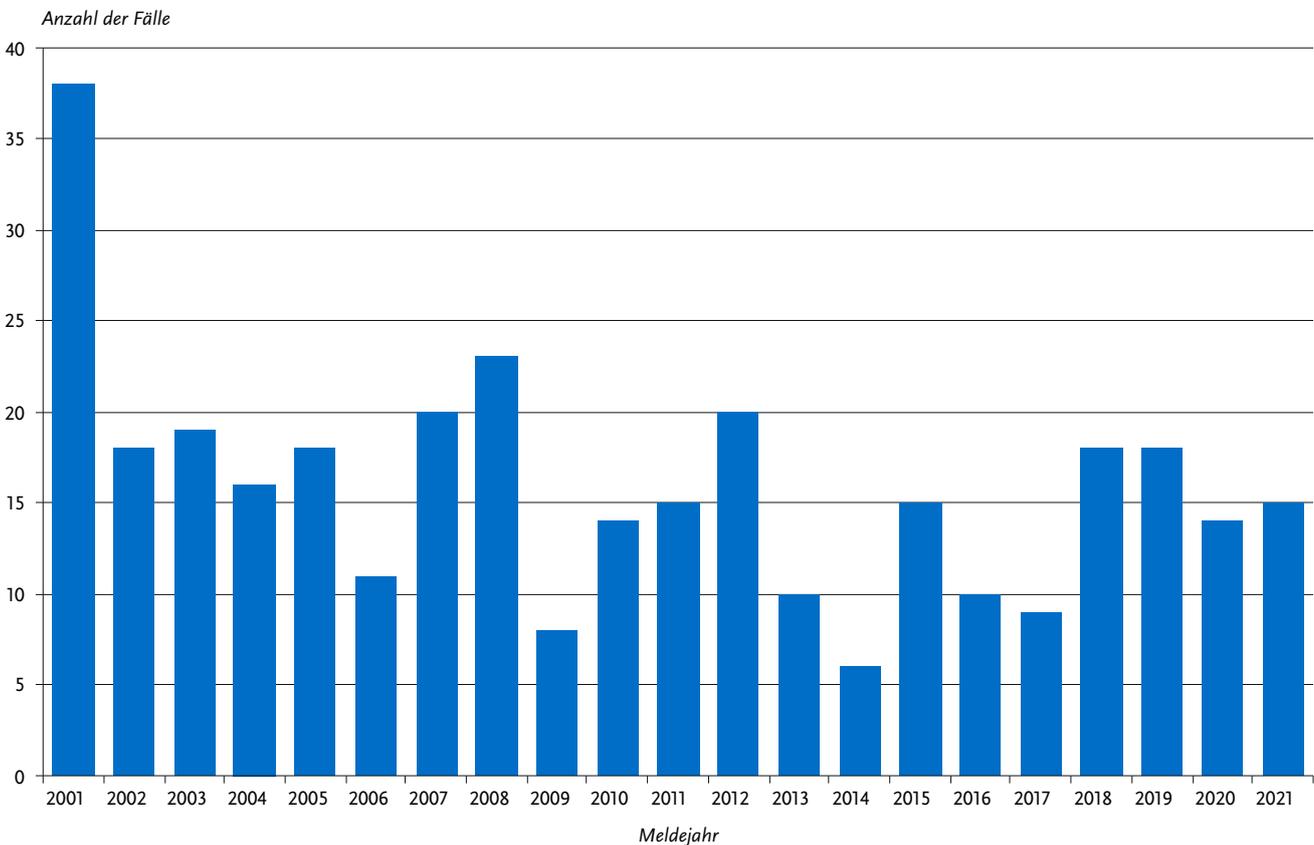
6.57 Toxoplasmose, konnatale Infektion

Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gartes 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.

Abb. 6.57.1: Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Situation in Deutschland

Für das Jahr 2021 wurden dem RKI 15 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.57.1). Die Meldungen kamen aus 6 Bundesländern, davon 3 Fälle aus Bayern, jeweils 2 Fälle aus Hessen und Mecklenburg-Vorpommern sowie jeweils ein Fall aus Niedersachsen, Sachsen und Sachsen-Anhalt. Für 5 Fälle lagen keine Angaben zum Bundesland vor. Für 7 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Dieses war in allen 7 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

Für eine Erkrankung wurde als wahrscheinlicher Infektionsort Deutschland übermittelt, für die andere konnte der wahrscheinliche Infektionsort nicht ermittelt werden. Verursachende Lebensmittel wurden nicht übermittelt.

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.

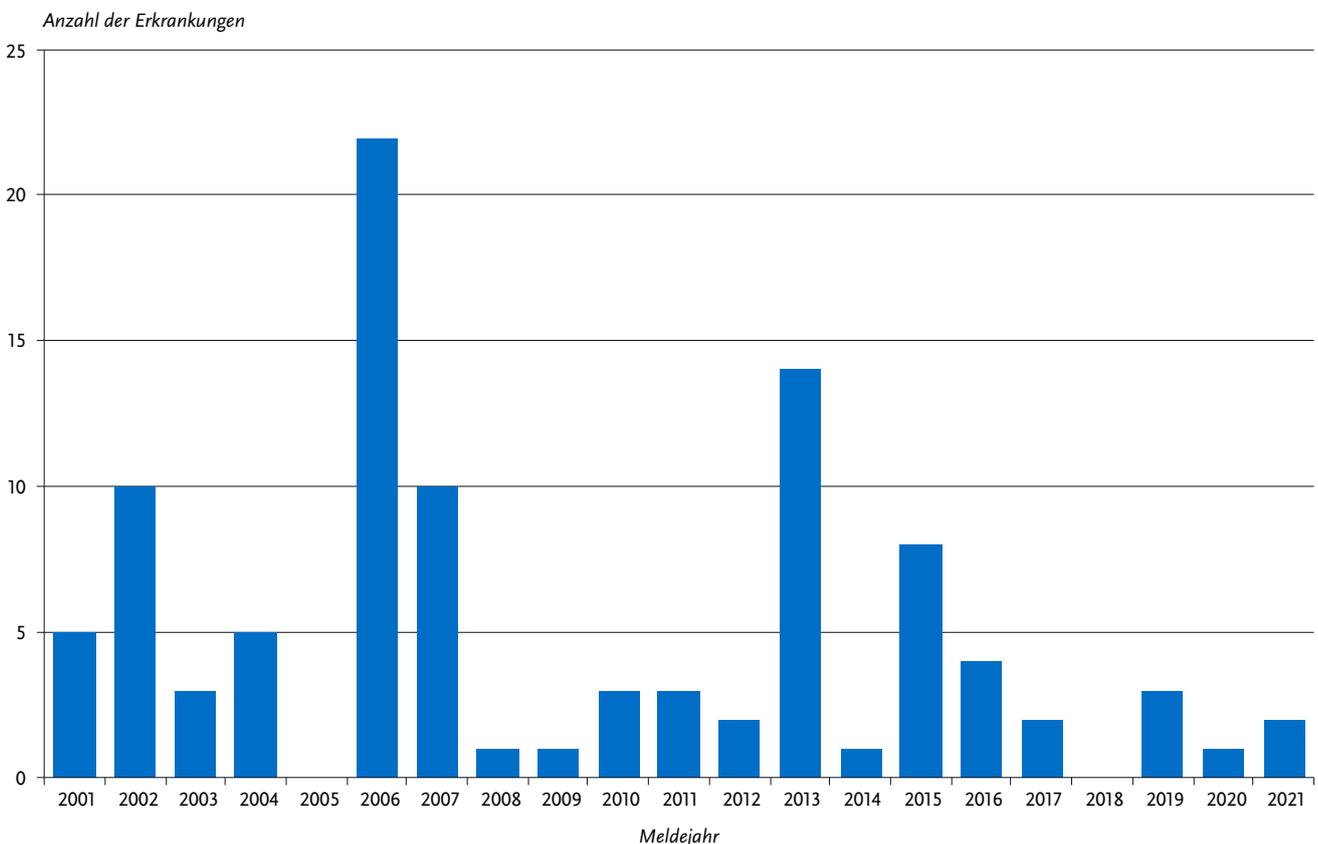
Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 2 Fälle von Trichinellose übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.58.1). Betroffen waren eine Frau und ein Mann in der Altersgruppe 40 bis 59 Jahre.

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 2021



6.59 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: **3.896**
- ▶ Fallzahlen sind 2021 im Vergleich zum Vorjahr um rund 6 % gesunken
- ▶ Höchste Inzidenzen bei jungen Erwachsenen – insbesondere Männern – im Alter zwischen 20 und 29 Jahren
- ▶ Lungentuberkulosen machen rund 71 % der Erkrankungen aus, davon 84 % als offene (infektiöse) Form
- ▶ Kontinuierliche Zunahme der extrapulmonalen Tuberkulose von 21 % im Jahr 2002 auf rund 29 %
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2020 liegt mit knapp 79 % unter dem WHO-Ziel (90 %)

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*, *M. microti*, *M. canetti* u.a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund sind 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 2021 wurden dem RKI 3.896 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 4,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2020: 4.159 Fälle; 5,0 Erkr./100.000 Einw.). Nach

einem seit 2008 beobachteten Plateau mit weitgehend stabilen Erkrankungszahlen 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. Auch 2021 sind die Zahlen weiter rückläufig, aber mit etwa minus 6 % ist der Rückgang nur noch halb so hoch wie in den vergangenen beiden Jahren (s. Abb. 6.59.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2021 in fast allen Bundesländern deutlich geringer als der Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.59.2). Lediglich im Saarland konnte eine nennenswerte Zunahme der Inzidenz beobachtet werden.

Im Stadtstaat Bremen ist die Inzidenz mit 8,4 Erkr./100.000 Einw. auf hohem Niveau weitgehend unverändert geblieben. Zusammen mit den Stadtstaaten Hamburg (8,2) und Berlin (7,9) finden sich hier bundesweit die höchsten Inzidenzen. Auch die Bundesländer Hessen (6,8) und das Saarland (6,3) liegen 2021 deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 4,7. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren dagegen Thüringen und Sachsen (jeweils 2,9) sowie Mecklenburg-Vorpommern (2,7).

Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 153 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (168) verringert. Insgesamt erkrankten etwas mehr Mädchen (83) als Jungen (70). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,3 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war bei Kindern die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen zu verzeichnen (1,7; 69 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 25 und 29 Jahren (10,3 Erkr./100.000 Einw.), wobei die Inzidenz in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen mit 10,1 ein ähnlich hohes Niveau erreichte. Ein weiterer, wenngleich deutlich kleinerer Gipfel ließ sich in den hohen Altersgruppen mit einer Inzidenz von 4,0 bei den über 79-Jährigen beobachten.

Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 6,1 und war damit fast doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (3,3). Ab dem 15. Lebensjahr hatten Männer in allen Altersgruppen ein höheres Risiko an einer Tuberkulose zu erkranken als Frauen (s. Abb. 6.59.3).

Tab. 6.59.1: Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	759	18 %	776	20 %
klinisch-epidemiologisch (B)	55	1 %	37	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.345	79 %	3.083	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	54	1 %	63	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	0 %	12	0 %
alle	4.216	100 %	3.971	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	4.159	99 %	3.896	98 %

Abb. 6.59.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2021

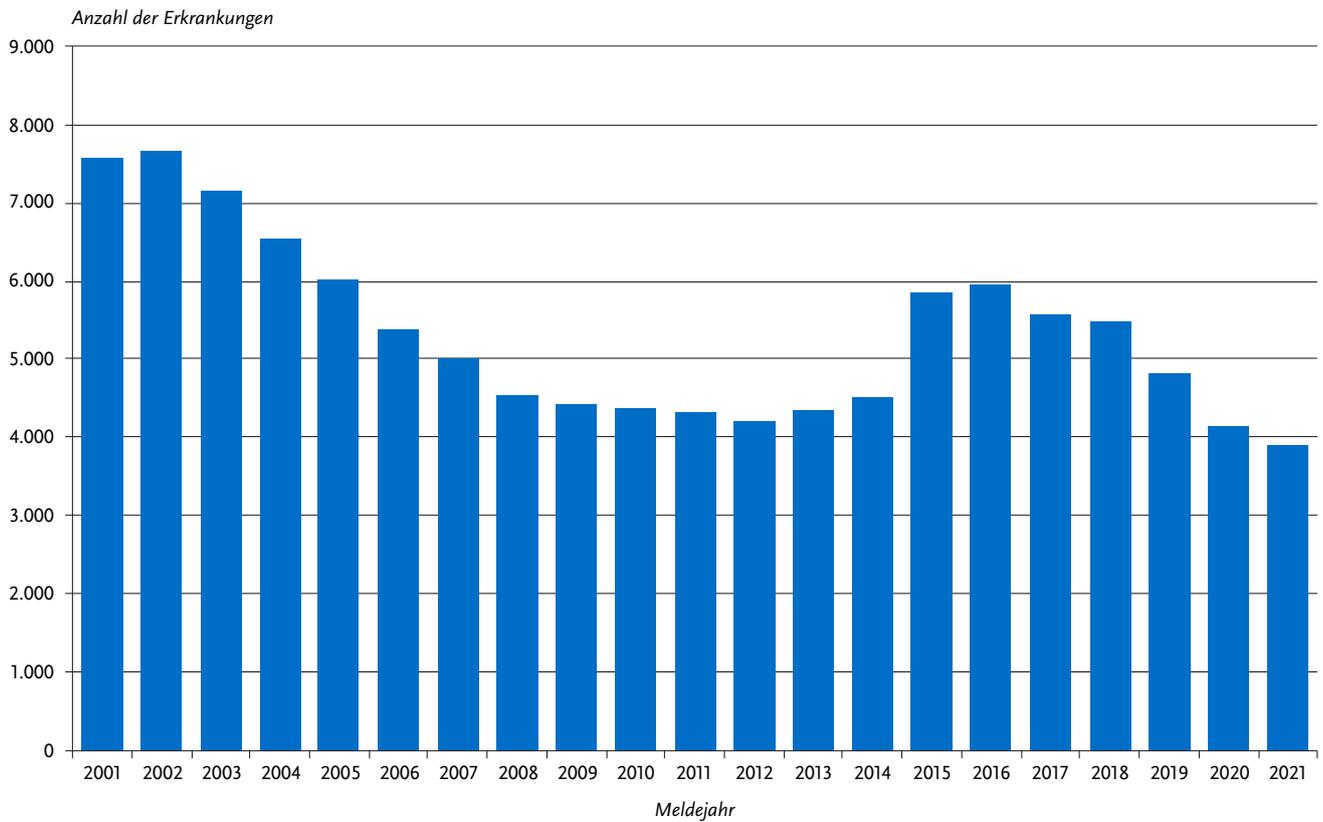
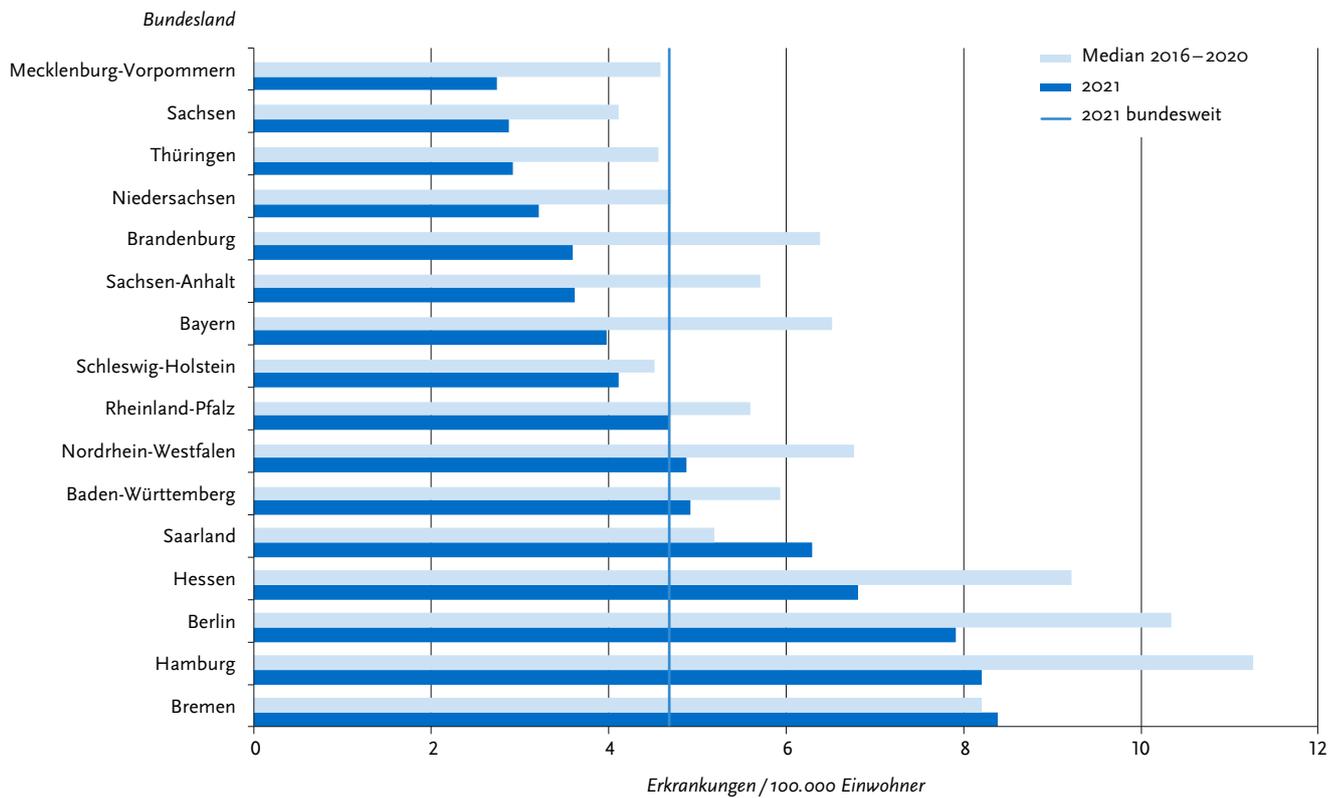


Abb. 6.59.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021 (n=3.896) im Vergleich mit den Vorjahren



Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.318 (85%) der 3.896 Fälle übermittelt. Für 578 Fälle (15%) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *Mycobacterium (M.)-tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 2.618 (79%) der 3.318 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 96,6% (2.530 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. africanum* wurde bei 43 Erkrankten (1,6%) angegeben; *M. bovis* wurde 42-mal (1,6%), *M. canetti* zweimal und *M. pinnipedii* einmal genannt. Infektionen mit *M. microti* wurden im Jahr 2021 nicht registriert.

Für 700 (21%) Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Im Jahr 2021 wurden 77 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2020 waren es 88 Fälle).

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 71,3% (2.760 von 3.869 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 28,7% der Erkrankungen (1.109). Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 15,0% der Erkrankungen (579) am häufigsten betroffen und verteilten sich mit 10,4% (402 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 4,6% (177 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten. Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen, d.h. bakteriologisch bestätigten Form 84,2% (2.325 von 2.760

Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 59,8% (1.391 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 15,8% (435 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 112 von 3.856 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,9%, wobei diese in der Altersgruppe der über 79-Jährigen mit 12,2% (29 Todesfälle) am höchsten war. Bei Kindern unter 15 Jahren wurden keine krankheitsbedingten Todesfälle registriert.

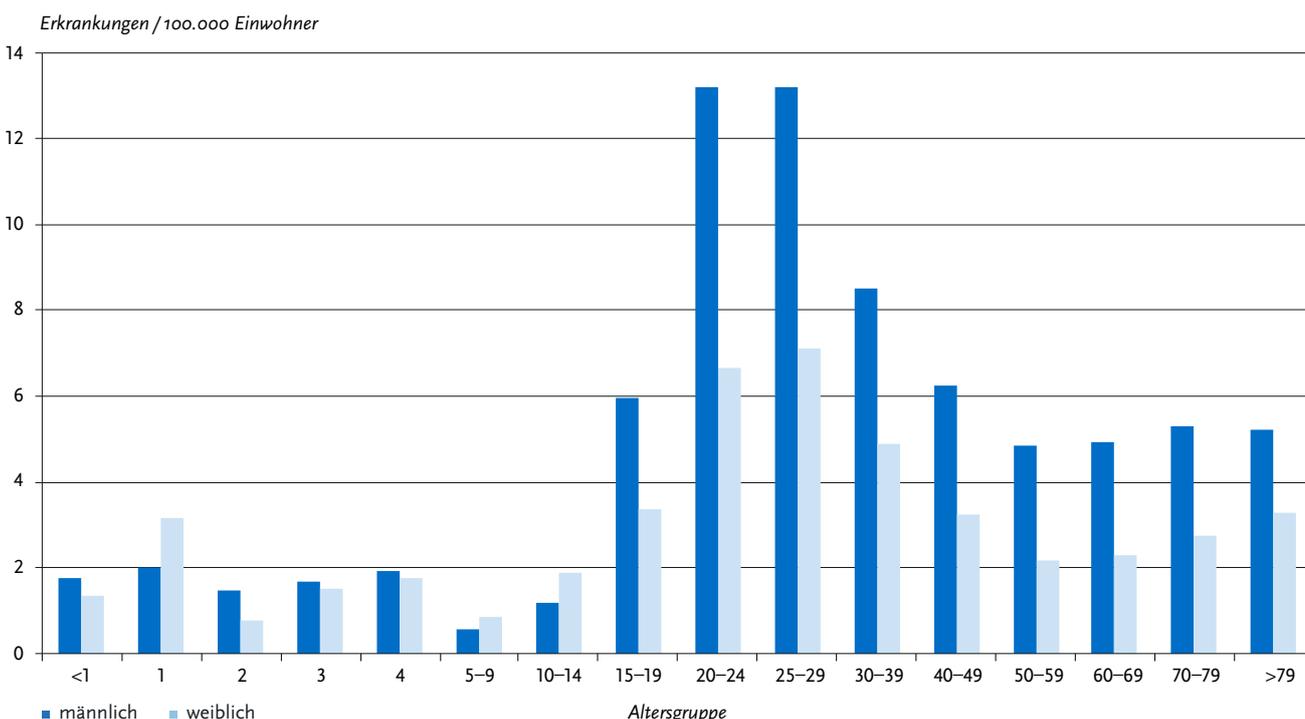
Ausbrüche

Für das Jahr 2021 wurden 31 Ausbrüche mit insgesamt 81 Erkrankungen übermittelt. Eine Häufung umfasste 7 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 29 Ausbrüchen (mit insgesamt 69 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 2020 übermittelt wurden, von ursprünglich 44 mit insgesamt 111 Erkrankungsfällen (Datenstand: 01.03.2021) auf nunmehr 54 Ausbrüche mit insgesamt 136 Erkrankungsfällen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2020

Die folgenden Angaben gelten für das Jahr 2020. Entsprechende Daten für 2021 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Abb. 6.59.3:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=3.891)



Für 3.420 der 4.159 im Jahr 2020 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (82,2%) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 2.687 Erkrankte (78,6%) übermittelt und ist damit im Vergleich zu 2019 (78,4%, Stichtag 1.3.2021) annähernd gleich geblieben. Die Zielsetzung der WHO, die einen 90%-igen Behandlungserfolg vorsieht, wurde damit in Deutschland erneut nicht erreicht.

In 102 Fällen (3,0%) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 152 Erkrankte (4,4%) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 106 Erkrankungen (3,1%) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Ein Versagen der Behandlung wurde für keinen der im Jahr 2020 registrierten Fälle übermittelt. Insgesamt 373 Erkrankte (10,9%) waren vor Beginn oder während der Behandlung an Tuberkulose (136 Fälle; 4,0%) oder an anderen Ursachen (237 Fälle; 6,9%) verstorben.

Dabei fällt auf, dass der Anteil der an anderer Ursache Verstorbenen von 5,5% im Jahr 2019 (Datenstand 01.03.2021) auf 6,9% im Jahr 2020 gestiegen ist. Hier wäre ein möglicher COVID-19-Einfluss denkbar, der möglicherweise dazu geführt hat, dass an Tuberkulose erkrankte Personen während ihrer Behandlung an einer COVID-Infektion verstarben.

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 und auch die absolute Zahl von Fällen, welche die Referenzdefinition nicht erfüllen, ist mit 2% (75 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (1%; 57 Fälle) angestiegen. Hier ist nach wie vor eine weitere Verbesserung der Datenqualität wünschenswert. Das gilt auch für die Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Nachdem die Erkrankungszahlen in den Jahren 2015 und 2016 migrationsbedingt stark angestiegen waren, kam es ab 2017 wieder zu einem Rückgang, der 2019 und 2020 mit deutlich über 12% sehr hoch ausgefallen war. Im Jahr 2021 sind die Zahlen zwar weiterhin rückläufig, aber mit minus 6% war der Rückgang nur noch etwa halb so hoch wie in den vergangenen beiden Jahren.

Mit insgesamt 3.896 Fällen und einer Inzidenz von 4,7 Erkrankungen je 100.000 Einwohner wurden 2021 die bislang niedrigsten Zahlen seit Einführung des IfSG registriert. Inwiefern sich dabei auch die COVID-19-Pandemie auf die Entwicklung der registrierten Fallzahlen in den vergangenen 2 Jahren ausgewirkt hat, lässt sich auf Basis der Meldedaten allerdings nur schwer einzuschätzen.

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 es notwendig, auch weiterhin eine jährliche Abnahme der Inzidenz von mindestens 10% zu erreichen.

Hier bleibt abzuwarten, wie sich die Situation weiterentwickeln wird. Die derzeitige epidemiologische Situation ist vielschichtig und wird insbesondere durch die globale Mobilität – zum Beispiel durch neu auftretende Migrationsbewegungen aus Tuberkulose-Hochrisikogebieten oder aus Gebieten mit hohem Anteil von MDR-TB, wie z. B. aktuell aus der Ukraine – sowie durch die demografische Entwicklung in der Bevölkerung beeinflusst.

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 – auch bei erneut rückläufigen Zahlen – stets einer erhöhten Aufmerksamkeit.

Von großer Relevanz sind auch die Anstrengungen zur weiteren Verbesserung des Behandlungsergebnisses, welches nach wie vor – insbesondere bei älteren Menschen – unter dem von der WHO angestrebten Behandlungsziel bleibt. Eine erfolgreich abgeschlossene Behandlung ist entscheidend für die Genesung der Erkrankten, die Vermeidung der Entwicklung resistenter Bakterienstämme sowie für den Infektionsschutz der Bevölkerung.

Auch in Zeiten der COVID-19-Pandemie, welche die Gesundheitssysteme und gerade auch die Gesundheitsämter vor enorme Herausforderungen stellt, sind die frühzeitige Diagnose, eine adäquate und vollständige Therapie sowie die konsequente Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention der Tuberkulose von entscheidender Bedeutung für die Tuberkulosekontrolle. Das gilt auch mit Blick auf die Menschen, die derzeit aus dem Hochinzidenzland Ukraine fliehen und bei uns Schutz vor dem dortigen Kriegsgeschehen suchen.

Für die Umsetzung der erforderlichen Maßnahmen und Strategien in Deutschland bedarf es der koordinierten Zusammenarbeit aller Beteiligten im Gesundheitswesen. 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.

Vor diesem Hintergrund bleibt die Tuberkulose in Deutschland – gerade auch als Differentialdiagnose in der COVID-19-Pandemie sowie aktuell auch bei Geflüchteten aus der Ukraine – nach wie vor eine wichtige Public Health-relevante Erkrankung.

Literaturhinweise

- ECDC (2021): Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2021 – 2019 data. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tuberculosis-surveillance-and-monitoring-europe-2021-2019-data>
- WHO (2021): Global tuberculosis report 2021. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240037021>
- Deutsches Zentralkomitee zur Bekämpfung der Tuberkulose: Informationen für Ärzte (inkl. nationaler Empfehlungen und Leitlinien), Patienten und Laien. www.dzk-tuberkulose.de
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Haas W (2020): Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2020. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Archiv_Berichte_TB_in_Dtl_tab.html;jsessionid=84E6335835FAD98522B01F3E99F316D1.internet101
- Hauer B, Brodhun B: Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die epidemiologische Tuberkulosesituation in Deutschland im Jahr 2020. *Epid Bull.* 2022; 11:9 – 23. <https://doi.org/10.25646/9763>
- Breuer C: Welttuberkulosekongress 2022: Tuberkulosebekämpfung während der COVID-19-Pandemie. *Epid Bull* 2022; 11:3 – 6. <https://doi.org/10.25646/9748>
- Häcker B, Otto-Knapp R, Bauer T, Breuer C, Priwitzer M: Tuberkuloseversorgung in Deutschland unter Pandemiebedingungen – Eine Online-Umfrage des DZK im Öffentlichen Gesundheitsdienst. *Epid Bull* 2021; 26:9 – 12. <https://doi.org/10.25646/8552>
- RKI-Ratgeber (2022). www.rki.de/ratgeber

6.60 Tularämie

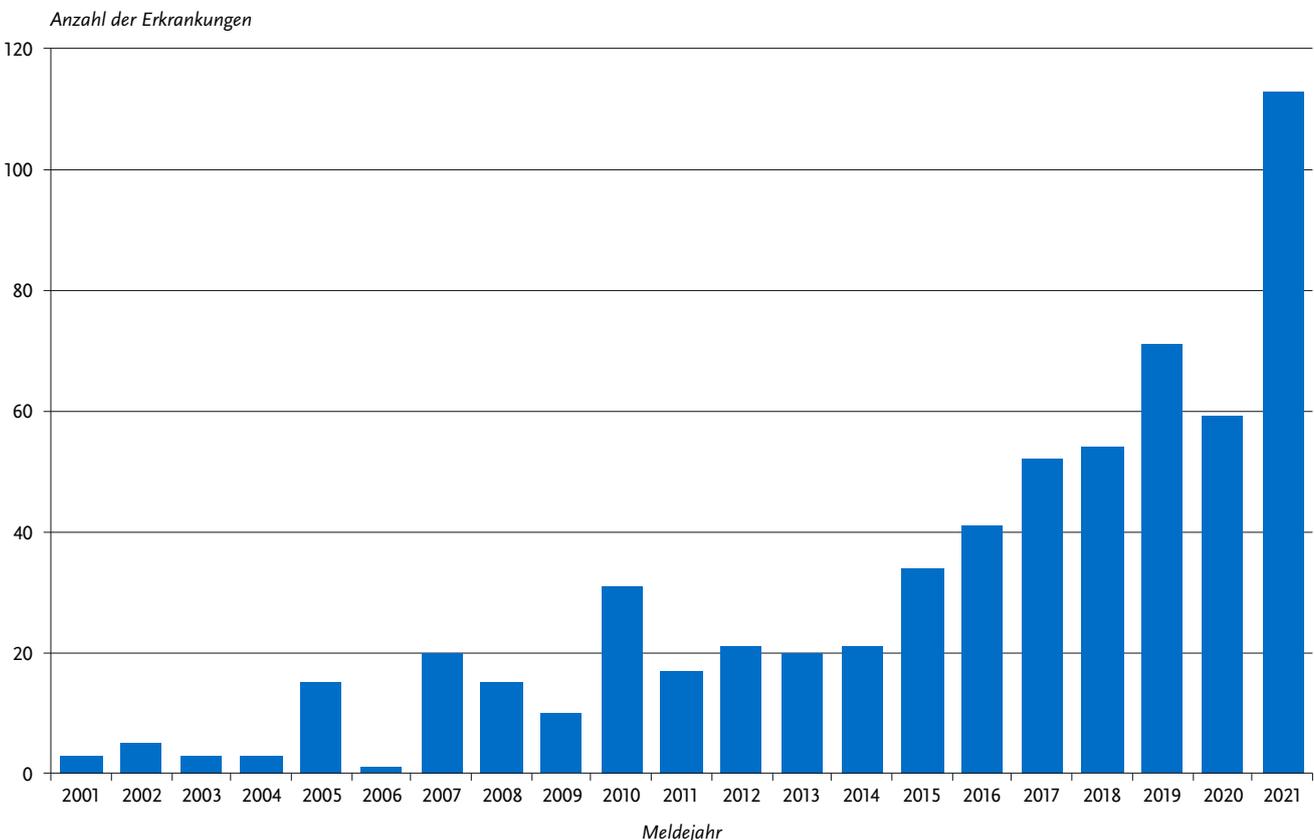
Kurzbeschreibung

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 2021 wurden 113 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Der seit 2013 bestehende Anstieg der jährlichen Fallzahlen setzte sich damit weiter fort (s. Abb. 6.60.1). Die Erkrankten kamen aus 13 Bundesländern, wobei zusammen 64 Fälle (57%)

Abb. 6.60.1: Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 79 von 83 (95%) Erkrankungen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils eine Erkrankung Nigeria, Österreich, Spanien und die Schweiz. Im Jahr 2021 waren 75 Erkrankte männlichen und 38 Erkrankte weiblichen Geschlechts aller Altersgruppen betroffen.

Im Jahr 2021 wurden 2 Todesfälle 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 Tularemia in Germany*. Microorganisms 2020. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091448>

Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularemia 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 2021: 18
- ▶ Starker Rückgang während der COVID-19-Pandemie
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Ungeimpften
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen: 1 bis 61 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 Patienten 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 2021 wurden 18 Erkrankungen übermittelt. Dies sind 8 Erkrankungen weniger als im Vorjahr und liegt deutlich unter dem Durchschnitt der Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001 (s. Abb. 6.61.1). Die meisten übermittelten Erkrankungen (78%) traten in der ersten Jahreshälfte auf.

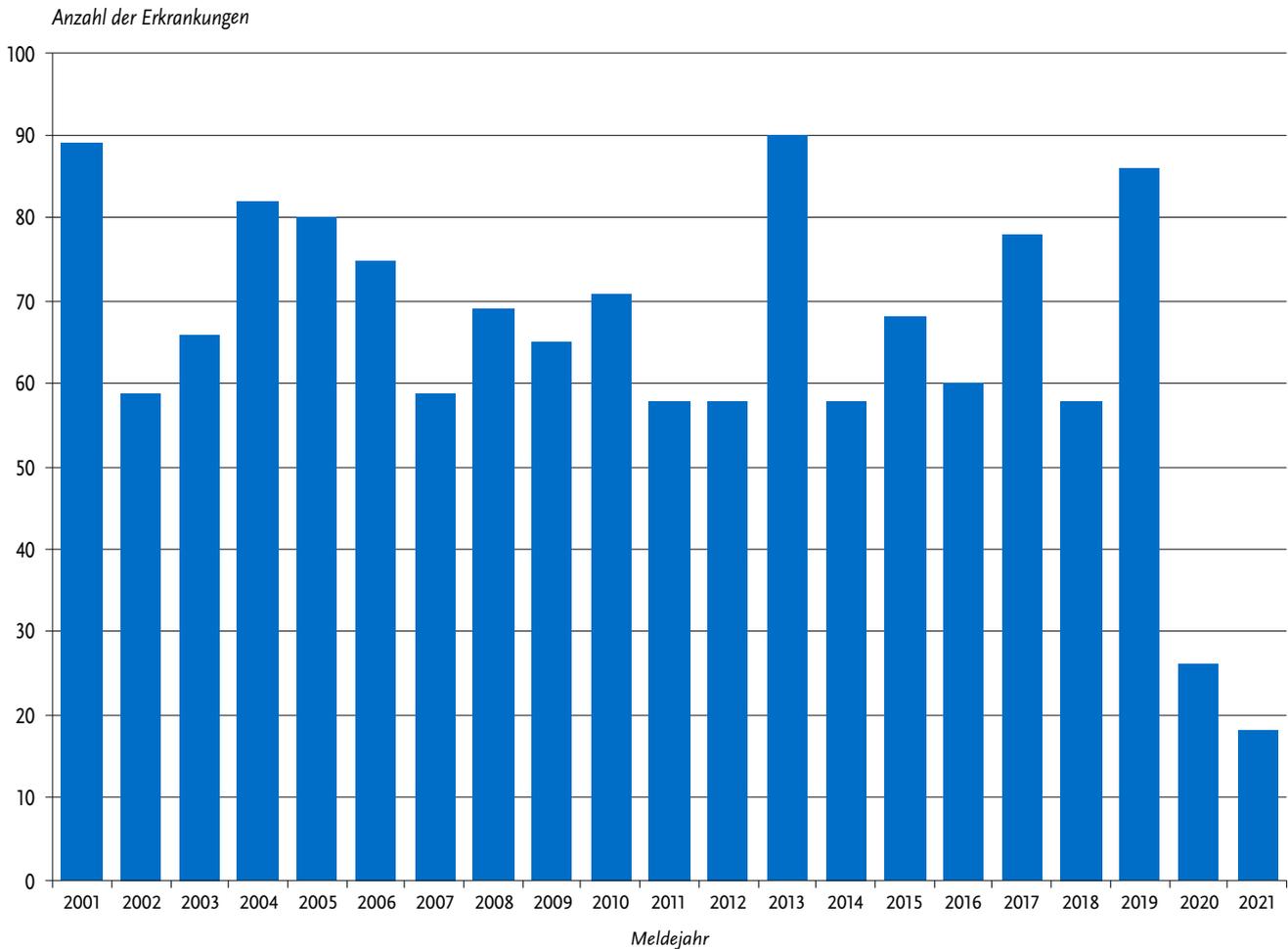
Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz lag unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden aus den 8 Bundesländern Hessen (5), Baden-Württemberg und Bayern (je 3), Berlin und Nordrhein-Westfalen (je 2) sowie Bremen, Niedersachsen und Thüringen (je 1) übermittelt. Für alle Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Für eine Erkrankung wurde Deutschland als einziger Infektionsort übermittelt. Die beiden am häufigsten genannten nicht-deutschen wahrscheinlichen Infektionsländer waren Indien und Pakistan (je 6). Mexiko, Sudan und Türkei wurden je einmal genannt.

Tab. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	26	93%	18	82%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1	4%	4	18%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	4%	0	0%
alle	28	100%	22	100%
Referenzdefinition (B+C)	26	93%	18	82%

Abb. 6.61.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Demografische Verteilung

Erkrankungen betrafen 9 weibliche und 9 männliche Personen. Die Erkrankten waren zwischen 1 und 61 Jahre alt (Median 27 Jahre); 6 (33%) waren Kinder unter 15 Jahre und 10 (56%) waren in der Altersgruppe der 20- bis 49-Jährigen.

Klinische Aspekte

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (100%), gefolgt von Bauchschmerzen (44%), Durchfall (33%), Kopfschmerzen (17%) und Husten (11%). Es wurden keine Ausbrüche oder Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Impfstatus

Für 15 (83%) 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.

Die verminderte Reiseaktivität während der COVID-19-Pandemie ist vermutlich der Hauptgrund für den beobachteten Rückgang der registrierten Zahlen.

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* 2022; 14:1–184. <https://doi.org/10.25646/9820>
- 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 Patienten. 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 in 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 2021 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 überlebt hat.

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 erregerrhaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten und führt zu größeren Ausbrüchen (= kein endemisches Auftreten). Im August 2018 wurde zuletzt ein sehr großer Ebolafieber-Ausbruch im Osten der Demokratischen Republik Kongo bekannt, der 2020 für beendet erklärt wurde und in der ersten Jahreshälfte 2021 zwischenzeitlich lokal wieder aufflammte. In Guinea kam es 2021 ebenfalls zu einem zwischenzeitlichen lokalen Wiederaufflammen des westafrikanischen Ausbruchs 2013 bis 2015. Mittlerweile stehen spezifische Therapeutika und Impfstoffe zur Verfügung, die bei den letzten Ausbrüchen, verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Zaire, erfolgreich eingesetzt wurden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 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, das 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 seit 2016 in Südamerika (insbesondere in Brasilien) zu großen Ausbrüchen, die auch einzelne Reisende aus Europa betrafen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 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 2021 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 2021 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

- 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 Ebola-Krise – 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 und/oder immunschwache Patienten, entwickeln ein neuroinvasives Krankheitsbild, welches mit einer substantiellen Letalität verbunden ist. Nach einer ersten autochthonen WNV-Infektion in Deutschland 2018 (ein Tierarzt, vermutlich durch Kontakt zu einem an WNV-verendeten Vogel infiziert), wurden 2019 insgesamt 5 und 2020 insgesamt 22 Infektionen (20 Erkrankungen und 2 asymptomatische Infektionen) autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche. WNV ist sehr eng mit dem Usutu-Virus verwandt. In der Labordiagnostik kommt es zu relevanten Kreuzreaktionen zwischen WNV, Usutu- und teilweise auch anderen Flaviviren.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden 5 WNV-Infektionen in Deutschland gemeldet, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 52 und 77 Jahre alt (Median: 60 Jahre, 2020: 54 Jahre), 3 waren weiblich (60 %, 2020: 24 %). Bei 2 Fällen (40 %) wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt (2020: 33 %). Todesfälle wurden nicht bekannt.

Unter den 5 Fällen war eine reiseassoziierte Infektion, gemeldet in Nordrhein-Westfalen, nach Aufenthalt in der Dominikanischen Republik. Die anderen Patienten hatten sich in Deutschland infiziert. Zwei Fälle wohnten in Berlin, je einer in Brandenburg und Sachsen-Anhalt – der Infektionsort wurde jeweils im Heimatkreis vermutet. Die Patienten erkrankten im August und September, bzw. der reiseassoziierte Fall im November.

Für die 4 autochthonen Fälle wurde ein höherer Grad an labordiagnostischer 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 oder Akutphase oder Liquor/Urin später in der Erkrankung), durch Neutralisationstest, oder WNV-Serologie unter Ausschluss anderer Flaviviren. Für jeden Fall lag mindestens ein Nachweis von WNV-RNA aus einer spezifischen PCR vor. Asymptomatische WNV-Infektionen wurden 2021 nicht übermittelt. Wie in den Jahren 2019 und 2020 wurden bestätigte autochthone Fälle nur in Gebieten mit WNV-Nachweisen bei Vögeln und/oder Pferden gemeldet. (vgl. LabLöffler Nr. 23, Ausgabe 2/2021, S. 20, https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00043260/LabLOEFFLER_23_2021-11-18_ba.pdf). Zwei der bestätigten autochthonen Fälle wurden im Rahmen der Testung von Blut- oder Plasmaspenden entdeckt. Drei weitere initial in der WNV-Testung positive Blut- oder Plasmaspender hatten eine Usutu-Virus-Infektion (siehe Kapitel 6.3), bzw. löste einmal offenbar eine kurz zuvor erhaltene Impfung gegen Japanische Enzephalitis den positiven Laborbefund aus.

Es ist auch weiterhin von einer Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe von WNV-Infektionen auszugehen:

Hinter jeder diagnostizierten neuroinvasiven Infektion stehen ca. 80 asymptomatische und 20 leicht-symptomatische Infektionen.

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 Ärzte vor allem im Sommer und Spätsommer und in Gebieten mit bekannter WNV-Zirkulation in Tieren bei Personen mit ätiologisch unklaren Enzephalitiden und bei örtlichen Häufungen von Patienten 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 und/oder solche mit Vorerkrankungen) ist insbesondere in dieser Jahreszeit und in diesen Gebieten Schutz vor Mückenstichen zu empfehlen.

Literaturhinweise

- 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>
- ECDC (2021): *West Nile virus in Europe in 2021 – human cases compared to previous seasons, updated 11 November 2021* [Karte]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/west-nile-virus-europe-2021-human-cases-compared-previous-seasons-updated-11>
- 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>
- Ziegler U, Lühken R, Keller M, et al.: *West Nile virus epizootic in Germany, 2018*. *Antiviral Res.* <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.12.005>
- 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
- 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: *Auch 2021 Mückenübertragungen von West-Nil-Virus in Deutschland zu erwarten*. *Epid Bull* 2021; 23 40–41. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Archiv/2021/Ausgaben/23_21.pdf
- 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 2021: 6.326
- ▶ Rückgang auf fast die Hälfte der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ 258 Ausbrüche mit 846 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 Windpockenfälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.64.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2021 wurden insgesamt 6.326 Windpocken-Erkrankungen übermittelt, was fast nur der Hälfte der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr entspricht (2020: 11.345 Fälle). Dies ist zugleich die niedrigste Anzahl seit Beginn der Meldepflicht im Jahr 2013. Während in den Vorjahren jeweils im Frühjahr und im Herbst die meisten Erkrankungen aufgetreten waren, war im Jahr 2021 keine Saisonalität der Erkrankungshäufigkeit zu erkennen. Das Maximum lag in der 25. Meldewoche mit 184 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 19. und 31. Meldewoche mit jeweils 84 Erkrankungen (s. Abb. 6.64.1).

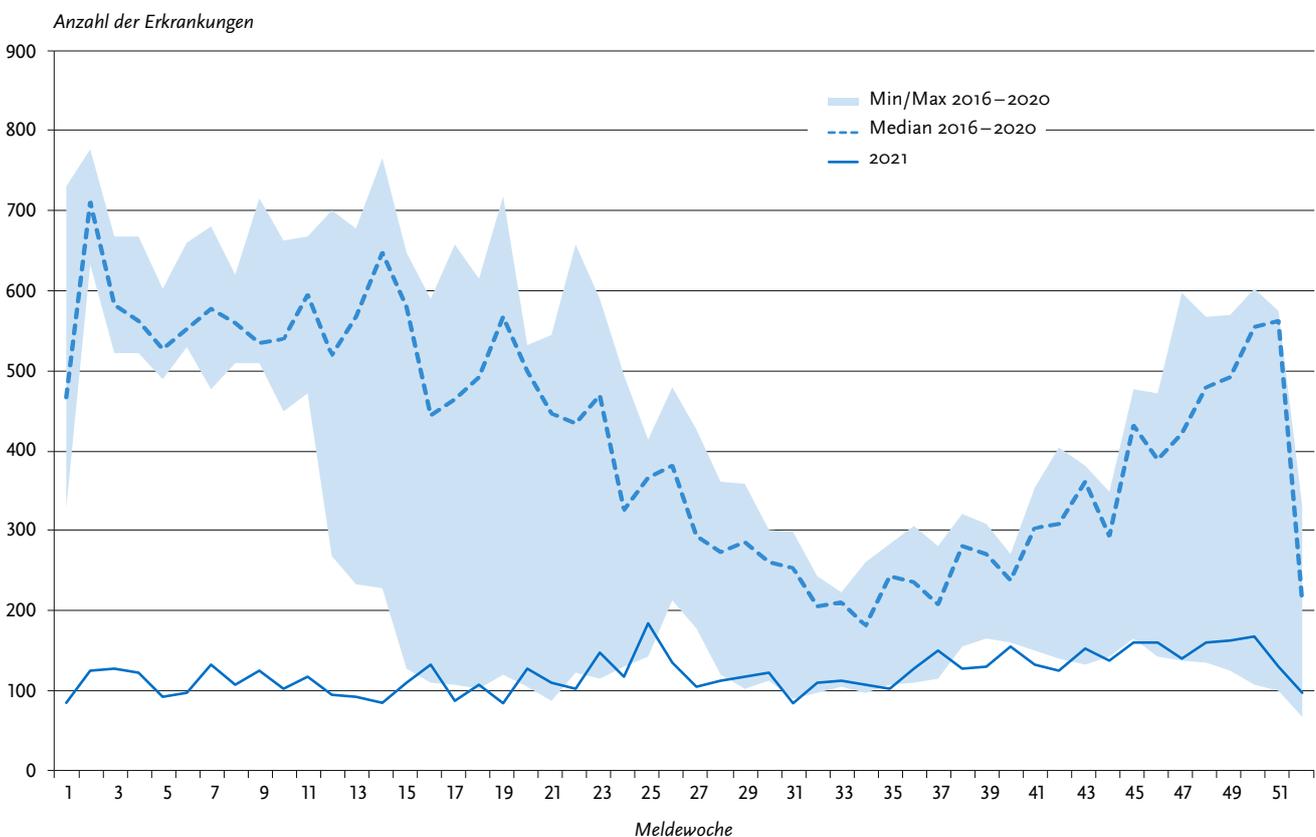
Geografische Verteilung

Der Rückgang der Erkrankungszahlen betraf alle Bundesländer. Die bundesweite Inzidenz lag mit 7,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner sehr deutlich unter dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre (26,8). Über dem bundesweiten Wert lag die Inzidenz in Bremen (11,8), Berlin (11,4), Sachsen (11,2), Bayern (10,3) und Baden-Württemberg (10,1). Die niedrigsten Inzidenzen gab es in Thüringen (3,8) und Sachsen-Anhalt (3,9). In allen anderen Bundesländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 4,9 (Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland) und 7,4 (Hamburg) (s. Abb. 6.64.2).

Tab. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	8.285	73 %	4.666	74 %
klinisch-epidemiologisch (B)	2.063	18 %	842	13 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	997	9 %	818	13 %
alle	11.345	100 %	6.326	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	11.345	100 %	6.326	100 %

Abb. 6.64.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2021 im Vergleich mit den Vorjahren 2016 bis 2020



Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Fälle war ähnlich wie im Vorjahr: 66 % aller Erkrankungen im Jahr 2021 traten bei Kindern unter 10 Jahren auf (2020: 68 %). Die altersspezifischen Inzidenzen lagen allerdings in fast allen Altersgruppen niedriger als im Vorjahr. Bei Kindern im Alter von 10 bis 14 Jahren (19 Erkr./100.000 Einw.) und 5 bis 9 Jahren (52) wurde der größte Inzidenzrückgang um jeweils mehr als 50 % im Vergleich zum Vorjahr verzeichnet. Die höchsten Inzidenzen hatten die unter Einjährigen (79 Erkr./100.000 Einw.), gefolgt von den 4-Jährigen (55) sowie den 5- bis 9-Jährigen und den 3-Jährigen (je 52). Ab einem Alter von 10 Jahren ist die Inzidenz generell niedri-

ger. Bei den 15- bis 19-Jährigen lag die Inzidenz bei 8, bei den 20- bis 39-Jährigen zwischen 2 und 4 und ab einem Alter von mehr als 40 Jahren unter 2 Erkr./100.000 Einw. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt. Die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern unterschied sich nicht von der bei Mädchen und Frauen (Abb. 6.64.3).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2021 wurden 2 Todesfälle übermittelt, für die eine Windpocken-Infektion als Todesursache benannt wurde. Sie betrafen eine 69-jährige Frau und einen 85-jährigen Mann.

Abb. 6.64.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2021
(n=6.326) im Vergleich zum Median der Vorjahre

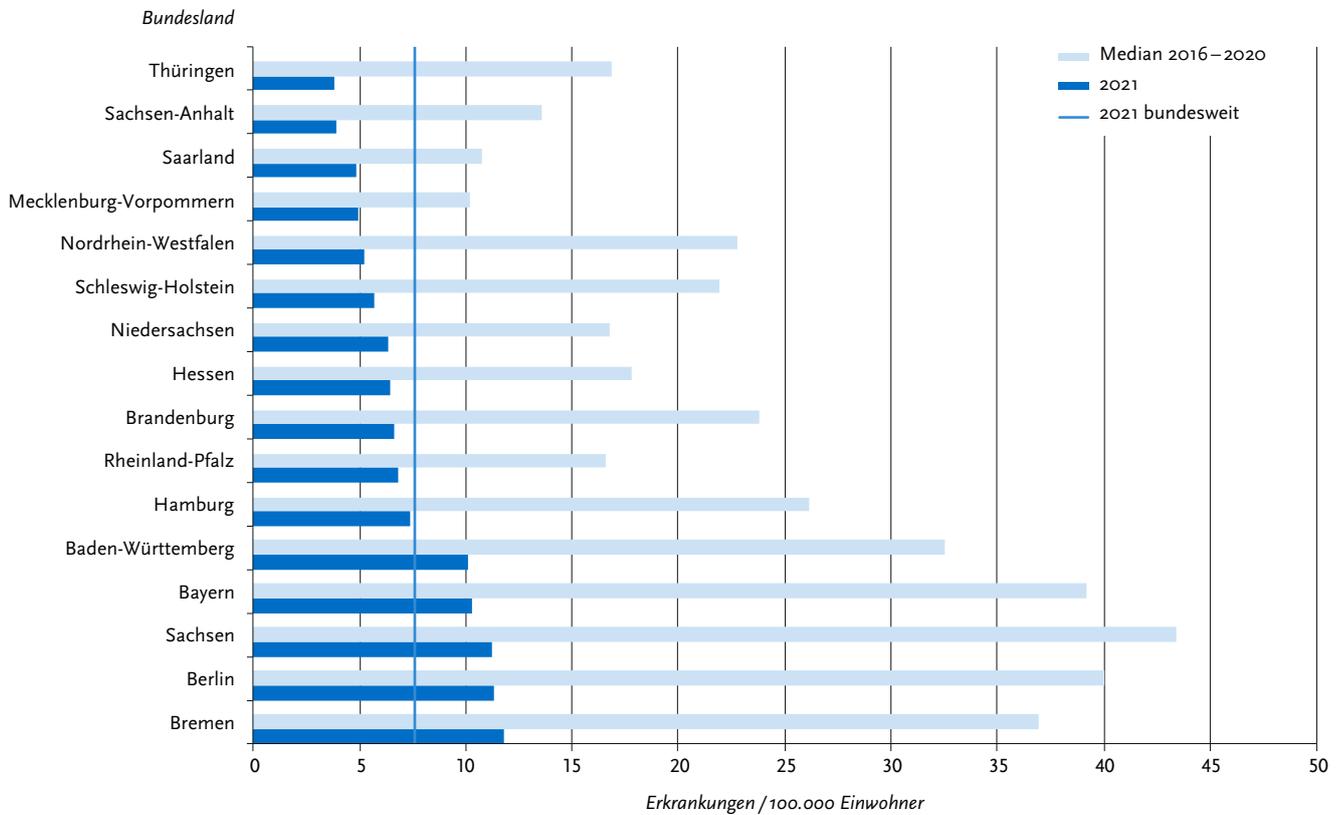
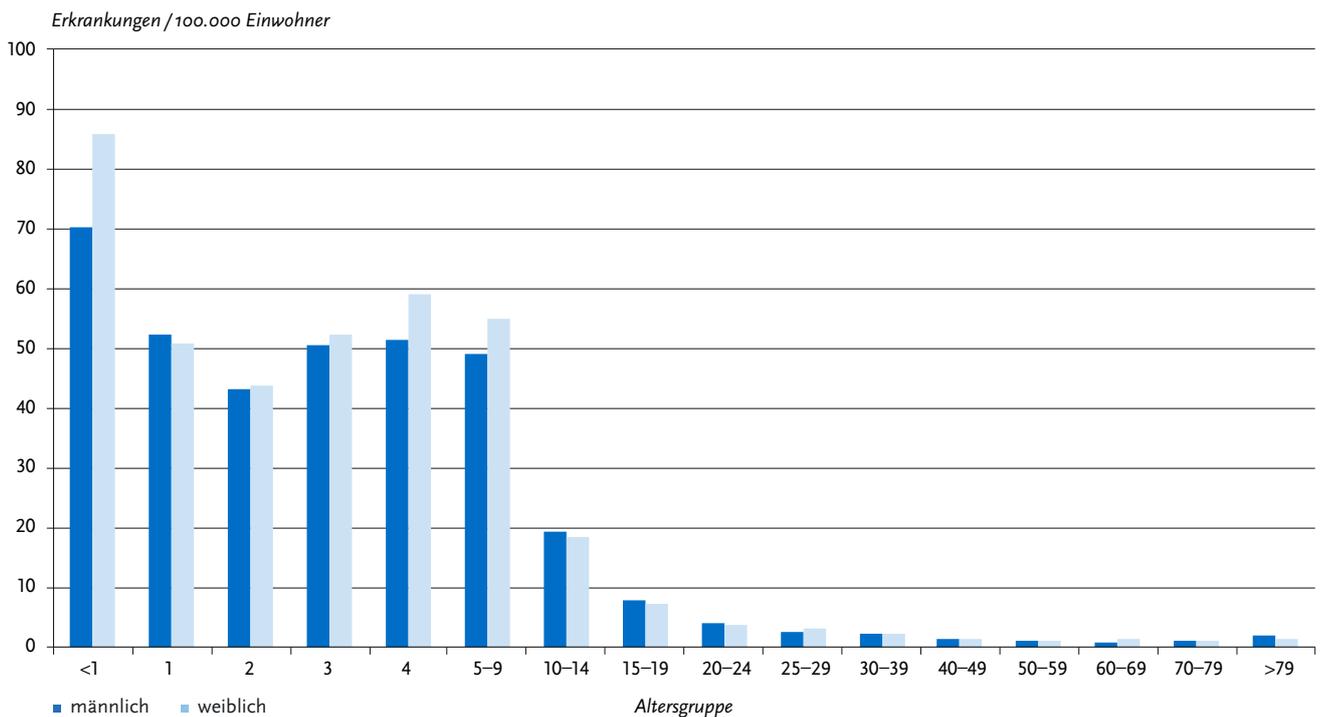


Abb. 6.64.3:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=6.279)



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.

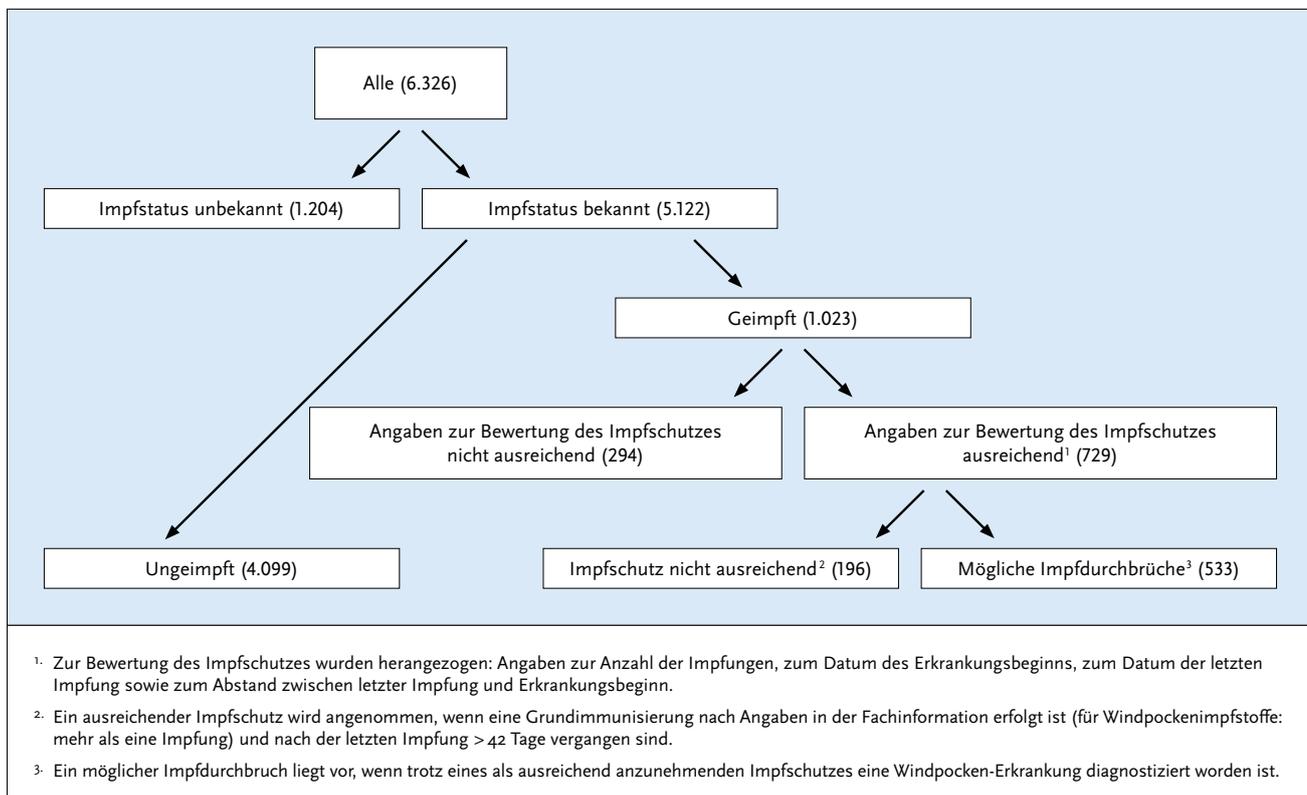
Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der zweiten Impfung auf, wird von einem Impfdurchbruch gesprochen. Treten Windpocken innerhalb von 42 Tage nach der Impfung auf, befanden sich die Erkrankten zum Zeitpunkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einer an Varizellen erkrankten Person und die Impfung konnte den Ausbruch der Windpocken nicht mehr verhindern oder es kam zu den (sehr seltenen) 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 5.122 (81%) von 6.326 Erkrankungen vor. Die meisten Erkrankten waren nicht geimpft ($n=4.099$; 80% der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz). Von den 1.023 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 294 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 729 Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzes waren 196 nicht ausreichend geimpft. Als mögliche Impfdurchbrüche werden jene eingestuft, die nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen an Windpocken erkrankt sind. Dies betraf im Jahr 2021 insgesamt 533 Erkrankungen (10% der Erkrankten mit Angaben zum Impfstatus) (Abb. 6.64.4).

Ausbrüche

Etwa 13% ($n=846$) der Erkrankungen waren insgesamt 258 Häufungen zugeordnet. Damit war die Zahl der übermittelten Häufungen und darin erfassten Erkrankungen zum zweiten Mal in Folge deutlich niedriger als im Vorjahr (2020: 543 Häufungen mit insgesamt 1.887 Erkrankungen). Der Rückgang zeigte sich insbesondere bei den größeren Häufungen (mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen). Deren Anzahl betrug ein Drittel der Anzahl des Vorjahres: Im Jahr 2021 wurden 31 Häufungen mit 5 oder mehr Erkrankungen registriert, denen insgesamt 307 Fälle zugeschrieben wurden (2020: 100 Häufungen mit 821 Fällen). Wie im Vorjahr gab es nur 3 Häufungen mit mehr als 20 Erkrankungen, allerdings umfassten diese Ausbrüche 23

Abb. 6.64.4: Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2021 ($n=6.326$)



bzw. 22 Erkrankungen (Vorjahresmaximum: 35 Erkrankungen). Der größte registrierte Ausbruch mit 23 Erkrankungen ereignete sich von November 2021 bis Februar 2022 in Hessen unter Kindern von 3 bis 11 Jahren in einer Betreuungseinrichtung. In Bayern erkrankten 22 Kindern im Alter von 1 bis 11 Jahren; der Ausbruch dauerte von Dezember 2021 bis Januar 2022 und ging von einer Schule aus. In Baden-Württemberg waren Mitte des Jahres 2021 ebenfalls 22 Kinder im Alter von 7 bis 11 Jahren in einem Schulausbruch erkrankt.

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 76 % der Erkrankten (4.099 Ungeimpfte sowie 729 Geimpfte mit vollständigen Angaben) vor.

Fazit

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Erkrankungszahlen. Der starke Inzidenzrückgang bei Kindern kann am ehesten auf die Maßnahmen in Kitas und Schulen zur Bewältigung der COVID-19-Pandemie zurückgeführt werden, insbesondere Kontaktreduktion, Maskenpflicht sowie allgemeinen Abstands- und Hygieneregeln. 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 2019 gehörten 2021 zu denen mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen (Sachsen-Anhalt, das Saarland 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.

Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2021 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 15 Jahren eine Impfpflicht besteht. Lediglich 10 % 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 Geimpften. 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 empfindlich. Zudem werden auch 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 2021; 49:6 – 29. <https://doi.org/10.25646/9355>
- 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/10.25646/6453>
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

6.65 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2021: 1.929
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 12 Ausbrüche mit 28 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.

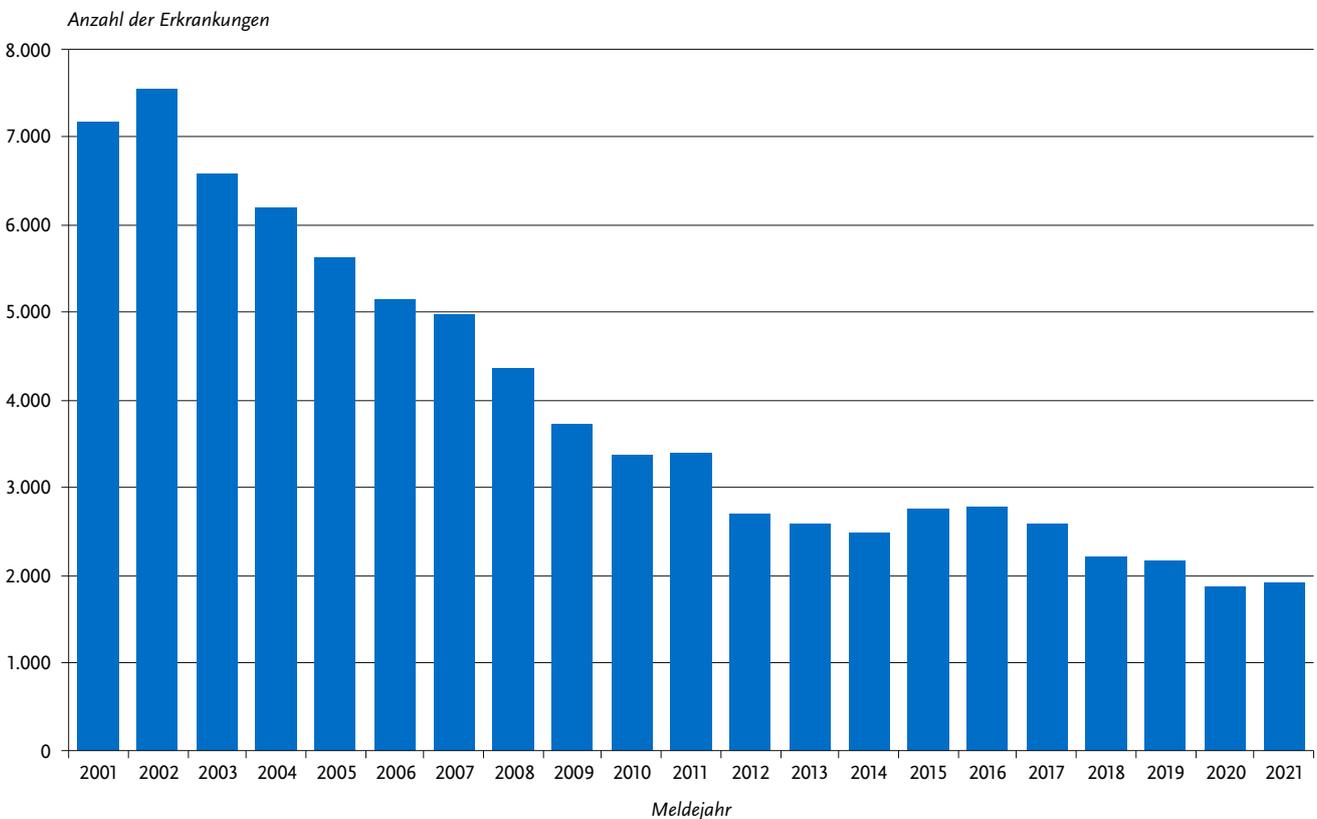
Falldefinition

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 Erregerpezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

Tab. 6.65.1:
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2020 und 2021

Kategorie	2020		2021	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	0 %	13	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.873	84 %	1.916	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	64	3 %	85	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	299	13 %	399	17 %
alle	2.240	100 %	2.413	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.877	84 %	1.929	80 %

Abb. 6.65.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2021



Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2021 wurden 1.929 Erkrankungen übermittelt (2020: 1.877). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz lag damit genauso hoch wie im Vorjahr. 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 2021 steht, wie auch schon im Jahr 2020, vermutlich,

zumindest teilweise, im Zusammenhang mit den Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie. Die höchsten Fallzahlen wurden in den Monaten Juni und Juli verzeichnet. Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war jedoch nicht erkennbar.

Geografische Verteilung

In Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Hessen lag die Inzidenz im Jahr 2021 über der bundesweiten Inzidenz (2,3 Erkr./100.000 Einw.). Hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (7,3), Sachsen (6,5) und Sachsen-Anhalt (6,2) registriert (Abb. 6.65.2). In diesen Bundesländern

wurde eine hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 72; Sachsen-Anhalt: 42; Sachsen: 25). 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 Schleswig-Holstein (-67%), Bremen (-50%), Thüringen (-35%), Sachsen (-28%) und Brandenburg (-26%) am größten (s. Abb. 6.65.2). Eine leichte Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre war im Saarland (+18%), in Baden-Württemberg (+8%) und Bayern (+2%) zu beobachten. In Niedersachsen war die Inzidenz im Jahr 2021 genauso hoch wie im Median der Vorjahre. Bei 1.072 Erkrankungen (56%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 97% der Nennungen auf Deutschland und knapp 3% auf ein anderes europäisches Land entfielen (Mehrfachnennungen möglich). Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Italien (8 Nennungen), Spanien (5), Polen (4), Kroatien, Frankreich (jeweils 3), Griechenland und Österreich (jeweils 2). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden die Türkei und Costa Rica (jeweils 2) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigte die höchsten Werte bei Kindern unter 5 Jahren 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 auch eine höhere Inzidenz (2,5 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,1).

Nachgewiesene Erreger

Für 1.916 Erkrankungen (99%) wurden die *Yersinia*-Spezies übermittelt. Bei den Yersiniosen mit einer Angabe zur Spezies wurde am häufigsten *Y. enterocolitica* (99%, n=1.889) genannt. Bei 725 (80%) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp (n=908) wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (9%, n=86) oder O:5,27 (4%, n=36) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 3% der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt (n=26). Bei 4% (n=35) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* wurde als Serotyp »anderer« angegeben. Die Spezies *Y. pseudotuberculosis* wurde bei 27 Erkrankungen nachgewiesen (etwa 1% der Yersiniosen mit Angabe zur Spezies).

Klinische Aspekte

Für alle 1.929 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (3.935 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (85% der Erkrankungen), Bauchschmerzen (71%) und Fieber (32%). Im Jahr 2021 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, 2021 (n=1.929) im Vergleich mit den Vorjahren

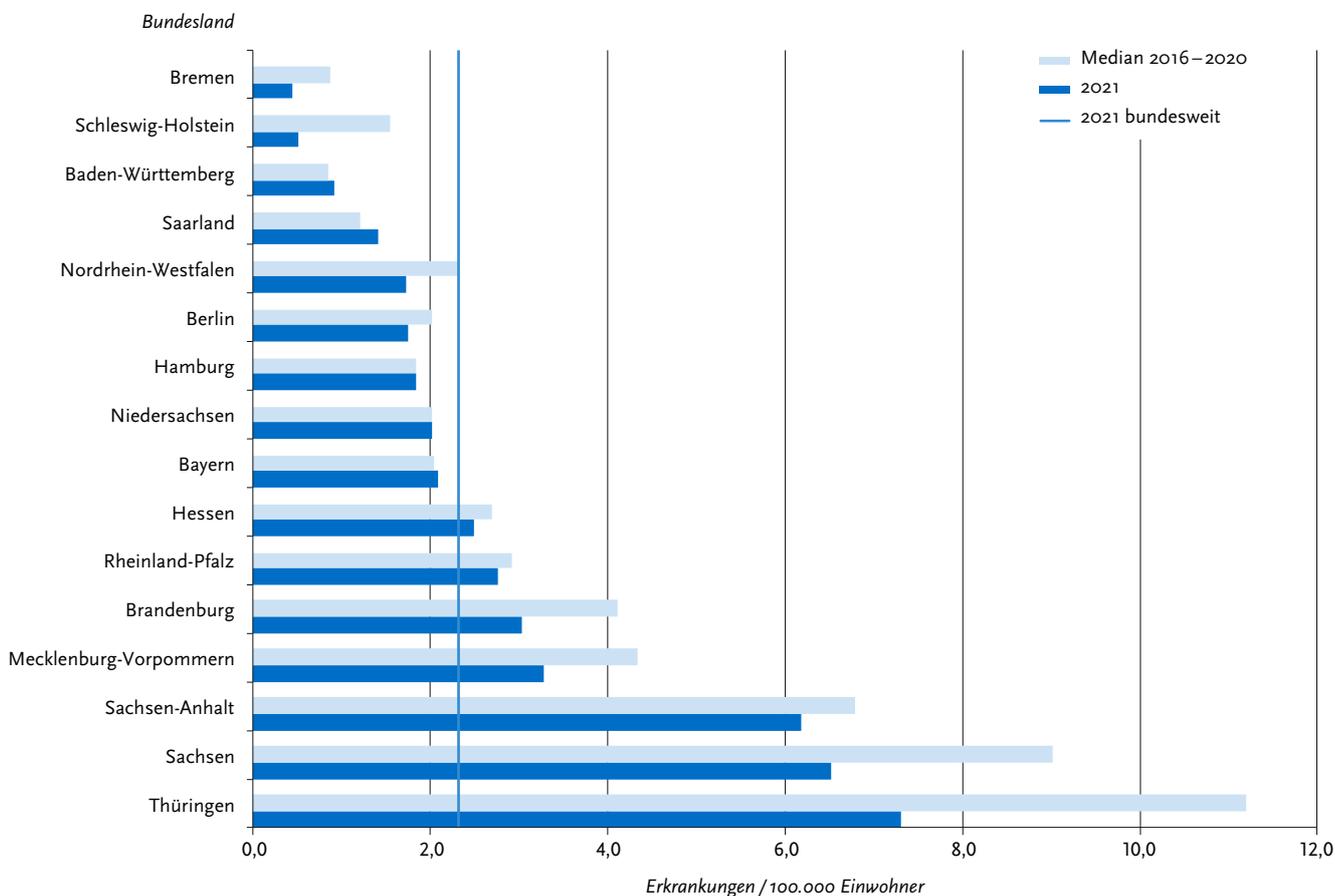
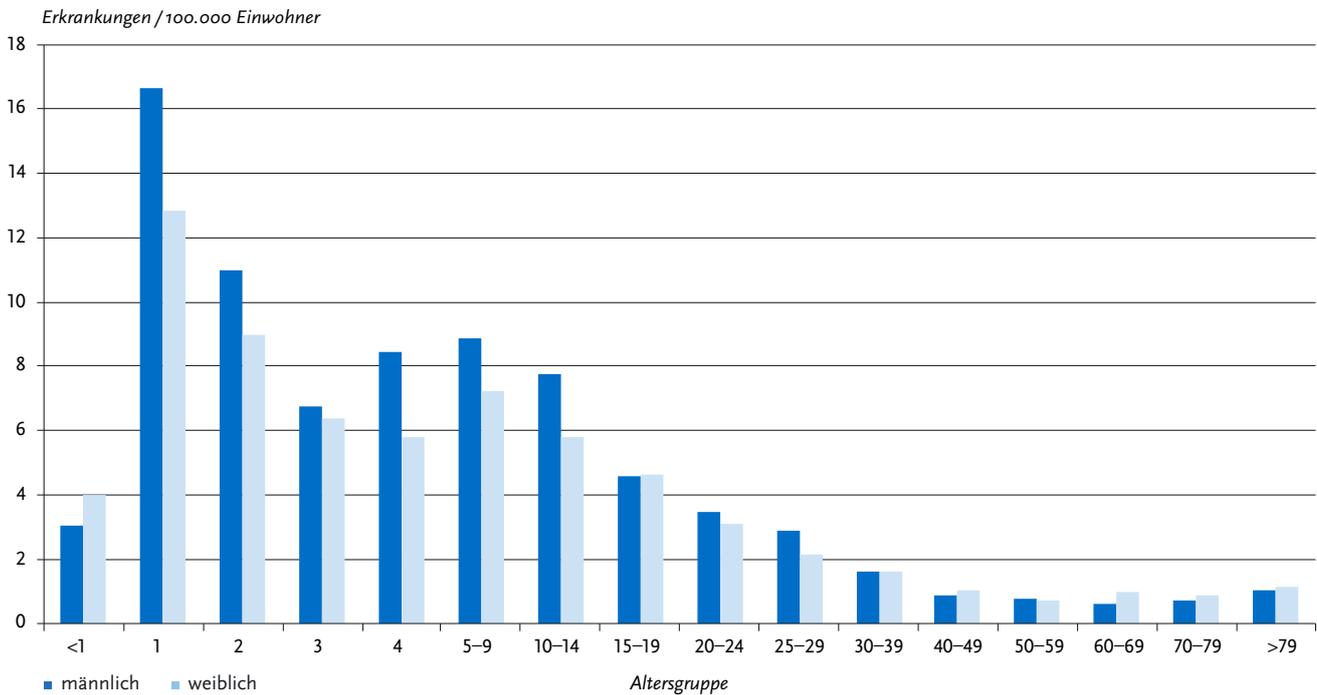


Abb. 6.65.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2021 (n=1.925)



Ausbrüche

Es wurden 12 Ausbrüche mit insgesamt 28 Erkrankungen übermittelt (2020: 10 Ausbrüche mit 20 Erkrankungen). Davon betrafen 2 Ausbrüche jeweils 4 Personen und 10 Ausbrüche jeweils 2 Personen. Alle Ausbrüche mit Angaben zum Infektionsumfeld (n=9) ereigneten sich in Privathaushalten. Zwei dieser Ausbrüche wurden als lebensmittelbedingt übermittelt.

Fazit

Nach wie vor sind Kinder unter 5 Jahren am häufigsten von einer Yersiniose betroffen. Vor allem in dieser Altersgruppe gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern. Die vergleichsweise niedrigen Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 im Vergleich zu den Vorjahren stehen wahrscheinlich im Zusammenhang mit Maßnahmen zur Eindämmung 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 2021: 2
- ▶ Abnahme 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 gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung. Seit 2018 konnten alle Gesundheitsämter Fälle in der neuen Zikavirus-Kategorie übermitteln. Für die Referenzdefinition werden alle Erkrankungen gewertet, die mit einem Labornachweis übermittelt wurden und die die klinische Falldefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2021 wurden 2 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2020: 6, 2019: 11). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr weiter gesunken und liegt bei unter 0,01 Erkrankungen/100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Die beiden Zikavirus-Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen übermittelt. Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen je einmal in Kamerun und Thailand

Demografische Verteilung

Unter den Erkrankten waren eine männliche und eine weibliche Person in der Altersgruppe der unter 15-Jährigen und der 50- bis 59-Jährigen.

Klinische Aspekte

Für beide Erkrankte wurde Fieber und für eine Person zusätzlich Muskelschmerzen übermittelt.

Eine Hospitalisierung aufgrund der Zikavirus-Erkrankung wurde bei keiner der beiden Erkrankten vermerkt.

Fazit

Im Jahr 2021 wurden nochmalig weniger Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Zikavirus-Erkrankungen sind reiseassoziiert und der weitere Rückgang von Meldungen in 2021 ist sicherlich von der starken Reduktion der (Fern-)Reisen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Literaturhinweise

- 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>
- Frank C, Cadar D, Schlaphof A, et al.: *Sexual transmission of Zika virus in Germany, April 2016*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.23.30252>
- 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. <https://doi.org/10.25646/9319>

6.67 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung**Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion****Kurzbeschreibung**

Die Cholera wird hervorgerufen durch den Erreger *Vibrio* (*V. cholerae*), der meist spezifische O1- bzw. O139-Antigene trägt und Epidemien auslösen kann. Andere *V. cholerae* tragen diese Antigene nicht, und sind meist auch nicht in der Lage das Cholera-Toxin zu bilden. Bei der Laboruntersuchung mit einem Antiserum gegen O1- bzw. O139-Antigene agglutinieren sie daher im Gegensatz zu Cholera-Vibrionen nicht. Sie und andere *Vibrio*-Spezies wie *V. vulnificus* oder *V. parahaemolyticus* rufen zum Teil ebenfalls Durchfallssymptomatiken hervor (meist weniger schwerwiegend als eine Cholera-Erkrankung), häufiger aber auch gänzlich andere Krankheitsbilder, wie z. B. Wund- und 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 den 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 Infektionen, bei den anderen Spezies auf alle Erregernachweise außer Ohrinfektionen. Die Falldefinitionen ist noch final abgestimmt. Fälle von Cholera werden im entsprechenden Kapitel beschrieben (s. Kap. 6.09).

Situation in Deutschland

Im Jahr 2021 wurden dem RKI in der Übermittlungskategorie der »Weiteren Bedrohlichen Krankheiten« 29 Infektionen mit Nicht-Cholera-Vibrionen übermittelt. Im Jahr 2020, dem ersten Jahr der Meldepflicht, waren es 13. Betroffen waren im Jahr 2021 20 Männer (69%) und 9 Frauen im Alter von 8 bis 89 Jahren (Altersmedian: 66 Jahre). Im Gegensatz zum Vorjahr, als alle Infektionen in Deutschland erworben wurden, waren 4 Infektionen reiseassoziiert. Die Infektionsländer waren je einmal Kroatien (*V. alginolyticus*), Spanien (*V. harveyi*) und Polen (nicht-toxigene *V. cholerae*) sowie einmal unbekanntes Ausland (*V. alginolyticus*). Bei 7 Infektionen war kein Infektionsort angegeben, bei den restlichen 18 Deutschland. Die 23 bekannten Erkrankungsbeginne lagen alle im Zeitraum Juni bis Dezember 2021, 17 (74%) im Juli und August.

Bei 5 Infektionen wurden nicht-toxigene *V. cholerae* nachgewiesen (darunter eine Ohrinfektionen); 14 Infektionen betrafen *V. vulnificus* (1× als Ko-Infektion mit *V. parahaemolyticus*), 5 nur *V. alginolyticus*, 2 *V. parahaemolyticus*, je 1× wurden *V. furnissi* und *V. harveyi* nachgewiesen, und ein Fall ohne Speziesangabe. Ein 84-jähriger Mann (infiziert mit *V. parahaemolyticus*) und eine 66-jährige Frau (infiziert mit *V. vulnificus*) verstarben, aber offenbar nicht an der *Vibrionen*-Infektion. Bei 14 Fällen lagen die Infektionsorte (wo nicht angegeben, die Wohnorte) in

an die Ostsee angrenzenden Kreisen in Mecklenburg-Vorpommern oder Schleswig-Holstein (12 Fälle von *V. vulnificus*-, ein Fall von *V. parahaemolyticus*-Infektion und der Fall mit der Ko-Infektion beider Erreger); ein Fall in Sachsen-Anhalt und ein Fall in Thüringen gehen offenbar auf Kontakte zu Binnengewässern zurück (beides Infektionen mit nicht-toxischen *V. cholerae*, darunter die Ohrinfektion). Die Infektions- bzw. Wohnorte der anderen Fälle ohne explizit ausländischen Infektionsort liegen in den Bundesländern Baden-Württemberg (3×), Nordrhein-Westfalen (2×), Bayern, Brandenburg, Hamburg, Hessen und Thüringen (je einmal), ohne dass nähere Angaben verfügbar wären.

Die Krankheitsform ist nur vereinzelt im Freitext angegeben und auch aus den angegebenen Symptomen nicht immer eindeutig abzuleiten: Neben der Ohrinfektion wurden bei 20 Fällen Wundinfektionen oder Sepsis beschrieben (vor allem bei *V. vulnificus*-Infektionen), häufig ausgehend von schlecht heilenden, vorbestehenden Wunden. Bei einem Fall mit einem Abszess und 3 weiteren Fällen wurden (auch) gastroenterische Symptome angegeben (vor allem bei Infektionen mit nicht-toxischen *V. cholerae*).

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 und 2021 ist vermutlich durch die Reisebeschränkungen im Rahmen der COVID-19-Pandemie beeinflusst.

Literaturhinweise

RKI: Antworten auf häufig gestellte Fragen zu Nicht-Cholera-Vibrionen (Stand 07.05.2020). www.rki.de/vibrionen

Invasive Pneumokokken-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Als invasive Pneumokokken-Erkrankung (IPD) wird die schwere Verlaufsform einer Infektion mit dem grampositiven Bakterium, *Streptococcus pneumoniae* (Pneumokokken) bezeichnet. Es gibt mehr als 90 Pneumokokken-Serotypen, die sich in der Struktur ihrer äußeren Kapsel und ihrer Pathogenität unterscheiden. Nicht alle Pneumokokken-Serotypen sind pathogen. Pneumokokken 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 hoch.

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 labordiagnostischen Nachweis ein.

In den Jahren 2020 und 2021 wurde die bundesweite Meldepflicht noch nicht vollständig umgesetzt, sodass für das Jahrbuch 2021 keine Datenauswertungen veröffentlicht werden.

Literaturhinweise

STIKO: Wissenschaftliche Begründung für die Aktualisierung der Empfehlungen zur Indikationsimpfung gegen Pneumokokken für Risikogruppen. Epid Bull 2016; 37:385–406.

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.

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2021
Robert Koch-Institut, Berlin, 2024

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin

Internet: www.rki.de
E-Mail: zentrale@rki.de
Twitter: [@rki_de](https://twitter.com/rki_de)

Redaktion

Mona Askar, 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 2021, Berlin 2024

ISBN 978-3-89606-316-8
DOI 10.25646/10143

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.